

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE REALIZACIÓN DE ANALISIS DE EXPRESIÓN GÉNICA DE TUMORES DE CABEZA Y CUELLO, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 34-2024. El Proyecto PI20/00329 objeto de este contrato está subvencionado por el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) y cofinanciado por la Unión Europea.

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1. Objeto del contrato.....	2
1.2. Legislación.....	2
1.3. Plazo de entrega	2

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SERVICIO

2.1. Especificaciones técnicas del servicio.....	3
2.2. Partes y componentes.....	4
2.3. Otros requerimientos imprescindibles.....	4

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE REALIZACIÓN DE ANÁLISIS DE EXPRESIÓN GÉNICA DE TUMORES DE CABEZA Y CUELLO, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 34-2024. El Proyecto PI20/00329 objeto de este contrato está subvencionado por el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) y cofinanciado por la Unión Europea.

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto de este contrato es realización de análisis de transcripción a partir de muestras de pacientes con cáncer de cabeza y cuello para el grupo de investigación traslacional de cirugía maxilofacial y cáncer de cabeza y cuello, para la Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz (en adelante, FIBHULP).

El análisis a realizar consiste en la generación de 100 librerías de RNA mensajero a partir de muestras de RNA extraído de líneas celulares de cáncer de cabeza y cuello, y muestras de pacientes con cáncer de cabeza y cuello. La secuenciación de dichas librerías el Illumina X plus o equivalente. Análisis de expresión génica complejo incluyendo análisis de expresión diferencial, comparación de diferentes subgrupos experimentales, y predicción de procesos biológicos asociados a estos cambios de expresión.

La adquisición de este servicio facilitará ejecutar el proyecto PI20/00329 del ISCIII y concedido a la Dra. Ana Sastre Perona como investigadora principal.

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.

Duración del contrato: desde la formalización del contrato por ambas partes hasta el 31 de diciembre de 2024.

Plazo de ejecución: los resultados objeto de este contrato, se entregarán un plazo de, como máximo, 4 semanas desde la puesta a disposición a la empresa adjudicataria, de las muestras a secuenciar.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS.

Las muestras se deberán procesar desde el ARN extraído hasta la entrega de los datos procesados.

Las librerías deberán de realizarse utilizando el método de enriquecimiento de colas de poly A. La secuenciación de las muestras debe de ser de al menos 15Gb por muestra utilizando PE150. Los controles de calidad deben de asegurar al menos $Q30 > a$ el 85%.

Los datos deben de entregarse mediante descarga de un enlace en un soporte como One Drive o similar.

Los datos deben de incluir:

- Los archivos de secuenciación en formato fastq.gz.
- Los análisis de calidad incluyendo: la distribución de la tasa de error en las lecturas, el contenido de GC, el filtrado de los datos, la clasificación de las lecturas (en cuanto a adaptadores), los valores de los porcentajes de lecturas perfectas (Q20, Q30).
- Los datos procesados ya alineados al genoma de referencia en formato. bam y.bam.bai. El alineamiento se debe realizar utilizando el programa: HISAT2.
- Todos los análisis de calidad de la secuenciación y alineamiento de cada muestra incluyendo: lecturas totales, lecturas alineadas, lecturas de alineamiento único y múltiple, lecturas de cada secuencia (forward y reverse), porcentaje de lecturas a cada cadena de DNA, número de lecturas de splicing y completas, número y porcentaje de lecturas pareadas. Distribución de lecturas en el genoma (exónicas, intrónicas y intergénicas). Controles de calidad de los alineamientos. Predicción de nuevos genes, localización y anotación.
- Debe de contener un elaborado protocolo de cuantificación de la expresión génica incluyendo:
 - Contaje y distribución de la expresión génica, análisis de correlación entre las distintas muestras (heatmaps y PCAs). Debe de incluir la posibilidad de incluir análisis de diagramas de Venn para comparar entre grupos experimentales. Los análisis de expresión deben de contener cuentas normalizadas y FPKMs. El análisis de expresión diferencial se debe de realizar utilizando herramientas como Deseq y edgeR basados en normalización de los datos, cálculos de p-value y FDR. Se debe de incluir la posibilidad de incluir múltiples análisis entre grupos y generar gráficas que ilustren los cambios de expresión incluyendo diagramas de

barras y de volcán. Así mismo deben de generar mapas de calor supervisados y no supervisados para agrupar las muestras en base a su expresión génica.

- Análisis funcionales: se deben de incluir análisis de asociación de los genes diferencialmente expresados en cada comparación a términos de “Gene Ontology”, “Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes” y GSEA, todos ellos con distintos tipos de representaciones gráficas.
- Debe de incluir análisis de variantes de splicing, de isoformas de los genes y su visualización en documentos pdf.
- Análisis de variantes de polimorfismos (single nucleotide polymorphism (SNP)) y su representación gráfica.

Finalmente, los resultados obtenidos se entregarán con un disco duro o a través de un enlace desde algún soporte similar a OneDrive. Los resultados obtenidos tendrán que cumplir todos los controles de calidad que la casa comercial Illumina recomienda para este tipo de protocolos, o equivalentes.

2.1. PARTES Y COMPONENTES.

Un único servicio para secuenciar 80 muestras siguiendo las especificaciones técnicas ya descritas en el apartado anterior. Ese servicio incluirá los siguientes componentes:

- Generación de librerías de cDNA a partir de RNA total y realización de controles de calidad.
- Secuenciación de librerías de cDNA en Illumina X Plus o equivalente en formato PE150 con 15Gb de Output.
- Análisis de expresión génica como se detalla en el apartado anterior.
- Envío de datos brutos y de los análisis de expresión detallados en el apartado anterior.

2.3. OTROS REQUERIMIENTOS IMPRESCINDIBLES.

La empresa adjudicataria deberá contar con apoyo técnico presencial y online en español. El tiempo desde el envío de la muestra hasta el retorno de los resultados debe de ser inferior a un mes.

En Madrid, a 11 de septiembre de 2024.

D. Francisco García Ríó

Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

CONFORME:
EL ADJUDICATARIO
FECHA Y FIRMA