

Regulamin Laboratorium Specjalistycznego Genomiki CeNT UW

I. Postanowienia ogólne

1. Aparatura badawcza znajduje się w pom. 03.231 oraz 05.101-05.115 w budynku CeNT I.
2. Zespół Laboratorium Specjalistycznego Genomiki (GCF):

Jeffrey Palatini (kierownik) (e-mail: j.palatini@cent.uw.edu.pl)

Dział Analizy Próbek:

Dorota Adamska (kierownik) (e-mail: d.adamska@cent.uw.edu.pl);

Michał Szelaąg (e-mail: m.szelaag@cent.uw.edu.pl);

Dział Analizy Bioinformatycznej:

dr Krzysztof Goryca (e-mail: k.goryca@cent.uw.edu.pl);

3. Do bezpośredniej obsługi aparatury upoważnieni są wyłącznie członkowie zespołu Laboratorium Specjalistycznego Genomiki.
4. Użytkownicy są zobowiązani do zgłoszenie swojego projektu za pomocą elektronicznego formularza, zawierającego krótki opis planowanego eksperymentu i/lub propozycję analizy danych. Opis projektu stanowi podstawę do zaplanowania konsultacji, uzyskania zgody Działu Analizy Próbek i/lub Działu Analizy Bioinformatycznej na realizację eksperymentu oraz umożliwia zaplanowanie harmonogramu sekwencjonowania i/lub analizy danych.
5. Przed przystąpieniem do przygotowania próbek i analizy danych, Użytkownicy proszeni są o zaakceptowanie wstępnej wyceny kosztów usługi.
6. Użytkownicy zobowiązani są do zapoznania się z niniejszym Regulaminem.

II. Zgłoszenie projektu

1. Propozycję eksperymentu oraz analizy danych należy zgłosić poprzez stronę internetową Laboratorium Specjalistycznego Genomiki : „<https://cent.uw.edu.pl/pl/laboratorium-specjalistyczne/laboratorium-specjalistyczne-genomiki/>”

2. Akceptując Regulamin, Użytkownicy deklarują, że próbki i dane nie zostały uzyskane z pogwałceniem obowiązującego prawa, jak również ich dalsza obróbka przez personel Laboratorium Specjalistycznego Genomiki jest w pełni legalna.

III. Przygotowanie próbek

1. Użytkownicy przekazujący próbki DNA/RNA są zobowiązani do dostarczenia także danych jakościowych i ilościowych dotyczących kwasu nukleinowego lub do zamówienia przeprowadzenia takiej analizy przez Laboratorium Specjalistyczne Genomiki. Próbki, które nie spełniają kryteriów jakości, określonych w wybranym protokole przygotowania bibliotek do sekwencjonowania, będą przetwarzane wyłącznie za pisemną zgodą, w której Użytkownik zgadza się na to, że nie otrzyma żadnej gwarancji na pomyślną konstrukcję biblioteki i że poniesie pełne koszty związane z próbami jej otrzymania (w tym także nieudanymi).
2. Użytkownicy przekazujący gotowe biblioteki DNA są zobowiązani do przestrzegania protokołu przygotowania próbek, zatwierdzonego przez kierownika Działu Analizy Próbek. Powinni także przedstawić dane dotyczące jakości dostarczonych bibliotek (wyniki uzyskane za pomocą Agilent Bioanalyzer lub analogicznego urządzenia) albo zamówić przeprowadzenie analizy jakości bibliotek przez Laboratorium Specjalistyczne Genomiki. Każda modyfikacja (np. wynikająca z błędu ludzkiego) powinna zostać zgłoszona, zanim biblioteki zostaną przekazane do sekwencjonowania. Laboratorium Specjalistyczne Genomiki nie ponosi odpowiedzialności za jakość otrzymanych wyników sekwencjonowania, w przypadku bibliotek dostarczonych przez Użytkownika.
3. Użytkownicy, przekazujący do analizy wyniki sekwencjonowania, powinni dostarczyć je w formie BCL, FASTQ lub BAM.

IV. Świadczone usługi

1. Usługi świadczone są na podstawie wstępnych konsultacji (patrz: schemat współpracy) i w oparciu o wycenę, przedstawioną Użytkownikowi na piśmie i przez niego zaakceptowaną.
2. Zespół Laboratorium Specjalistycznego Genomiki odpowiada za ustalenie harmonogramu świadczonych usług. Zamówienia Użytkowników co do zasady realizowane są zgodnie z kolejnością otrzymywanych zgłoszeń. Jednakże zespół zastrzega sobie prawo do zmiany tej kolejności, ze względu na dostępność czasu pomiarowego i materiałów eksploatacyjnych do sekwencjonowania, chyba że Użytkownik zgodzi się ponieść pełne koszty procesu sekwencjonowania, oszacowane przez zespół Laboratorium Specjalistycznego Genomiki.
3. Usługi oferowane przez Laboratorium Specjalistyczne Genomiki obejmują:

- konsultacje (pomoc w zaplanowaniu eksperymentu, dostosowaniu protokołów przygotowania próbek, interpretacji wyników);
 - analizę próbek (np. ocena jakości materiału DNA/RNA, przygotowanie bibliotek DNA);
 - konfigurację procesu sekwencjonowania i wstępne przetwarzanie surowych danych (generowanie danych w formacie FASTQ, demultipleksowanie, opracowanie podstawowego raportu dotyczącego jakości);
 - analizę danych (podstawowe przetwarzanie, jak również niestandardową analizę danych i ich wizualizację).
4. Wykaz świadczonych usług znajduje się na stronie internetowej Laboratorium. Jeżeli zachodzi konieczność dokonania specyficznych dla danego eksperymentu modyfikacji standardowych protokołów lub wykonania dodatkowych usługi (np. kontrola jakości próbki, analiza danych), ceny są dostosowywane indywidualnie do zamówienia.
 5. Przygotowanie próbek i/lub analiza danych powinny być poprzedzone konsultacją z zespołem Laboratorium Specjalistycznego Genomiki (patrz: schemat współpracy). W wyniku konsultacji zostaje uzgodniona optymalna strategia analityczna, zaś Użytkownik otrzymuje wycenę w formie pisemnej (obliczoną na podstawie Cennika) wraz z objaśnieniem.
 6. W obiektywnie uzasadnionych przypadkach, Zespół Laboratorium Specjalistycznego Genomiki zastrzega sobie prawo do odrzucenia wniosków o świadczenie usług. W przypadku odmowy, jej konstruktywne uzasadnienie zostanie przekazane zarówno Użytkownikowi, który zamówił usługę, jak i kierownikowi zespołu badawczego (jeśli dotyczy).

V. Przechowywanie bibliotek, danych i bezpieczeństwo

1. Wyniki zostaną udostępnione Użytkownikom w odpowiedniej formie:
 - raport dotyczący przebiegu prac z próbkami (w przypadku usługi analizy próbek);
 - zdemultipleksowane, surowe dane oraz podstawowy raport dotyczący jakości (w przypadku usługi sekwencjonowania);
 - pełny raport wraz z podsumowaniem, uwzględniającym oczekiwania Użytkownika (w przypadku usługi analizy danych).
2. Oczekuje się, że Użytkownicy pobiorą wyniki w przeciągu 14 dni od ich udostępnienia. Po upływie tego czasu uzyskanie dostępu do danych będzie wymagało interwencji ze strony kierownika zespołu badawczego, w ramach pracy którego realizowany jest projekt.
3. Niewykorzystane próbki i biblioteki będą przechowywane przez okres 6 miesięcy i na żądanie Użytkownika mogą zostać mu zwrócone lub stać się przedmiotem dalszego sekwencjonowania w ramach kolejnego zamówienia.
4. Surowe dane będą przechowywane na serwerze przez okres 6 miesięcy. Na żądanie Użytkownika zostaną mu udostępnione.

5. Wydłużenie okresu przechowywania bibliotek i surowych danych wymaga złożenia przez Użytkownika pisemnego wniosku w okresie do 6 miesięcy od udostępnienia mu danych i może skutkować koniecznością poniesienia dodatkowych kosztów przez Użytkownika.

VI. Publikacja danych

1. Podziękowania: w przypadku wykonania podstawowych analiz, gdzie wkład intelektualny zespołu Laboratorium Specjalistycznego Genomiki był minimalny, udział zespołu w prowadzonych badaniach powinien zostać jasno określony w publikacji wyników badań, w części przeznaczonej na podziękowania (ang. *Acknowledgments*) z uwzględnieniem identyfikatora RRID:SCR_022718 (ang. *Research Resourced ID*). Zespół przekaże informacje o sekwencjach i raportach analizy danych wraz z ogólnym stwierdzeniem na temat wykorzystanej do badań aparatury i zastosowanego oprogramowania.
2. Współautorstwo: jeżeli wkład intelektualny członków zespołu Laboratorium Specjalistycznego Genomiki w przeprowadzone badania był znaczący, powinni oni zostać wskazani w publikacji, prezentującej wyniki tych badań, jako jej współautorzy. Jest to standardowa procedura stosowana w przypadku projektów, w ramach realizacji których opracowywane jest nowatorskie podejście do sekwencjonowania i analizy danych oraz stosowanej metodyki badań, lub projektów wymagających złożonego przetwarzania danych i/lub ich eksploracji. Zespół Laboratorium Specjalistycznego Genomiki będzie odpowiadał za opracowanie rycin do publikacji, dostosowanych do wymogów wydającego ją czasopisma naukowego, a także będzie miał swój wkład w napisanie adekwatnych fragmentów tekstu artykułu naukowego.