

**PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL
CONTRATO DE SUMINISTRO DE UN KIT PARA EL ESTUDIO DE EXOMA
COMPLETO MEDIANTE NGS A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO
ABIERTO MEDIANTE EL CRITERIO PRECIO. PA 03/17**

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1. Objeto del contrato.....	2
1.2. Forma de pago.....	2
1.3. Legislación.....	2
1.4. Precio de licitación.....	2
1.5. Lugar de entrega.....	2

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO.....3

**PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL
CONTRATO DE SUMINISTRO DE UN KIT PARA EL ESTUDIO DE EXOMA
COMPLETO MEDIANTE NGS A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO
ABIERTO MEDIANTE EL CRITERIO PRECIO. PA 03/17**

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto del presente pliego es definir las características técnicas y funcionales para el suministro de un **KIT PARA EL ESTUDIO DE EXOMA COMPLETO MEDIANTE NGS**.

Para llevar a cabo el proyecto de investigación: Búsqueda de nuevos genes y nuevas patologías mediante la aplicación de secuenciación masiva en una cohorte de pacientes con Síndromes Sobrecrecimiento bien caracterizados clínicamente, se necesita el kit objeto del presente suministro, dado que el objetivo principal de este proyecto es el de aplicar nuevas tecnologías de secuenciación masiva (WES [exoma] y WGS [genoma]) para el diagnóstico de variantes/mutaciones genéticas en un grupo de pacientes con Síndromes de sobrecrecimiento bien caracterizados clínicamente.....

1.2- FORMA DE PAGO

Pago único previa entrega y recepción de conformidad de la totalidad del suministro a los 30 días fecha factura; la factura deberá incluir todas las menciones legalmente obligatorias, así como el órgano de contratación, el objeto del contrato, el número de expediente/procedimiento y código del proyecto PI15/01481.

1.3- LEGISLACIÓN

Los productos presentados a este procedimiento, deberán cumplir la legislación vigente, *For Research Use Only (ROU)*

Asimismo, cuando corresponda, se acreditará cualquier otra legislación que sea de aplicación.

1.4- PRECIO DE LICITACIÓN

Base imponible: 82.560,00 euros

Importe del I.V.A.: 17.337,6 euros

Importe total: 99.897,60 euros

Remunerado íntegramente por la Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz y cofinanciado por el Instituto de Salud Carlos III y el

Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). PI15/01481

Valor estimado del contrato (art. 88 TRLCSP): 82.560,00 euros

1.5.- LUGAR DE ENTREGA

En el bloque quirúrgico, en el Instituto de Genética Médica y Molecular del Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Universitario La Paz, sito en el Paseo de la Castellana 261, 28046-Madrid.

La entrega del producto tendrá lugar en el plazo de 30 días naturales, a contar desde el siguiente a la fecha de firma del contrato.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO

El kit ofertado por los licitantes deberá reunir, todas las especificaciones técnicas que a continuación se detallan, acreditándose en la forma establecida en la Cláusula 1ª apartado 5 del Pliego de Cláusulas Administrativas.

- 1 kit de 192 muestras para la generación de librerías en el estudio de exoma completo mediante NGS
- La tecnología ofertada en esta licitación debe ser una tecnología de captura por sondas, que cubran la totalidad del exoma humano.
- El tamaño del panel debe ser mínimo 50Mb y que cubra todas las regiones del exoma humano.
- Se debe garantizar una cobertura de más del 95% de las bases a 20x de profundidad
- El on-target debe ser superior al 90% de lecturas generadas en cada target o región de interés del exoma humano
- La uniformidad debe ser superior al 99% de cada base leída y mapeada sobre la región de interés del exoma humano
- La cobertura media debe garantizarse al 75X en cada target o región de interés del exoma humano.
- El kit incluirá todos los reactivos necesarios para procesar las muestras de DNA, generación de librerías, captura por sondas y reactivos de secuenciación.
- La tecnología ofertada debe ser compatible con los equipos de secuenciación masiva que se encuentran ahora mismo disponibles en el centro (NextSeq500, Illumina).
- La configuración debe permitir secuenciar un mínimo de 10 muestras por carrera de secuenciación, y que estas muestras estén secuenciadas a una cobertura de 75X.

- La calidad de secuenciación debe tener un Q30 superior al 80%.
- La configuración ofertada incluirá una herramienta de análisis bioinformático. El software de análisis debe ser exclusivo y específico para esta tecnología de secuenciación masiva. La herramienta debe permitir realizar el análisis al completo: análisis primarios, secundarios y terciarios, permitiendo analizar tríos y/o familias. El software incluirá bases de datos de interés clínico.
- Los Kits deberán ser compatibles con los equipos MISEQ, NEXSEQ500 o HISEQ4000

POR LA FUNDACIÓN,

FECHA Y FIRMA



CONFORME:

EL ADJUDICATARIO

FECHA Y FIRMA: