



Financiado por  
la Unión Europea  
NextGenerationEU



Plan de  
Recuperación,  
Transformación  
y Resiliencia



## **INFORME/MEMORIA JUSTIFICATIVA PROCEDIMIENTO NEGOCIADO SIN PUBLICIDAD**

### **SECUENCIADOR DE NUEVA GENERACIÓN DE CAPACIDAD MEDIA PARA LA UNIDAD DE GENÓMICA**

#### **Justificación.**

En el ámbito de la biología molecular y la genómica, la secuenciación de ADN es una herramienta esencial para el diagnóstico y la identificación de variaciones genéticas. La tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS) ha revolucionado la forma en que se analizan los genomas, permitiendo estudios más profundos y precisos.

Actualmente, la Unidad de Genómica del Hospital “Gregorio Marañón” funciona como un laboratorio Core de secuenciación masiva, por lo que todos los laboratorios del hospital que realizan pruebas de biología molecular se beneficiarán de esta adquisición.

Así mismo, se está organizando desde el SERMAS la centralización de las pruebas genéticas en diferentes laboratorios, representando la Unidad de Genómica uno de los NODOS de centralización de muestras.

Un secuenciador masivo de capacidad media permitirá procesar múltiples muestras simultáneamente, reduciendo los tiempos de análisis y aumentando la capacidad de producción de datos genómicos.

En el presente pliego se requiere un secuenciador de última generación que permita un análisis genómico con aplicaciones versátiles que permitan, entre otras, la secuenciación de genomas completos de pequeño tamaño y la secuenciación de paneles de genes dirigidos. La plataforma debe funcionar con la química XLEAP-SBS (eXtended Long Error-Avoiding Process Sequencing By Synthesis). Esta técnica mejora la precisión (hasta el 99,9%), reduce errores y permite lecturas más largas de la secuenciación. Tiene mayor precisión ya que la tasa de error disminuye frente a la técnica de SBS estándar. Y al reducir los errores acumulativos, permite lecturas de hasta 2\*300 pb (pares de bases). Los reactivos permiten el envío y el almacenamiento a temperatura ambiente. Esto último elimina la necesidad de la cadena del frío, reduce residuos y simplifica el flujo de trabajo. Y por último mejora la velocidad de los experimentos en tan solo 4 horas (1\*100 pb) y 15 horas (2\*300 pb).

La técnica XLEAP-SBS está disponible en los equipos de la marca Illumina y concretamente en el modelo MiSeq i100 de capacidad media.

LA SUBDIRECTORA MÉDICA  
DE SERVICIOS CENTRALES

EL SUBDIRECTOR  
DE INGENIERÍA



La autenticidad de este documento se puede comprobar en  
<https://gestiona.comunidad.madrid/csv>  
mediante el siguiente código seguro de verificación: 1258211795957971493708