

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR CONTRATO DE SERVICIO DE ANÁLISIS DE REGULACIÓN GENÓMICA, PERFILADO DE RUTAS METABÓLICAS Y SPLICING ALTERNATIVO DE 18 MUESTRAS DE RNA, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO CON PLURALIDAD DE CRITERIOS. EXPEDIENTE PAS 31-2025. El Proyecto PID2020-113124RB-C22 está financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033.

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

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

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO

2.1 Especificaciones técnicas.....	3
2.2 Partes y componentes.....	6

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR CONTRATO DE SERVICIO DE ANÁLISIS DE REGULACIÓN GENÓMICA, PERFILADO DE RUTAS METABÓLICAS Y SPLICING ALTERNATIVO DE 18 MUESTRAS DE RNA, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO CON PLURALIDAD DE CRITERIOS. EXPEDIENTE PAS 31-2025. El Proyecto PID2020-113124RB-C22 está financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033.

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto del presente pliego es Análisis de Regulación Genómica, Perfilado de Rutas Metabólicas y Splicing Alternativo de 18 muestra de RNA obtenido de cultivo celular de células pluripotentes diferenciadas deficientes en hipoxantina guanina fosforribosiltransferasa (HPRT) y células pluripotentes control.

Este análisis que se solicita debe cumplir con los requisitos de los análisis realizados previamente mediante este proyecto y debe ser realizado bajo condiciones similares para que los resultados obtenidos sean comparables.

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:** el contrato comenzará el día de la formalización del mismo y finalizará el 31/08/2025.
- **Procede la prórroga del contrato:** No procede.
- **Plazo de ejecución:** La empresa proveedora realizará los estudios una vez formalizado el contrato y tendrá un plazo de 10 días para la entrega de los resultados.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

En la presente licitación se solicita el análisis de RNAseq de Regulación Genómica, Perfilado de Rutas Metabólicas y Splicing Alternativo, de 18 muestras de RNA.

Este análisis que se solicita debe cumplir con los requisitos de los análisis realizados previamente a través de este Proyecto. Es esencial que los resultados obtenidos sean comparables con estudios previos realizados bajo condiciones similares ya que de lo contrario no se podrían comparar las muestras, lo que perjudicaría al Proyecto de Referencia.

Las muestras se enviarán a temperatura ambiente.

Los requisitos que debe incluir el análisis solicitado son:

1. - Control de calidad de la secuenciación
2. - Resumen del mapeo
3. - Análisis de expresión génica y de transcripción
4. - Análisis de correlación y PCA del nivel de expresión génica
5. - Gen y transcripción expresados diferencialmente
6. - Agrupamiento jerárquico de genes expresados diferencialmente
7. - Diagramas de dispersión de genes expresados diferencialmente
8. - Diagramas de volcán de genes expresados diferencialmente
9. - Análisis de ontología génica de genes expresados diferencialmente
10. - Análisis de vías de Genes expresados diferencialmente
11. - Predicción de nuevos genes y transcripciones

Características metodológicas requeridas para RNA-seq:

- El ARN total de cada muestra se deberá cuantificar utilizando un instrumento NanoDrop ND-1000 o similar.

- Se utilizarán 1-2 µg de ARN total para preparar la biblioteca de secuenciación con las siguientes características:

- 1) El ARN total se enriquecerá eliminando el ARNr;
- 2) Preparación de la biblioteca de ARN-seq utilizando kit que incorpore dUTP en la segunda cadena de ADNc y hace que la biblioteca de ARN-seq sea específica de la cadena. Las bibliotecas completas se calificarán con un bioanalizador y se cuantificaron mediante el método de qPCR de cuantificación absoluta.

Requisitos del análisis.

Se requiere un análisis de imágenes y la identificación de bases con el pipeline Solexa v1.8 (software Off-Line Base Caller, v1.8).

La calidad de la secuencia debe examinarse con el software FastQC. Las lecturas recortadas (bases adaptadoras 5',3' recortadas con cutadapt) se alinearán con el genoma de referencia mediante el software Hisat2(v2.0.4).

La abundancia de transcritos de cada muestra se debe estimar con StringTie(v1.2.3), y el valor de FPKM para el nivel de gen y transcrito se debe calcular con el paquete R Ballgown (v2.6.0).

Los genes y transcritos con expresión diferencial se filtrarán con el paquete R Ballgown.

Los nuevos genes y transcritos se debe predecir a partir de los resultados ensamblados comparándolos con la anotación de referencia utilizando StringTie y Ballgown.

El análisis de componentes principales (PCA) y el análisis de correlación se basarán en el nivel de expresión genética, se realizará agrupamiento jerárquico, ontología genética, análisis de vías, diagramas de dispersión y diagramas de volcanes con los genes expresados diferencialmente en entorno R, o Python para cálculo estadístico y gráficos.

El report debe incluir todos los análisis solicitados y sus correspondientes gráficas y figuras.

Los requisitos que debe incluir el análisis solicitado son:

- Control de calidad de la secuenciación
- Resumen del mapeo
- Análisis de expresión génica y de transcripción
- Análisis de correlación y PCA del nivel de expresión génica
- Gen y transcripción expresados diferencialmente
- Agrupamiento jerárquico de genes expresados diferencialmente
- Diagramas de dispersion de genes expresados diferencialmente
- Diagramas de volcán de genes expresados diferencialmente
- Análisis de ontología génica de genes expresados diferencialmente
- Análisis de vías de Genes expresados diferencialmente
- Predicción de nuevos genes y transcripciones

El licitador que participe en la licitación deberá aportar una memoria técnica en la que se describa el servicio a fin de comprobar que se cumplen con los requisitos técnicos establecidos en el presente Pliego Técnico.

2.1 PARTES Y COMPONENTES.

3 envíos de 6 muestras de RNA a temperatura ambiente, 18 secuenciaciones, 3 reports incluyendo todos los análisis solicitados de las 6 muestras enviadas por cada report.

Madrid, a 27 de mayo de 2025.

POR EL ÓRGANO DE CONTRATACIÓN,

D. Francisco García Río

Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

CONFORME:
EL ADJUDICATARIO
FECHA Y FIRMA