

Linie completă pentru izolarea, identificarea și secvențierea genomului viral la SARS-CoV-2

I.D.: 70667026

Documente participare:

- FisaDate_DF1151828.pdf
- Formulare INCDPM.doc
- Draft Contract Linie.doc
- Caiet de sarcini.pdf
- DUAE_CERERE_181880.xml

Data publicarii	01.07.22	Coduri CPV	38000000-5
-----------------	----------	------------	------------

Termenul limita pentru depunere:	05.08.22	Pretul estimativ:	1.842.760,00 RON - 1.842.760,00 RON
----------------------------------	----------	-------------------	-------------------------------------

Descriere: Achiziționarea unei Linii complete pentru izolarea, identificarea și secvențierea genomului viral la SARS-CoV-2 pentru dotarea Laboratorului de Biologie Moleculară cu Nivel II de Biosecuritate, va permite analizarea probelor de apă uzată pentru identificarea virusului SARS-CoV-2, iar prin secvențierea de nouă generație a genomului viral de interes va permite identificarea noilor tulpini, potențial periculoase cu transmisibilitate crescută, care nu pot fi identificate prin PCR, implicând și monitorizarea patogenității tulpinilor circulante. Produsele solicitate vor avea impact la nivel național și internațional deoarece vor permite secvențierea probelor din țară, iar rezultatele vor fi raportate pe o platformă națională, ce va fi conectată la cea internațională, ajutând astfel la elaborarea strategiilor de combatere a pandemiei Covid-19. Institutul Național de Cercetare și Dezvoltare pentru Protecția Mediului transmite rezultatele către Ministerul Mediului, Apelor și Pădurilor, iar aceștia asigură raportarea către Comisia Europeană. Institutul Național de Cercetare și Dezvoltare pentru Protecția Mediului îndeplinește funcția de Partener în baza Acordului de Parteneriat cu nr. 245117/24.02.2022. Identificarea eficientă a particulelor virale de SARS-CoV-2 din apele uzate din România. Fluxul din care provin rezultatele și raportarea acestora se aliniază la strategiile țărilor din Uniunea Europeană ce monitorizează virusul SARS-CoV-2 în apele uzate. Prin secvențierea de nouă generație a genomului viral de SARS-CoV-2 se are în vedere identificarea tulpinilor în infecții nosocomiale și a genelor de rezistență. De asemenea, se pot identifica noi tulpini circulate de SARS-CoV-2. Identificarea variantelor virale trebuie atent interpretată și monitorizată pentru înțelegerea adaptării, evoluției și transmiterii virusului SARS-CoV-2. Implementarea unei infrastructuri informatice va asigura stocarea în integralitate a tuturor informațiilor regăsite în fluxul de date, corespunzător necesității situației din prezent. Supravegherea apelor reziduale cu SARS-CoV-2 ar putea fi o completare importantă a supravegherii existente în domeniul sănătății publice pentru răspunsul la COVID-19, deoarece are capacitatea de a furniza informații privind tendințele de infectare în cazurile nou raportate într-o comunitate, fără a fi influențată de disponibilitatea și accesul la resursele de testare clinică sau de datele privind comportamentul de căutare de asistență medicală. Metodele de detectare și cuantificare a ARN-ului viral SARS-CoV-2 în apele uzate netratate sunt corelate cu tendințele în ceea ce privește cazurile raportate, pentru ca aceste măsurători să se transforme în instrumente utile pentru sănătatea publică. Secvențierea genetică poate ajuta la înțelegerea bolii COVID-19. Secvențele genomice complete obținute vor putea fi incluse în bazele de date internaționale (GenBank), iar evoluția pandemiei va putea fi monitorizată în timp real și va permite analiza filogenetică și analiza ratei de variabilitate virală