MUZEUM I INSTYTUT ZOOLOGII
POLSKIEJ AKADEMII NAUK

Warszawa, dnia 30 października 2026 r.
Warsaw, 30 October, 2026

ZAPYTANIE OFERTOWE DA-05/D/ZO/MIIZ/2026
REQUEST FOR OFFERS DA-05/U/ZO/MIIZ/2026

Do Wszystkich Zainteresowanych
TO WHOM IT MAY CONCERN

Odpowiedź na zapytanie z dnia 30 października 2026
Response to the inquiry dated October 30, 2026

Zamawiający otrzymał następujące zapytanie:
The Contracting Authority received the following inquiry:

1. Czy Zamawiający dopuszcza zastosowanie technologii Whole Genome Sequencing (WGS) obejmującej 1,0 Gbp danych dla 144 próbek standardowego DNA oraz 2,0 Gbp dla 48 próbek muzealnego DNA, z wykorzystaniem bibliotek single-stranded DNA dla materiału zdegradowanego, jako rozwiązania równoważnego wobec wzbogacania hybrydyzacyjnego?
2. Czy dla potwierdzenia równoważności wystarczające będzie przedstawienie opisu technologii oraz uzasadnienia technicznego i bioinformatycznego dotyczącego możliwości odzyskania wymaganych loci, czy Zamawiający oczekuje również wyników wcześniejszych badań lub walidacji?

1. Does the Contracting Authority accept the use of Whole Genome Sequencing (WGS) technology comprising 1.0 Gbp of data for 144 standard DNA samples and 2.0 Gbp for 48 museum DNA samples, and employing single-stranded DNA libraries for degraded material as an equivalent solution to hybridization enrichment?

2. To confirm equivalence, will it be sufficient to provide a description of the technology along with a technical and bioinformatic justification regarding the feasibility of recovering the required loci, or does the Contracting Authority also require results from previous studies or validation?

Zamawiający informuje co następuje:

Ad. 1. Możliwość zastosowania technologii WGS

1) Zgodnie z zapisami OWZ Zamawiający dopuszcza zastosowanie technologii alternatywnych wobec wzbogacania hybrydyzacyjnego, pod warunkiem wykazania ich równoważności w zakresie możliwości odzyskania docelowego zestawu ortologicznych loci jądrowych Tenebrionidae, zgodnie z wymaganiami określonymi w dokumentacji zamówienia.
2) Zamawiający wskazuje, że przedstawione w zapytaniu parametry technologii WGS, tj. 1,0 Gbp na próbkę standardową i 2,0 Gbp na próbkę muzealną, nie stanowią same w sobie wystarczającej podstawy do stwierdzenia równoważności proponowanego rozwiązania. Wykazanie równoważności wymaga przedstawienia odpowiedniego uzasadnienia technicznego i bioinformatycznego zgodnie z wymaganiami OWZ.
3) W przeciwieństwie do wzbogacania hybrydyzacyjnego technologia WGS nie zapewnia selektywnego zwiększenia udziału docelowych loci w bibliotekach DNA. Przy porównywalnej ilości danych sekwencyjnych może to skutkować istotnie niższym efektywnym pokryciem docelowych regionów genomowych, a tym samym ograniczeniem kompletności odzyskiwanych sekwencji.
4) W przypadku 144 próbek standardowego DNA proponowana ilość 1,0 Gbp WGS odpowiada nominalnie ilości danych określonej w OWZ, jednak brak selektywnego wzbogacania oznacza, że jedynie część

☎ 22 629 32 21
✉ sekretariat@miiz.waw.pl
ul. Twarda 51/55
00-818 Warszawa
NIP: 525-000-86-89

uzyskanych odczytów będzie reprezentowała docelowe loci jądrowe. Tym samym identyczna nominalna ilość danych nie stanowi potwierdzenia porównywalnej efektywności ich odzyskiwania.

5) Analogicznie, w przypadku 48 próbek muzealnych zwiększenie ilości danych z wymaganych 1,2 Gbp do 2,0 Gbp nie stanowi samo w sobie potwierdzenia równoważności. Szczególne znaczenie mają tutaj degradacja DNA, potencjalnie niski udział DNA endogennego oraz możliwa nadreprezentacja odczytów mitochondrialnych i nieendogennych. Zastosowanie bibliotek single-stranded DNA może zwiększać skuteczność przygotowania bibliotek ze zdegradowanego materiału, ale nie zastępuje selektywnego wzbogacania docelowych regionów genomowych.
6) Zamawiający zwraca ponadto uwagę, że przedmiot zamówienia, zgodnie z jego nazwą oraz szczegółowym opisem w OWZ, obejmuje przygotowanie bibliotek DNA, wzbogacanie w docelowe regiony genomowe oraz sekwencjonowanie NGS. Przyjęta metodyka wynika z konieczności zachowania ciągłości prowadzonych badań filogenomicznych Tenebrionidae, w których wykorzystywany jest określony, uprzednio opracowany i stosowany w dotychczasowych badaniach zestaw ortologicznych loci jądrowych.
7) Uzyskane w ramach zamówienia dane mają stanowić uzupełnienie istniejących zbiorów danych filogenomicznych i umożliwiać ich wykorzystanie we wspólnych analizach. Dopuszczenie technologii równoważnych nie oznacza zatem rezygnacji z wymogu zapewnienia porównywalności uzyskiwanych danych ani możliwości efektywnego odzyskania homologicznych regionów tego samego zestawu loci.
8) Zamawiający podkreśla, że celem zamówienia nie jest wyłącznie uzyskanie określonej ilości danych sekwencyjnych, lecz pozyskanie danych umożliwiających odzyskanie referencyjnego zestawu ortologicznych genów jądrowych kodujących białka, zgodnych z dotychczasowymi badaniami filogenomicznymi Tenebrionidae. Równoważność technologii powinna być zatem rozpatrywana w odniesieniu do przydatności uzyskanych danych do realizacji tego celu naukowego, a nie wyłącznie na podstawie liczby wygenerowanych odczytów.

Ad. 2. Dokumentacja potwierdzająca równoważność

1) Zgodnie z pkt II.C oraz II.E.7–8 OWZ wykonawca proponujący rozwiązanie równoważne zobowiązany jest do przedstawienia opisu technologii oraz uzasadnienia jej przydatności do odzyskiwania docelowych loci zarówno z materiału standardowego, jak i zdegradowanego DNA muzealnego.
2) W przypadku technologii WGS przedstawione uzasadnienie powinno umożliwiać ocenę, czy przy deklarowanych ilościach danych, tj. 1,0 Gbp dla próbek standardowych i 2,0 Gbp dla próbek muzealnych, możliwe będzie odzyskanie homologicznych regionów referencyjnego zestawu loci Tenebrionidae na poziomie porównywalnym z metodą wzbogacania hybrydyzacyjnego.
3) Uzasadnienie powinno odnosić się do przewidywanego efektywnego pokrycia docelowych loci jądrowych, możliwości odzyskania ich sekwencji i ich kompletności, z uwzględnieniem wielkości genomu, udziału odczytów pochodzących z docelowych regionów oraz ograniczeń wynikających z charakterystyki materiału biologicznego, w szczególności zdegradowanego DNA muzealnego.
4) Przedstawiony opis technologii oraz uzasadnienie techniczne i bioinformatyczne muszą opierać się na obiektywnie weryfikowalnych podstawach naukowych lub technicznych, pozwalających ocenić skuteczność proponowanego rozwiązania przy deklarowanych parametrach sekwencjonowania.
5) W szczególności istotne znaczenie mogą mieć wyniki wcześniejszych badań, walidacji technologii, analiz porównawczych lub innych udokumentowanych ocen efektywności odzyskiwania docelowych loci jądrowych. Materiały te mogą stanowić podstawę wykazania równoważności, o ile odnoszą się do możliwości odzyskania wymaganego zestawu loci przy proponowanych parametrach technologicznych.
6) Zamawiający wyjaśnia, że OWZ nie ustanawia obowiązku przedstawienia wyników odrębnej walidacji eksperymentalnej jako samodzielnego warunku dopuszczenia technologii równoważnej. Nie zwalnia to jednak wykonawcy z obowiązku wykazania równoważności proponowanego rozwiązania w sposób umożliwiający jego obiektywną ocenę zgodnie z wymaganiami OWZ.
7) Samo teoretyczne uzasadnienie opierające się wyłącznie na założeniu, że technologia WGS obejmuje cały genom, a tym samym również regiony homologiczne do docelowych loci, nie stanowi wystarczającego wykazania równoważności. Podobnie sama nominalna ilość danych sekwencyjnych,

☎ 22 629 32 21
✉ sekretariat@miiz.waw.pl
ul. Twarda 51/55
00-818 Warszawa
NIP: 525-000-86-89

bez wykazania możliwości efektywnego odzyskania docelowego zestawu loci jądrowych, nie jest wystarczającym potwierdzeniem równoważności proponowanego rozwiązania.

8) **Zamawiający podtrzymuje wszystkie wymagania określone w OWZ, w szczególności w pkt II.C oraz II.E.7–8. Ocena równoważności proponowanego rozwiązania zostanie przeprowadzona na podstawie dokumentacji przedstawionej wraz z ofertą, w odniesieniu do wymagań określonych w OWZ.**

The Contracting Authority provides the following information:

Ad.1:

1) In accordance with the Terms and Conditions of the Request for Quotations (OWZ), the Contracting Authority permits technologies alternative to hybridization-based enrichment, provided that their equivalence is demonstrated with regard to the ability to recover the specified set of orthologous nuclear loci of Tenebrionidae, as required by the procurement documentation.

2) The Contracting Authority notes that the WGS technology parameters mentioned in the inquiry, namely 1.0 Gbp per standard sample and 2.0 Gbp per museum sample, do not, in themselves, constitute a sufficient basis for establishing the equivalence of a proposed solution. Demonstrating equivalence requires providing appropriate technical and bioinformatic justification, in accordance with the requirements of the OWZ.

3) Unlike hybridization-based enrichment, WGS technology does not provide for the selective increase of the proportion of target loci within DNA libraries. Given a comparable volume of sequencing data, this may result in significantly lower effective coverage of the target genomic regions, thereby limiting the completeness of the recovered sequences.

4) For the 144 standard DNA samples, the proposed 1.0 Gbp of WGS data nominally matches the data volume specified in the OWZ; however, the absence of selective enrichment means that only a fraction of the obtained reads will represent the target nuclear loci. Consequently, an identical nominal volume of data does not confirm comparable efficiency in the recovery of these loci.

5) Similarly, for the 48 museum samples, increasing the data volume from the required 1.2 Gbp to 2.0 Gbp does not, in itself, constitute confirmation of equivalence. Of particular significance here are DNA degradation, a potentially low proportion of endogenous DNA, and the possible overrepresentation of mitochondrial and non-endogenous reads. While the use of single-stranded DNA libraries can improve the efficiency of library preparation from degraded material, it does not replace the selective enrichment of target genomic regions.

6) Furthermore, the Contracting Authority notes that the subject of the contract, as specified in its title and detailed description in the OWZ, encompasses DNA library preparation, target enrichment, and NGS sequencing. The methodology reflects the need to maintain continuity in ongoing phylogenomic research on Tenebrionidae, which relies on a defined set of orthologous nuclear loci previously developed and used in earlier studies.

7) The data obtained under this contract are intended to supplement existing phylogenomic datasets and must be suitable for use in joint analyses. Consequently, the allowance for equivalent technologies does not waive the requirement to ensure the comparability of the data obtained, nor the ability to effectively recover homologous regions from the same set of loci.

8) The Contracting Authority emphasizes that the objective of this contract is not merely to obtain a specific quantity of sequence data, but to acquire data that enables the recovery of a reference set of orthologous, protein-coding nuclear genes, consistent with previous phylogenomic studies of Tenebrionidae. Therefore, the equivalence of technology should be evaluated based on the suitability of the resulting data for achieving this scientific goal, rather than solely on the number of reads generated.

Ad: 2.

1) In accordance with sections II.C and II.E.7–8 of the OWZ, a contractor proposing an equivalent solution is required to provide a description of the technology and a justification of its suitability for recovering the target loci from both standard DNA and degraded museum DNA.

2) In the case of WGS (Whole Genome Sequencing) technology, the provided justification must allow for an assessment of whether the declared data quantities, specifically 1.0 Gbp for standard samples and 2.0 Gbp for

☎ 22 629 32 21
✉ sekretariat@miiz.waw.pl
ul. Twarda 51/55
00-818 Warszawa
NIP: 525-000-86-89

museum samples will enable the recovery of homologous regions from the reference set of Tenebrionidae loci at a level comparable to that achieved via the hybridization enrichment method.
3) The justification should address the expected effective coverage of the target nuclear loci, the feasibility of recovering their sequences, and the completeness of such recovery taking into account genome size, the proportion of reads originating from the target regions, and limitations imposed by the characteristics of the biological material, particularly in the case of degraded museum DNA.
4) The provided description of the technology, along with its technical and bioinformatic justification, must be based on objectively verifiable scientific or technical grounds that allow for an assessment of the proposed solution's efficacy under the specified sequencing parameters.
5) Results from prior studies, technology validations, comparative analyses, or other documented assessments regarding the efficiency of recovering target nuclear loci are of particular relevance. Such materials may serve as a basis for demonstrating equivalence, provided they pertain to the ability to recover the required set of loci using the proposed technological parameters.
6) The Contracting Authority clarifies that the OWZ does not establish the submission of results from a separate experimental validation as a mandatory, standalone condition for accepting an equivalent technology. However, this does not relieve the Contractor of the obligation to demonstrate equivalence on the basis of documentation that allows for an objective assessment of the proposed solution against the requirements specified in the OWZ.
7) A theoretical justification based solely on the assumption that WGS sequences DNA across the entire genome and therefore also encompasses regions homologous to the target loci does not constitute sufficient evidence of equivalence. Likewise, the nominal quantity of sequencing data alone, without demonstrating the feasibility of effectively recovering the specified set of nuclear loci, is insufficient to establish the equivalence of the proposed solution.
8) **The Contracting Authority maintains all requirements specified in the OWZ, particularly those in sections II.C and II.E.7–8. The equivalence of the proposed solution will be assessed on the basis of the documentation submitted with the offer, against the requirements set out in the OWZ.**

☎ 22 629 32 21
✉ sekretariat@miiz.waw.pl

ul. Twarda 51/55
00-818 Warszawa
NIP: 525-000-86-89