



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO PUNO

"Año del bicentenario, de la consolidación de nuestra independencia y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

TÉRMINOS DE REFERENCIA

"Servicio de SECUENCIACIÓN MEDIANTE SBG (Genotyping By Sequencing)"

OBJETIVOS

El objetivo de la contratación del servicio secuenciación por genotado (Genotyping by Sequencing), con experiencia nacional o internacional en el servicio para que realice el análisis de muestras de tejido para secuenciación para el Proyecto **"IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A LA RESISTENCIA O SUSCEPTIBILIDAD A LA SARCOCISTIOSIS COMO UNA SOLUCIÓN SOSTENIBLE PARA SU CONTROL EN LA CRIANZA DE ALPACAS"** con el objeto de contar con información confiable y pertinente para la realización de estudios genómicos y poder contar con los parámetros de que nos permitan realizar estudios a nivel molecular.

Objetivos Específicos

Obtener una data de genotipos para realizar una prueba piloto de selección genómica o estudios de asociación genómica en alpacas.

La presente servicio está relacionada con:

Objetivo Especifico 2: Determinar marcadores moleculares asociadas a la resistencia y susceptibilidad a la sarcocistiosis.

ALCANCE Y ENFOQUE DE SERVICIOS

El servicio de la secuenciación por genotipado (Genotyping by Sequencing) del Proyecto nos permite contar con un set de datos y conjunto de evidencias y apreciaciones sobre la situación final de una intervención, con dichos datos genómicos poder realizar estudios diversos de importancia en la producción animal.

El servicio se define como un conjunto de indicadores seleccionados para realizar una evaluación adecuada de los animales como parte del estudio, y estos puedan contribuir significativamente en el planteamiento de nuevas metodologías aplicadas a la producción de alpacas.

En este sentido, El servicio de SECUENCIACIÓN MEDIANTE SBG (Genotyping By Sequencing) seguirá los siguientes pasos:

Recepción de las muestras y el archivo electrónico adjunto (identificación del animal, ID de muestra y otros.

Extracción de ADN, control de calidad y preparación de 1700 muestras utilizando enzimas de restricción PstI/MspI y un tamaño de selección de biblioteca Pippin de 220- 340 pb. NB: esta combinación de enzimas evalúa ~ 2-3 % del genoma (en comparación con PstI 0,8 % o ApeKI 8%).

Biblioteca secuenciada en un carril de lecturas NovaSeq 6000 1x101 SE o superior

Francisco Halley Rodríguez Huanca
INVESTIGADOR PRINCIPAL
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO
FONDECYT



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO PUNO

"Año del bicentenario, de la consolidación de nuestra independencia y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

Para el control de calidad y el procesamiento de los datos de secuencia, se utiliza la canalización DeconvoluteQC. (<https://github.com/AgResearch/DECONVQC>; McCulloch et al 2018) antes del SNP de novo llamador UNEAK ([http://www.maizegenetics.net/tassel](http://www.maizogenetics.net/tassel)) mediante el cual no se realiza un ensamblaje del genoma requerido. Las variantes junto con la profundidad alélica registrada se utilizan para el software KGD. (<https://github.com/AgResearch/KGD>)

Se proporcionará un informe resumido de GBS al finalizar el genotipado. Esto incluye un resumen de SNP, frecuencias de alelos menores, auto relación, un GRM y análisis de componentes principales.

Datos FASTQ deben ser proporcionados.

ACTIVIDADES A REALIZAR

El servicio permitirá contar con indicadores cuantitativos y/o cualitativos con base a una línea final, las cuales consideran lo siguiente:

- Genotipado de 1700 muestras utilizando metodología GBS (Genotyping By Sequencing)
- 20 horas de soporte estadístico y bioinformático

PERFIL DEL PROVEEDOR DEL SERVICIO.

A. FORMACION ACADEMICA

El proveedor o empresa, persona natural y/o jurídica con conocimiento en el servicio con acreditación de su experiencia.

B. EXPERIENCIA

Experiencia mínima de 03 años en actividades relacionadas.

Experiencia en trabajos de secuenciación y servicios bioinformáticos.

Que cuente con las instalaciones, equipamiento y tecnología para desarrollar el servicio.

- I. **ENTREGABLE:** El servicio será entregado por el informe culminado por el laboratorio contratado según el siguiente detalle:

PRODUCTO	DESCRIPCION	PLAZO
Base de datos con información de genotipado por Secuenciación de las muestras de tejido. Informe resumido de GBS al finalizar el genotipado. Esto incluye un resumen de SNP, frecuencias de alelos menores, auto relación, un GRM y análisis de componentes principales.	Informe final de servicio que incluya el resumen de resultados y las secuencias de ADN en archivos FASTQ o similares.	Como máximo hasta los 60 días después de la notificación de la Orden de Servicio.

- II. **VALOR REFERENCIAL.** El valor referencial es de 130,000.00 (cincuenta y dos mil doscientos nuevos soles 00/100)

- III. **FORMA DE PAGO:** Con cheque y/o depósito, previa conformidad del INVESTIGADOR RESPONSABLE DEL PROYECTO.



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO PUNO

"Año del bicentenario, de la consolidación de nuestra independencia y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

- IV. **CONFORMIDAD DE SERVICIO:** La conformidad del servicio estará a cargo de Investigador Responsable del Proyecto previa presentación del informe.


Francisco Malley Rodríguez Huanca
INVESTIGADOR PRINCIPAL
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO
FONDECYT