



OGS
Istituto Nazionale
di Oceanografia
e di Geofisica
Sperimentale

Borgo Grotta Gigante 42/c
34010 Sgonico (Trieste)
c. fisc./p.iva: 00055590327
tel. +39 040 21401
ogs@pec.it
www.ogs.it

Sgonico, 26/08/2026

Alla Direttrice Generale

Dott.ssa Paola Del Negro

Oggetto: Richiesta di avvio procedura di affidamento della fornitura di servizio di sequenziamento di acidi nucleici per microbiomi ambientali per la sede OGS di Livorno

Con la presente si richiede l'avvio di una procedura di affidamento della fornitura di servizio di sequenziamento di acidi nucleici derivanti da campioni da colture di laboratorio e ambientali. Tale servizio si colloca nell'ambito del progetto AQUABIOS_ISPRA per le seguenti finalità: caratterizzazione del microbioma derivante da colture di laboratorio e popolazioni naturali di plancton.

È stato acquisito un preventivo dal fornitore BMR Genomics s.r.l. (521-2026 de 522-2026) e uno dal fornitore **IGA Technology Services S.r.l.** (QUO-20260405), quest'ultimo scelto sia perché è risultato più economico sia per il tipo di strumentazione più adatta per la nostra esperienza al tipo di analisi richiesta sia per la resa che per la qualità dei dati prodotti (Illumina Miseq e MGI vs Illumina NovaSeqX e Aviti).

La spesa totale stimata di 8.179,00 € più IVA, trova copertura sul progetto iscritto a bilancio codice 101009_A.1 AQUABIOS_ISPRA e non verrà esposta a rendiconto.

L'acquisto del materiale da IGA Technology Services S.r.l. trova giustificazione nell'elevato standard qualitativo e per la conformità con il materiale già presente presso i laboratori di OGS.

Visto il D. Lgs. n. 81/2008 e s.m.i. e considerata la natura dei servizi complementari alla fornitura dei beni oggetto del contratto da stipulare non si è proceduti alla redazione del DUVRI ed alla valutazione dei costi della sicurezza per rischi da interferenza, quantificati in € 000,00.

Ringraziando per l'attenzione e restando a disposizione per ogni eventuale necessità, porgo i miei più cordiali saluti.

Allegati:

- Preventivo
- Check conti
- Allegato A condizioni particolari di contratto (nuova versione)



OGS

Istituto Nazionale
di Oceanografia
e di Geofisica
Sperimentale

Elisa Banchi

Elisa Banchi

Offerta	QUO-20260405	13/07/2026
----------------	---------------------	-------------------

DESTINAZIONE	DESTINATARIO
	110301/2432 OGS Istituto Nazionale di Oceanografia-Geofisica Sperimentale Via Auguste Piccard n. 54 34151 TRIESTE TS ITALIA

PAGAMENTO B.B. 30 GG. D.F.	CIG/CUP	PARTITA IVA/CODICE FISCALE PARTITA IVA IT00055590327 CODICE FISCALE 00055590327	
--------------------------------------	----------------	--	--

Codice	Descrizione	U.M.	Quantità	Listino	Sconto	Prezzo	Importo	Aliq.IVA
MB.AVITI.VALUE	SEQUENZIAMENTO SHORT-READS (piattaforme NovaSeqX o Aviti)	NR	12	52,00		52,00	624,00	22
MB.AVITI.VALUE	16S V4+V5, VALUE service, Aviti PE300, 200K reads PE 300bp (100K frammenti)	NR	12	52,00		52,00	624,00	22
DATA.TIER1	ITS, VALUE service, Aviti PE300, 200K reads PE 300bp (100K frammenti)	NR	1	100,00		100,00	100,00	22
WGS.XM.PE150	Stoccaggio, backup e consegna dati per <500M reads (16S data)	NR	54	93,00		93,00	5.022,00	22
DATA.TIER3	WGS-metagenomica, 80M reads paired-end 150bp (12 Gbp), piattaforma NovaSeqX	NR	1	200,00		200,00	200,00	22
WGS.STD.1-10M.PE150	Stoccaggio, backup e consegna dati per >4000M reads	NR	5	90,00		90,00	450,00	22
WGS.STD.1-10M.PE150	Preparazione libreria, QC e sequenziamento WGS short reads Illumina NovaSeqX di un genoma batterico: 250 Mbp paired-end reads da 150bp	NR	5	143,00		143,00	715,00	22
WGS.STD.1-10M.PE150	Preparazione libreria, QC e sequenziamento WGS short reads Illumina NovaSeqX di un genoma fungino: 5 Gbp paired-end reads da 150bp	NR	1	344,00		344,00	344,00	22
DATA.TIER1	Preparazione libreria, QC e sequenziamento WGS: 6.7M paired-end reads da 150bp (1 Gbp)	NR	1	100,00		100,00	100,00	22

Tutti i prezzi si intendono al netto dell'I.V.A. I prezzi si riferiscono a spedizioni di campioni organizzate in base al volume indicato come Quantità. Tempi di consegna in Termini e Condizioni	TOTALE IVA ESCLUSA EUR 8.179,00
Scadenza preventivo: 20/07/2026	TOTALE IVA INCLUSA EUR 9.978,38

General Terms and Conditions

Version: Rev05 (valid from November 21th, 2024)



Purchase order

Before samples are shipped a purchase order must be sent to orders@igatechnology.com or loaded in the assigned project area accessible at customer-portal.igatechnology.com.

Samples

Submission Requirements

All samples must be accompanied by the Samples Spreadsheet, available in the GUIDELINES section at igatechnology.com. This spreadsheet should include the quote reference, client contact information, and detailed sample descriptions. Samples must adhere to the quality, quantity, and shipping conditions outlined in our "Sample Requirements" documents. If there is any uncertainty, please seek clarification before sending your samples.

It is crucial to understand that the guidelines and thresholds detailed in the application-specific "Sample Requirements" documents, available in the GUIDELINES section or through the CUSTOMER-PORTAL, are a fundamental part of our Terms and Conditions (including Shipping Conditions). These guidelines may supersede the stipulations mentioned herein. Clients must read the Sample Requirements, which are accessible on igatechnology.com, or request a copy. Adhering to these requirements is essential to ensure the quality and success of your sequencing projects.

Non-Compliant Samples

IGA Technology Services reserves the right to impose additional charges and extend processing times for samples that do not meet the specified standards or arrive in inadequate shipping conditions. Clients will be notified upon sample arrival and after quality control (QC) if their samples are deemed non-compliant. At this point, clients must decide whether to proceed with the non-compliant samples-understanding that this releases IGA Technology Services from any liability for experimental failures, such as unsuccessful library preparation or low sequencing output due to poor sample quality-or submit replacement samples, which may result in additional fees and/or an extended Turn-Around Time (TAT). Clients who choose not to proceed with the non-compliant samples will be billed only for handling costs. If sequencing is performed on non-compliant samples and results in poor data quality or quantity, the full service fee will still be charged.

Sample Storage and Return

Processed and unused samples are stored for three months after delivery. After this period, samples will be discarded. Clients must request the return of samples within this timeframe. Clients are responsible for all shipping costs and arrangements, including ensuring proper packaging and refrigeration. Courier scheduling must be arranged at least five working days in advance with IGA Technology Services. For long-term storage options and pricing, please contact IGATech.

Sequencing yields

Our standard quality policy mandates a minimum of 95% of the targeted sequencing output, measured in millions of reads or Gbps. Samples that meet or exceed this benchmark will be considered successfully completed, unless a different standard is agreed upon prior to placing the order. This policy applies specifically to experiments conducted on a sample-by-sample basis, where each sample is individually barcoded and processed. However, it's important to note that this output guarantee does not extend to long-read sequencing technologies, such as Oxford Nanopore or Pacific Biosciences, due to the inherent variability in sample quality these methods may encounter. For custom pooled-sample experiments, which might include, but are not limited to, genotyping-by-sequencing and custom target enrichment techniques, a minimum yield threshold of 85% is established based on the aggregated value of the final enriched pool expected yield. Variability in sequencing yield from one sample to another is expected in pooled sample approaches, influenced by factors such as DNA amount and uniformity, the presence of inhibitors, and DNA degradation. IGA Technology Services assumes no responsibility for variability caused by these factors. While we offer a DNA quantity normalization service to help mitigate variability, we cannot guarantee absolute uniformity in the sequencing results.

Customer-provided libraries

Customers submitting libraries ready for sequencing, complete with necessary multiplexing indexes, must provide accurate and comprehensive details regarding the index sequences utilized. This includes references for the kits or adapter sequences and any custom protocols employed. All this information must be meticulously recorded in the "Libraries-Spreadsheet" form. Incorrect information can lead to barcode clashes or misassignment of samples, impairing successful sequencing. Consequently, IGA Technology Services will not be held accountable for any data loss, and the full cost of the experiment will be invoiced, regardless of the outcome. If discrepancies in the provided information are identified, or if the standard library QC or quantification procedures fail, IGA Technology Services reserves the right to hold the experiment, applying only the QC charges. Furthermore, IGA Technology Services disclaims any responsibility for sequencing failures arising from issues related to library preparation, oligos/adapters, or indexing that are incompatible with the selected sequencing platform.

Pseudonymization

Any sample of human origin, including but not limited to DNA, RNA, blood, tissue, saliva, stool, must be provided in pseudonym form. This means all personally identifiable information must be REMOVED and not available to IGA Technology Services. This includes, but is not limited to, name, surname, date of birth, fiscal code, etc. Means of transmission include, but are not limited to mail, Sample Spreadsheet, shipped envelopes, or direct labeling of tubes. Receiving samples with any sensitive data will hinder our ability to sequence them. The client will be requested to provide a new sample identification in a pseudonymized form. IGA Technology Services will be responsible for destroying any personal information related to the samples. If pseudonymization (or destruction of information) is not possible due to direct labeling of sample containers with personal data, these will be shipped back to the sender. Non-personal data that might be used solely for the purpose of the analysis (e.g., age, weight, prognosis, sex, drug treatment, etc.) can be submitted through the Sample Spreadsheet without limitations.

Communications

All inquiries regarding the service must be directed via email, either to the assigned specialist or a commercial contact. Specific contact emails are provided in the Sample Requirements documents. If these contacts are not known, please use the default address: orders@igatechnology.com. Should any issue arise during the processing phase, IGA Technology Services will reach out directly to the customer to discuss and agree upon potential resolutions. Updates, including those related to sample receipt, quality control (QC) outcomes, and final delivery, will be communicated to the contact person designated in the Sample Spreadsheet form.

Delivery times

The time to complete a service varies with the service type, sample volume, and sequencing depth required. Clients desiring specific timelines should mention this during the quote stage. Typically, standard projects involving library preparation, sequencing and bioinformatics service take about 6-8 weeks. Additional time may be required for extraction or large sequencing volumes. If samples fail initial QC, causing a delay until replacement samples pass QC, Clients can authorize proceeding with non-compliant samples via email. Complex nucleic acid extraction may extend processing times, with IGA Technology Services not responsible for such delays. Custom projects, including those requiring specific protocols or reagents, will have timelines agreed upon with the Client. Requests for faster processing should be discussed and included in the quote.

Data storage and delivery

Upon completion of the service, IGA Technology Services will host the data on a SFTP/web server, making it accessible to the customer for four weeks following the delivery notification. Customers will be granted a unique username and password to retrieve their data. If preferred, customers can opt to receive data via a hard drive, covering any related additional costs. Both raw and processed data are preserved on the servers of IGA Technology Services for three months from the delivery date, after which they are permanently deleted without further notice. Requests for data retention beyond this period must be communicated in advance, specifically within two months from the date of data delivery and will incur additional charges for the extended storage service. It is the customer's responsibility to verify the integrity of the downloaded data using the provided MD5 files. Any concerns regarding the integrity or availability of the data raised more than three months after delivery will not be entertained by IGA Technology Services.

Confidentiality and Privacy Policy

IGA Technology Services holds all customer information in the highest confidence. Every piece of material, information sent, and data produced for a given order remains the exclusive property of the customer. Such items will either be returned to the customer or disposed of in a confidential manner. Unless stipulated by an alternative agreement, the customer conveys and concurs to transfer to IGA Technology Services all rights, applicable in Italy and globally, to any inventions, enhancements, concepts, designs, methods, techniques, strategies, software, databases, expertise, and other innovations developed during the service execution. The use of customer data for marketing purposes is contingent upon explicit consent from the customer, which can be revoked at any time, barring instances where a distinct contract dictates otherwise. To review the most current version of our customer privacy policy, please visit <http://www.igatechnology.com/documents>.

Bioinformatics Services and Outputs

All the standard analyses and sequencing delivery include either raw data or adapter-masked data. Libraries that provide UMIs, linked-reads barcodes, deduplication, or any other sequences generated by specific primer-extension may be delivered as pure raw data, as masking or trimming could impact the performance of downstream analyses conducted by third-party software. Data will always be provided as base-called and demultiplexed. Raw signals will not be provided unless previously agreed upon. Samples sequenced on multiple lanes/runs may be provided as separated files and data integration may require an extra service fee.

Billing

Billing practices for IGA Technology Services vary based on the customer's location and the net order amount. For EU and UK customers, invoices for orders of less than 10,000 EUR are issued upon service completion. For orders of 10,000 EUR or more, billing is divided into two parts: 50% upon receipt of the samples and the remaining 50% upon service completion. Customers from other countries will be invoiced upon sample receipt for orders less than 5,000 EUR. For orders of 5,000 EUR or more, the invoicing process mirrors that of the EU and UK, with 50% due at sample receipt and the remainder at the end of the service. Should there be any delays in payment, IGA Technology Services reserves the right to impose an additional charge, up to a limit defined by the EU Directive 2000/35/EC and implemented in the Italian Legislative Decree No. 231 of 9 October 2002. Prices quoted are based on the volume of samples submitted and the associated economies of scale. If the customer submits a significantly lower number of samples than initially agreed upon, the unit price will be adjusted based on standard list price or the order will be due in full. Similarly, if the agreed quantity of samples is delivered in multiple batches not initially planned for, these will incur a different rate compared to a single-batch submission estimated in the quotation, unless a multi-batch processing agreement was previously established.

Padova, 24/08/2026

Elisa Banchi
Sezione di Oceanografia
Istituto Nazionale di Oceanografia e di Geofisica Sperimentale - OGS
via Auguste Piccard n. 54, 34151 Trieste - Italia
Tel. +39 040 2140721

Riferimento offerta: 521-2026**OGGETTO:** Progetti di sequenziamento di metagenomic shotgun e WGS su piattaforma NGS.**Lavoro**

- 1) Verifica del DNA (Qubit, Gel);
- 2) preparazione delle librerie shotgun (Illumina DNA prep o analogo);
- 3) sequenziamento su piattaforma NGS nel formato paired-end 150 bp (2 x 150 bp).
 - a) Metagenomica: output stimato 24 Gbasi/campione ($\pm 20\%$);
 - b) WGS genomi fungini: output stimato 5 Gbasi/campione ($\pm 20\%$);
 - c) WGS genomi batterici: output stimato 250 Mbasi/campione ($\pm 20\%$);
- 4) verifica del risultato di sequenziamento (qualità delle reads).

Requisiti del materiale

1. **Campioni:** il materiale in ingresso è rappresentato da campioni di DNA doppia elica (dimensioni $>> 300\text{bp}$).
2. **Posizionamento:** i campioni devono essere forniti in strip di tubini da 0.2 mL con tappini, identificati con il codice assegnato da BMR Genomics in fase di prenotazione.
3. **Conservazione:** i campioni devono essere inviati refrigerati a 4°C (evitare cicli di congelamento-scongelo).
4. **Qualità:**
 - i campioni non devono essere degradati;
 - i campioni devono essere in doppia elica e purificati;
 - i campioni devono essere in H₂O ultrapura;
 - i campioni devono avere un rapporto A260/A280 compreso tra 1.8 e 2;
 - i campioni devono avere un rapporto A260/A230 compreso tra 2 e 2.2;
 - i campioni di DNA devono essere preparati in modo da evitare la presenza di DNA contaminanti.
5. **Quantità:**
 - maggiore uguale a 1 µg;

- volume: almeno 20 µl
- concentrazione: almeno **20 ng/µl** (utilizzare metodi fluorimetrici per la determinazione della concentrazione).

In caso di difficoltà nel raggiungimento dei requisiti si prega di contattare BMR Genomics.

Nota I: *Date le caratteristiche del metodo, qualsiasi tipo di DNA presente nel campione fornito, compresi eventuali contaminanti, verrà sequenziato; è responsabilità dell'utente verificare che il campione contenga solo il DNA di interesse.*

Nota II: *I campioni per il progetto di metagenomica shotgun possono essere consegnati in batch multipli di **almeno 6 campioni**. L'ultima spedizione dovrà arrivare ed essere accettata entro il 31/10/2026. Dopo tale data l'eventuale credito residuo potrà essere utilizzato ma dovranno essere riviste le condizioni di servizio.*

INFORMAZIONI DA INSERIRE NEL FILE requisiti_BMR.xls:

- foto della corsa elettroforetica (frammenti del marker ben separati tra loro);
- valori dei rapporto A260/A280 e A260/A230;
- valore di concentrazione e metodo utilizzato per determinarla.

Nota I: *L'utente deve inviare per e-mail il file requisiti_BMR.xls compilato. Se tutto risulta conforme BMR Genomics invia una e-mail di notifica. SOLO dopo la ricezione di questa e-mail i campioni possono essere spediti o portati a BMR Genomics.*

Nota II: *Campioni risultanti non conformi ai requisiti possono subire dei ritardi o non venire processati. Nel caso in cui l'utente decida di procedere comunque, BMR Genomics non garantisce il risultato di sequenziamento nel caso in cui vengano inviati campioni con caratteristiche di qualità e quantità non conformi a quanto indicato.*

Tempi

I tempi standard per il sequenziamento sono di circa 8-10 settimane lavorative dall'accettazione dei campioni.

Risultati

1. I risultati saranno inviati tramite mail contenente link al cloud Mega;
2. sequenze in Formato FastQ.

Gestione del dato di sequenziamento

I dati vengono conservati nei nostri server per un periodo di 45 giorni dalla consegna. In caso di necessità di proroga possiamo formulare un'offerta di hosting su piattaforma cloud storage.

Nota: *Nel caso di utilizzo del sistema cloud i dati potranno essere conservati temporaneamente, per il download, in server in paesi extra-UE considerati adeguati dalla Commissione Europea, in base all'articolo 25, comma 6, della direttiva 95/46/CE, per il livello di protezione offerto.*

Gestione del materiale

Il materiale in ingresso e i successivi di processamento saranno eliminati a circa 30 giorni dalla consegna del risultato. In caso di necessità di proroga possiamo formulare un'offerta di storage prima dell'arrivo dei campioni in laboratorio.

Comunicazioni

Al termine del progetto e in caso di problemi.

Ordine

Anticipato, deve essere effettuato prima dell'invio dei campioni.

Fattura

La fattura viene emessa, salvo richiesta scritta, all'arrivo del buono d'ordine.

Pagamento

Da effettuare entro 30 giorni dalla data di fatturazione.

Minimo d'ordine € 200 IVA esclusa.

Spese di spedizione NON incluse.

Accesso al servizio

Se decide di accettare la nostra proposta, dovrà:

- 1) nel caso non sia già nostro utente, registrarsi come **nuovo utente** alla pagina di **REGISTRAZIONE** (<http://www.bmr-genomics.it/>, menù di "Accesso al servizio");
- 2) prenotare il **PROGETTO SPECIALE** alla pagina **PRENOTAZIONE** (<https://www.bmr-genomics.it/accesso-rapido/prenotazione/>), seguendo le istruzioni riportate a seconda della modalità di pagamento scelta: scalato dal prepagato o fatturazione per enti pubblici - invio buono d'ordine o fatturazione per Società e privati.
- 3) Inviare **buono d'ordine amministrativo** anticipato ad amministrazione@bmr-genomics.it o bmr-genomics@pec.it (Enti Pubblici), o effettuare **bonifico bancario** (Società e Privati), citando la **login** con cui si è registrati e il numero di offerta.
- 4) Inviare la **prenotazione firmata** assieme ai campioni.

Prezzo

Prodotto	Prezzo unitario Euro	Nr	Totale Euro
Progetto di metagenomica Libreria Shotgun e sequenziamento 2x150bp - output stimato 24 Gbasi ($\pm 20\%$)	262,00	54	14.148,00
Progetto di WGS fungino Libreria Shotgun e sequenziamento 2x150bp - output stimato 5 Gbasi ($\pm 20\%$)	169,00	5	845,00
Progetto di WGS batterico Libreria Shotgun e sequenziamento 2x150bp - output stimato 250 Mbasi ($\pm 20\%$)	110,00	6	660,00
Gestione amministrativa	25,00	1	25,00
Totale imponibile			15.678,00
Aliquota Iva 22%			3.449,16
Totale			19.127,16

Nel caso di corriere convenzionato verrà addebitato un costo aggiuntivo pari a 10,00 euro iva esclusa (somma lati: max 70cm, peso: max 1kg).

*** Si prega di inviare gli ordini amministrativi all'indirizzo:
amministrazione@bmr-genomics.it oppure a bmr-genomics@pec.it.**

Validità

I campioni per il progetto di metagenomica shotgun possono essere consegnati in batch multipli di almeno 6 campioni. L'ultima spedizione dovrà arrivare ed essere accettata entro il 31/10/2026. Dopo tale data l'eventuale credito residuo potrà essere utilizzato ma dovranno essere riviste le condizioni di servizio.

L'offerta è valida fino a 31-10-2026.

Quest'offerta annulla le versioni precedenti dell'offerta riportanti lo stesso numero di riferimento.

Firma


Padova, 25 Agosto 2026

Anagrafica Cliente

Intestatario: Elisa Banchi
Università/Azienda: Ist. Nazionale di Oceanografia e di Geofisica Sperimentale
Dipartimento: Oceanografia
Indirizzo: Via A. Piccard 54, 34151, Trieste (TS)
Email: ebanchi@ogs.it
Login: Plankton

Riferimento offertaOfferta numero **522-2026****Oggetto**

Progetto di amplificazione e sequenziamento del 16S rRNA (V3-V4) e ITS2 su Miseq i100 Plus con formato 300PE e consegna di 200K reads per marker.

Lavoro

1. Accettazione dei campioni secondo i requisiti.
2. Amplificazione con 25 cicli della regione 16S-V3V4 con i primer Pro341F-Pro805R (Takahashi *et al.* 2014) e amplificazione con 30 cicli della regione ITS-2 con i primer ITS3_KYO2-ITS4r (Toju *et al.* 2012 / White *et al.* 1990)
3. Purificazione enzimatica.
4. Secondo step di amplificazione per l'attacco di adattatori ed index per il sequenziamento ed identificazione dei campioni.
5. Sequenziamento su piattaforma NGS con produzione di circa 200000 reads/campione nel formato 2x300PE.
6. Verifica del risultato di sequenziamento.
7. Invio dei risultati tramite link mega.

NOTA I: nonostante l'ampio spettro dei primer utilizzati, questi protrebbero NON amplificare tutte le specie presenti.

Requisiti del materiale

1. **Campioni:** il materiale in ingresso è rappresentato da **24 campioni di DNA genomico** in strip da 0,2 mL con tappini in strip.
2. **Identificazione:** tutti i campioni devono essere identificati con il codice assegnato da BMR in fase di prenotazione. L'ID del campione va riportato sul

fianco dei tubini.

3. **Conservazione:** i campioni vanno tenuti tra +4°C e -80°C (ghiaccio secco), mantenendo la catena del freddo ed evitare cicli di congelamento-scongelo.
4. **Quantità e Qualità:** inviare la concentrazione di genomico per il quale è stato sviluppato il protocollo di amplificazione. Il volume dev'essere compreso tra 30 e 100 uL.
NOTA I: è responsabilità dell'utente verificare che il campione contenga solo il DNA di interesse.
5. **Spedizione:** Il materiale va inviato refrigerato a 4°C con siberini rigidi (non ghiaccio) o a -80° con ghiaccio secco.

Gestione del materiale

Il materiale in ingresso e i successivi di processamento saranno eliminati a circa **30 giorni** dalla consegna del risultato. In caso di necessità di proroga possiamo formulare un'offerta di storage prima dell'arrivo dei campioni in laboratorio.

Tempi

I tempi standard per l'esecuzione del progetto sono di circa 4-8 settimane dall'accettazione dei campioni.

Risultati

Forniremo:

- Le sequenze in formato FASTQ, suddivise per campione.

Gestione dei fallimenti e problemi

1. Campioni risultanti non conformi ai requisiti possono subire dei ritardi o non venire processati.
2. In caso di un numero di reads inferiore a 200000±20% reads/campione, i campioni saranno ricaricati solo se i nostri controlli di processo non avranno dato l'esito atteso (minimo 50000 reads).
3. Per campioni giudicati "deboli" o "non amplificati" non saranno garantite 200000±20% reads/campione.

Gestione del dato

I dati vengono conservati nei nostri server per un periodo di **45 giorni** dalla consegna. In caso di necessità di proroga possiamo formulare un'offerta di hosting su piattaforma cloud storage.

NOTA: Nel caso di utilizzo del sistema cloud i dati potranno essere conservati temporaneamente, per il download, in server in paesi extra-UE considerati adeguati dalla Commissione Europea, in base all'articolo 25, comma 6, della direttiva 95/46/CE, per il livello di protezione offerto.

Comunicazioni

Dopo il check di amplificabilità, al termine del progetto e in caso di problemi.

Fatturazione

La fattura viene emessa, salvo richiesta scritta, all'arrivo del buono d'ordine.

Pagamento

Da effettuare **entro 30 giorni** dalla data di fatturazione.

Minimo d'ordine € 200 IVA esclusa.

Spese di spedizione NON incluse.

Accesso al servizio

Se decide di accettare la nostra proposta, dovrà:

1. Nel caso non sia già nostro utente, registrarsi come **nuovo utente** alla pagina di **Registrazione** (<https://www.bmr-genomics.it/accesso-rapido/registrazione-utente/>).
2. Prenotare il **PROGETTO SPECIALE** alla pagina di **Prenotazione** (<https://www.bmr-genomics.it/accesso-rapido/prenotazione/>) seguendo le istruzioni riportate a seconda della modalità di pagamento scelta: **scalato dal prepagato** o **fatturazione per enti pubblici - invio buono d'ordine** o **fatturazione per Società e privati**.
3. Inviare **buono d'ordine amministrativo** anticipato ad amministrazione@bmr-genomics.it o bmr-genomics@pec.it (**Enti Pubblici**), o effettuare **bonifico bancario (Società e Privati)**, citando la **login** con cui si è registrati e il **numero di offerta**.
4. Inviare la **prenotazione firmata** assieme ai campioni.

Prezzo

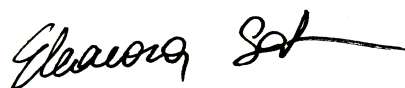
Prodotto	Prezzo Unitario €	Nr	Totale €
Libreria metabarcoding 16S-V3V4 e sequenziamento 2x300 (300PE) - output stimato 200K reads/campione	101,00	24	2424,00
Libreria metabarcoding ITS-2 e sequenziamento 2x300 (300PE) - output stimato 200K reads/campione	101,00	24	2424,00
Gestione Pratica Amministrativa	25,00	1	25,00

Totale imponibile	4873,00
Aliquota IVA 22%	1072,06
Totale	5945,06

Validità

L'offerta è valida fino al 26/10/2026 e annulla le versioni precedenti dell'offerta riportanti lo stesso numero di riferimento.

Firma



Elenco firmatari

ATTO SOTTOSCRITTO DIGITALMENTE AI SENSI DEL D.P.R. 445/2000 E DEL D.LGS. 82/2005 E SUCCESSIVE MODIFICHE E INTEGRAZIONI

Questo documento è stato firmato da:

NOME: DEL NEGRO PAOLA

CODICE FISCALE: DLNPLA59L58L483M

DATA FIRMA: 18/09/2026 12:12:27

IMPRONTA: 9A394C66135D03562311D1DE656BBF89840D767ACCC0E581DFB2396DB90013FD
840D767ACCC0E581DFB2396DB90013FD1AF42AFCC276B1963ADD3741404BA6AB
1AF42AFCC276B1963ADD3741404BA6AB787BE05330380590853474C21EBBD14C
787BE05330380590853474C21EBBD14CEF7893CAA67176F79C3FCCD9FB11ECB3