The Arab American University
Purchasing Procurement Dep.

الجامعة العربية الامريكية
دائرة اللوازم والمشتريات

التاريخ: 10/03/2026

رقم الاستدراج: Q120.2026

السادة: .....

تلفون: .....

إيميل: .....

استدراج عروض أسعار: الرجاء تزويدنا بأسعار اللوازم التالية شامل لضريبة القيمة المضافة: BR2426-000472

#	اسم الصنف	الوحدة	الكمية	السعر	اجمالي تكلفة البند	تاريخ التوريد
1	NGS sequencing for microbiome analysis (16 S RNA) using Illumina MiSeq مرفق التفاصيل والمواصفات على الصفحة الثانية	KIT	2.8			
		المجموع الكلي		دولار		

تعليمات الاستدراج		ختم وتوقيع المورد:
** آخر موعد لتسليم العروض هو يوم:	الثلاثاء	
** الموافق:	17/03/2026	
** طبيعة البنود المطلوبة:	فحص طبي مخبري	
** بعملة:	دولار	
** الأسعار تشمل التوصيل ل:	الحرم الرئيسي - جنين	
** نوع التوريد:	توريد كامل	
** يرجى إرسال العرض ب:	بالظرف المغلق	

شروط الاستدراج:

** ضرورة تحديد مدة الكفالة إن وجدت.

** ضرورة تحديد مدة التوريد من تاريخ استلام امر الشراء، و في حال عدم الالتزام يتم فرض غرامة تأخير .

** ختم وتوقيع المورد المعتمد على هذا النموذج، وكتابة رقم الاستدراج واسم الشركة كما هو مسجل لدى الضريبة على الظرف.

** للمراجعة والاستفسار بخصوص المواصفات يرجى الاتصال على هاتف 042418888 رقم داخلي 1481

** للمراجعة والاستفسار بخصوص المواصفات عن طريق فاكس 042510972 أو بريد الكتروني manal.daraghmah@aaup.edu

** لمشاهدة العطاءات والاستدراجات، يرجى الدخول الى الرابط http://www.aaup.edu/tenders

مدير دائرة اللوازم و المشتريات

د. حسن ربايعة

10.3.2026

دائرة اللوازم والمشتريات
PROCUREMENT AND PURCHASING DEPARTMENT

we would like to do NGS sequence for microbiome analysis (16 S RNA) within the title "**Using Genetic Screening in Exploring the Gut Microbiome in FMF and autoinflammatory patients: Investigate A Novel Insights in The Pathogenesis between Palestinians Families**"

we like to proceed with (16 S rRNA) Sequencing using Illumina MiSeq.

Details: 10 sample

- Attached **sample sheet** indicating the details of each sample with QC
- Paired-end sequence
- 250 nucleotides from each side
- Depth about 5 millions/ all samples
- Specifications: Broad taxonomic discrimination across bacteria, improving genus/species identification by Covering seven hypervariable regions of the bacterial 16S rRNA gene: V2, V3, V4, V6, V7, V8, V9

Data Output:

1.Identification:

A) Species, Genus, Family assignment (where possible)

B) Curated bacterial taxonomy databases

2.Quantification:

A) Relative abundance % per taxon

B) Count tables (reads per taxon)

C) BIOM-format OTU tables for external pipelines (QIIME, R, etc.)

3.Diversity Metrics:

A) Alpha diversity: Shannon, Simpson, Richness

B) Beta diversity: Bray–Curtis, PCoA clustering

4.Visual Output:

A) Bar plots (taxonomic abundance)

B) Heat maps

C) Sample-to-sample comparison matrices

D) CSV / JSON / BIOM export for publication usage.