

**PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL
CONTRATO DE SERVICIO DE SERVICIO DE SECUENCIACIÓN DE
TRANSCRIPTOMA POR RNAseq. PARA LA FUNDACIÓN PARA LA
INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ**

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

- 1.1. Objeto del contrato.....
- 1.2. Legislación.....
- 1.3. Plazo de entrega

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO/SERVICIO

- 2.1. Partes y componentes.....
- 2.2. Características técnicas.....

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE SERVICIO DE SECUENCIACIÓN DE TRANSCRIPTOMA POR RNAseq. PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto del presente pliego es llevar a cabo la secuenciación masiva de 30 muestras para la identificación y estudio de potenciales nuevos biomarcadores en cáncer de pulmón. Para lo cual es necesario la subcontratación de un servicio de secuenciación externo al hospital, y que esta técnica no está puesta a punto en nuestras instalaciones. Nuestra finalidad es la consecución del objetivo número 3 del proyecto PI21/00145 concedido en esta última convocatoria por el Grupo de Investigación de Terapias Experimentales y nuevos biomarcadores en cáncer del IdiPAZ.

1.2- LEGISLACIÓN.

Los productos presentados a este procedimiento, deberán cumplir la legislación vigente que sea de aplicación.

El contratista deberá respetar el carácter confidencial de aquella información a la que tenga acceso con ocasión de la ejecución del contrato a la que se le hubiese dado el referido carácter en los pliegos o en el contrato, o que por su propia naturaleza deba ser tratada como tal, quedando el contratista sometido a la normativa nacional y europea en materia de protección de datos, siendo ésta una obligación contractual esencial (211.1.f LCSP).

1.3.- PLAZOS DE ENTREGA .

1 mes de entrega de resultados desde la entrega de las muestras a la empresa que secuenciará las mismas

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

Se pretende secuenciar 30 muestras, siguiendo las siguientes especificaciones técnicas:

- Cuantificación de las muestras de RNA con Qubit.
- Control de calidad (QC) del RNA con Tape Station o bioanalizador.

- Preparación de las librerías con Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus.
- Secuenciación en plataforma Illumina en modo paired-end de al menos 200 ciclos (2x100).
- Cada muestra tendrá como mínimo 50 millones de clusters PF secuenciados, lo que correspondería a al menos 100 millones de lecturas paired-end por muestra.
- Se entregarán los ficheros fastq sin necesidad de ningún tipo de procesamiento bioinformático.

Dichos ficheros tendrán que tener la calidad suficiente para que sean aptos para su análisis posterior de expresión diferencial. La calidad se estima con el siguiente parámetro estándar: El 80-85% de las bases tienen al menos Q30.

2.1. PARTES Y COMPONENTES

Un único servicio para secuenciar simultáneamente 30 muestras siguiendo las especificaciones técnicas ya descritas en el apartado anterior

Madrid, a 14 de Febrero de 2022

POR EL ÓRGANO DE CONTRATACIÓN,

D. Juan José Ríos Blanco

Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

CONFORME:
EL ADJUDICATARIO

FECHA Y FIRMA 15 de Febrero de 2022

Inmaculada Ibáñez de Cáceres

