

Łódź, dnia 3.06.2019 r.

INFORMACJA O PROWADZENIU POSTĘPOWANIA

Niniejszym mocą art. 4d ust. 1 pkt 1 ustawy z dnia 29 stycznia 2004 r., Prawo zamówień publicznych (dalej zwaną Pzp) w związku z art. 469 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, (Dz.U.2018.1986 z późn. zm.) będzie wykonywana usługa pt.: „Charakterystyka zróżnicowania genetycznego w kolekcji zasobów genowych, w tym starych odmian, pszenicy jarej, jęczmienia jarego, grochu i soi z wykorzystaniem metod genotypowania DArT i NGS” realizowanej na potrzeby projektu Gospostrateg 1/394826/10/NCBR/2018 z dnia 22.11.2018 roku pt. „Stworzenie bioinformatycznego systemu zarządzania narodowymi zasobami genowymi roślin użytkowych oraz rozwój kapitału społecznego i gospodarczego Polski poprzez ochronę i wykorzystanie tych zasobów w procesie świadczenia usług doradztwa rolniczego”:

Zadanie nr 1 pt. „Przeprowadzenie badań podstawowych dotyczących dokonania charakterystyki i oceny zasobów genowych roślin użytkowych mających kluczowe znaczenie dla polskiego rolnictwa i produkcji żywności” przez Uniwersytet w Adelajdzie w Australii, który jako jedyny Wykonawca może wykonać powyżej wskazaną usługę, bowiem wiedza, doświadczenie i sposób realizacji usługi przez pracowników UNIWERSYTETU W Adelajdzie, daje gwarancję należytego wykonania umowy.

Zamawiający – Spółka Bionanopark posiada wiedzę, że tylko Uniwersytet w Adelajdzie posiada pracowników zdolnych do wykonania przedmiotu umowy. Pracownicy Uniwersytetu w Adelajdzie posiadają niezbędną wiedzę, doświadczenie, potencjał ekonomiczny i techniczny. Wiedza specjalistyczna pracowników Uniwersytetu w Adelajdzie, w zakresie genomiki zbóż bioinformatyki oraz zasoby obliczeniowe w postaci specjalistycznego sprzętu oraz oprogramowania, pozwoli na uzyskanie wysokiej jakości danych bioinformatycznych, zmniejszając ryzyko popełnienia błędów obliczeniowych. Doświadczenie Pracowników pozwoli na prawidłowe analizy i interpretacje dużych zestawów danych pochodzących z DArTseq. oraz wysokoprzepustowych danych pochodzących z sekwencjonowania genomów zbóż. Dodowem świadczącym o znacznym doświadczeniu zespołu Uniwersytetu w Adelajdzie są publikacje z ostatnich 5 lat:

1. Amarasinghe, S., Watson-Haigh, N.S., Gilliam, M., Roy, S., Baumann, U., 2016. The evolutionary origin of CIPK16: A gene involved in enhanced salt tolerance. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 100, 135–147. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2016.03.031>
2. Amarasinghe, S.L., **Watson-Haigh, N.S.**, Byrt, C., James, R., Qiu, J., Berkowitz, O., Whelan, J., Roy, S.J., Gilliam, M., Baumann, U., 2019. Transcriptional variation is associated with differences in shoot sodium accumulation in distinct barley varieties. *Environmental and Experimental Botany* 166, 103812. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2019.103812>
3. Byrt, C.S., Xu, B., Krishnan, M., Lightfoot, D.J., Athman, A., Jacobs, A.K., **Watson-Haigh, N.S.**, Plett, D., Munns, R., Tester, M., Gilliam, M., 2014. The Na⁺ transporter, TaHKT1;5-D, limits shoot Na⁺ accumulation in bread wheat. *Plant J* 80, 516–526. <https://doi.org/10.1111/tpj.12651>
4. Keeble-Gagnere, G., Rigault, P., Tibbits, J., Pasam, R., Hayden, M., Forrest, K., Frenkel, Z., Korol, A., Huang, B.E., Cavanagh, C., Taylor, J., Abrouk, M., Sharpe, A., Konkin, D., Sourdille, P., Darrier, B., Choulet, F., Bernard, A., Rochfort, S., Dimech, A., **Watson-Haigh, N.**, Baumann, U., Eckermann, P., Fleury, D., Juhasz, A., Boisvert, S., Nolin, M.-A., Doležel, J., Šimkova, H., Toegelova, H., Šafař, J., Luo, M.-C., Camara, F., Pfeifer, M., Isdale, D., Nystrom-Persson, J., IWGSC, Koo, D.-H., Tinning, M., Cui, D., Ru, Z., Appels, R., 2018. Optical and physical mapping with local finishing enables megabase-scale resolution of agronomically important regions in the wheat genome. *Genome Biology* 19, 112. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1475-4>

5. Liu, H., Searle, I.R., **Watson-Haigh, N.S.**, Baumann, U., Mather, D.E., Able, A.J., Able, J.A., 2015. Genome-Wide Identification of MicroRNAs in Leaves and the Developing Head of Four Durum Genotypes during Water Deficit Stress. PLoS ONE 10, e0142799. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0142799>
6. Okada, A., Arndell, T., Borisjuk, N., Sharma, N., **Watson - Haigh, N.S.**, Tucker, E.J., Baumann, U., Langridge, P., Whitford, R., n.d. CRISPR/Cas9-mediated knockout of Ms1 enables the rapid generation of male-sterile hexaploid wheat lines for use in hybrid seed production. Plant Biotechnology Journal 0. <https://doi.org/10.1111/pbi.13106>
7. Okada, T., Jayasinghe, J.E.A.R.M., Eckermann, P., **Watson-Haigh, N.S.**, Warner, P., Hendrikse, Y., Baes, M., Tucker, E.J., Laga, H., Kato, K., Albertsen, M., Wolters, P., Fleury, D., Baumann, U., Whitford, R., 2019. Effects of Rht-B1 and Ppd-D1 loci on pollinator traits in wheat. Theor Appl Genet 132, 1965-1979. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03329-w>
8. Suchecki, R., **Watson-Haigh, N.S.**, Baumann, U., 2017. POTAGE: A Visualisation Tool for Speeding up Gene Discovery in Wheat. Sci Rep 7, 1-8. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14591-7>
9. **Watson-Haigh, N.S.**, Suchecki, R., Kalashyan, E., Garcia, M., Baumann, U., 2018. DAWN: a resource for yielding insights into the diversity among wheat genomes. BMC Genomics 19, 941. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5228-2>

W związku z powyższym Zamawiający uznał, że może udzielić zamówienia tylko powyżej wskazanemu Uniwersytetowi w Adelajdzie.

Podstawą wyłączenia zamówienia ze stosowania ustawy Pzp i udzielenia go jako zamówienia z dziedziny nauki jest merytoryczne, rzetelne uzasadnienie faktycznego, ścisłego i bezpośredniego **powiązania zakupu z procesem badawczym/ eksperymentalnym/ naukowym/ rozwojowym itp. i tym samym zakwalifikowania do ww. zamówień, co niniejszym zostało uczynione; na potwierdzenie powyższego wskazano doświadczenie w powyżej wskazanym zakresie.**

Powyżej w uzasadnieniu wskazano cechy zamówienia potwierdzające, iż będzie ono służyć wyłącznie do celów prac badawczych, eksperymentalnych, naukowych lub rozwojowych.