



INFORME DE LA PUNTUACIÓN OBTENIDA POR LOS LICITADORES EN LOS CRITERIOS CUYA CUANTIFICACIÓN DEPENDE DE UN JUICIO DE VALOR, CORRESPONDIENTE A LA LICITACIÓN DEL CONTRATO DE “CONTRATO MIXTO DE SUMINISTROS PARA LA ADQUISICIÓN DE UN SISTEMA DE INFORMACIÓN EN EL CENTRO MADRILEÑO DE ANÁLISIS GENÓMICO PARA EL CUMPLIMIENTO DE LOS COMPROMISOS DEL PROYECTO SIGENES Y EL SERVICIO DE INSTALACIÓN Y PUESTA EN MARCHA, CON CARGO AL PLAN DE RECUPERACION TRANSFORMACIÓN Y RESILIENCIA DEL GOBIERNO DE ESPAÑA - FINANCIADO POR LA UNIÓN EUROPEA – NEXTGENERATIONEU (C18.I05.P10.S15)” A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO CON PLURALIDAD DE CRITERIOS

Expediente A/SUM-039574/2025

1. CONTEXTO

A la licitación del contrato se han presentado las siguientes empresas:

- EDNON, S.L.
- FUJITSU
- TELEFÓNICASOLUCIONES DE INFORMÁTICA Y COMUNICACIONES DE ESPAÑA, S.A.U.
- T-SYSTEMS
- UTE ACCENTURE – SCC
- UTE PLEXUS-ZETTA

Según el Pliego de Cláusulas Administrativas los criterios cuya cuantificación dependen de un juicio de valor (Técnico), son los siguientes:

CRITERIOS DE ADJUDICACIÓN		PUNTUACIÓN MÁXIMA
A. Criterios cuya cuantificación depende de un juicio de valor / SOBRE 2		30
A1	Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales que deben cumplir el: <ul style="list-style-type: none"> - Software de portal de computación para la rutina bioinformática. - Sistema de Información que permita cumplir los requisitos mínimos del proyecto SIGENES Junto con los requisitos funcionales de instalación y arquitectura en base a las directrices indicadas en Pliego de prescripciones técnicas. Se valorará el encaje de las tecnologías y arquitectura propuesta con el entorno tecnológico de la DGSD. Igualmente, se valorará como la solución propuesta cumple con los requisitos exigidos.	8
A2	Planificación del proyecto. Incluyendo las actividades solicitadas Fase de implantación y puesta en marcha del sistema solicitado. Se valorará la metodología y los procedimientos de trabajo propuestos a fin de garantizar la transición más sencilla posible al usuario final, la adecuación de las tareas, recursos técnicos, y entregables asociados con los servicios ofertados.	5

A3	<p>Plan de calidad: El contratista adjudicatario deberá preparar y documentar un Plan de Calidad para los servicios contratados como medida de aseguramiento de la calidad de sus respectivos servicios proporcionados, indicando los principales puntos y líneas maestras que desarrollarán en el proyecto. Se valorarán los mecanismos de seguimiento propuestos para asegurar el nivel de servicio adecuado, los indicadores propuestos, la propuesta de análisis de la calidad y las medidas correctoras propuestas en caso de fallo.</p>	3
A4	<p>Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas. Se valorará la capacidad de la solución para admitir la carga de variantes procedentes de múltiples herramientas, flujos de análisis o centros clínicos, independientemente del software/pipeline empleado en origen. Se valorarán las interfaces disponibles para esa integración (APIs, herramientas de importación, soporte a formatos estándar como VCF anotado), así como la capacidad para gestionar la procedencia y trazabilidad de las variantes cargadas. Se valorará la memoria técnica y los mecanismos descritos para integrar fuentes heterogéneas de variantes.</p>	2
A5	<p>Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas. Se valorará la existencia y funcionalidad de herramientas, servicios o procedimientos que faciliten la migración y normalización de repositorios históricos de variantes clínicas ya clasificadas, preservando la trazabilidad, el contexto clínico y las anotaciones asociadas. Especial atención se prestará a la capacidad de detectar y gestionar conflictos, duplicidades y versiones. Se valorará la descripción técnica del proceso de migración, control de calidad de datos y trazabilidad histórica.</p>	2
A6	<p>Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR. Se valorará la solución de interoperabilidad con el nodo central SIGENES y otros nodos regionales, y el grado de adopción de estándares internacionales como HL7 FHIR, Phenopackets, Beacon, etc, en relación a su integración con herramientas de gestión de historia clínica electrónica (HCE) o sistemas de información de laboratorio (SIL). En este sentido, se considerará la experiencia previa en proyectos reales con interoperabilidad implementada. Se valorará la documentación técnica, declaración de cumplimiento y evidencia de despliegues previos en relación a su funcionalidad real y efectiva.</p>	5
A7	<p>Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos. Se valorará la existencia de mecanismos integrados para auditar todas las acciones realizadas sobre los datos genómicos, versiones de informes generados, versiones de herramientas bioinformáticas/piezas de software, clasificaciones y actualizaciones de variantes, incluyendo logs clínicos y técnicos. Esto permitirá cumplir con normativas de calidad asistencial y reproducibilidad. Se valorarán las herramientas propuestas, su integración con la base de datos clínica y ejemplos incluidos.</p>	2
A8	<p>Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico. Se valorará la existencia de un portal técnico y/o de supervisión que permita a perfiles técnicos y responsables visualizar en tiempo real el uso de recursos de computación bioinformática, estado de análisis, almacenamiento, trazabilidad de flujos de datos y generación de informes de actividad. Se valorarán las capacidades del portal descritas en la documentación técnica, así como ejemplos o capturas de pantalla.</p>	3
TOTAL		30

Reglas de puntuación

A continuación, se detallan los valores de puntuación que se otorgarán a cada uno de los criterios:

- **Excelente** (hasta 100% sobre la puntuación máxima posible del criterio). Presenta propuesta **excelentemente detallada**, en todos los aspectos requeridos y para todos los componentes del ámbito de aplicación, con gran aporte de valor para los requisitos del contrato.
- **Alta** (hasta 80% de la puntuación máxima posible del criterio). Presenta propuesta **muy bien detallada** en los aspectos requeridos, con una muy buena adaptación a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.
- **Media** (hasta 60% sobre la puntuación máxima posible del criterio). Presenta propuesta **bien detallada** en los aspectos requeridos, **adaptada de forma suficiente** a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.
- **Bajo** (hasta 40% sobre la puntuación máxima posible del criterio). Presenta propuesta **con un nivel bajo de detalle** en los aspectos requeridos, generalista o **no adaptada** de forma suficiente a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.
- **Muy bajo** (hasta 10% sobre la puntuación máxima posible del criterio). Se asignará esta valoración a aquellas ofertas que presenten una propuesta **extremadamente generalista** o con un nivel de detalle muy bajo en los aspectos requeridos en los criterios de juicio de valor.

2. Valoraciones de las ofertas presentadas

De esta forma, las valoraciones a los criterios de juicios de valor quedan como sigue:

A.1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales (máximo 8 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone como solución la plataforma Genomcore BIMS proponiendo una arquitectura híbrida PaaS en AWS EU y On-premise en SERMAS. Propone despliegue <i>bare metal</i> de Red Hat OpenShift OKE sobre los servidores físicos para alta disponibilidad. Respecto los componentes de la plataforma, la oferta describe con un excelente detalle sus diferentes elementos (CORE -servicios comunes, UMD -almacén datos multimodal-, URE -entorno de ejecución soportando estándares de workflows/pipelines como Nextflow y Cromwell y la ejecución de flujos nf-core) -, interfaz "BIOMED" para usuarios profesionales y Genomcore APIs) En el cumplimiento de requisitos SIGENES, se entiende como ventaja que la plataforma esté basada en la solución de Genomcore Variants Server, el mismo producto del nodo central estatal. Respecto los componentes, integra almacenamiento multimodal y ejecución HPC mencionando compatibilidad con el sistema de colas SLURM y servidores Illumina DRAGEN; y por parte de la funcionalidad que cubre los dos ejes: portal de computación y sistema interoperable de curación alineado con el Ministerio. Respecto las licencias, el licitador realiza el suministro completo de Genomcore BIMS y de forma adicional el software necesario tal como MongoDB, Red Hat OpenShift Kubernetes Engine y VMware. Para el despliegue e implantación, la oferta propone una metodología por fases que incluye análisis de interoperabilidad, diseño de arquitectura escalable, desarrollo de integraciones y plan de pruebas multinivel Para los servicios de administración y soporte, propone un soporte técnico especializado y mantenimiento durante la duración del contrato y como soporte, se realiza la definición de Procedimientos Normalizados de Trabajo (PNTs) para administración, copias de seguridad y monitorización Respecto las auditorías y seguridad, cumple con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD, calidad (ISO 9001) y calidad clínica (ISO 13485 e ISO 15189) y marcado CE-IVDR en proceso. Para la trazabilidad propone



	<p>mecanismos nativos para auditoría completa de procesamiento bioinformático y control de versiones de informes.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), soporta todos los casos implementando un modelo de conexión de doble carril con consulta inmediata (Beacon v2) y envío transaccional (FHIR Bundle). Asimismo, soporta re- anotación periódica automática. • Para el modelo de datos (Estandarización), propone la adopción nativa de los estándares de GA4GH (Phenopackets v2.0, VRS y VA-Spec) y el uso de las ontologías SNOMED-CT, HPO, LOINC. Como codificación, se definen estructuras exportables que aseguran compatibilidad semántica con el nodo central • Propone una estrategia para interoperabilidad basada en el motor de integración de Genomcore BIMS y su API Gateway basada en los estándares HL7 FHIR y API REST con capacidad de exportación en formatos normalizados. Asimismo, propone utilizar la solución Mirth Connect en caso necesario. <p>Se le asigna el rango de EXCELENTE con 8 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente el excelente nivel de detalle de la solución técnica ofertada basada en el producto de Genomcore y concretamente en la explicación sus diferentes elementos y capacidades. El uso de esta plataforma facilita la interconexión con el nodo central SIGenES y reduce sus riesgos. Asimismo, se aprecia que la propuesta se encuentre alineada con el entorno tecnológico de la DGSD y que describa con mayor detalle los componentes de software base y hardware; particularmente del uso del add-on OpenShift virtualization para virtualizar los servidores de gestión del clúster HPC y de los servidores Illumina Dragen. De forma complementaria se valora el enfoque general lowcode/no-code y la posibilidad de utilización de varios motores interoperabilidad. De las propuestas con el producto Genomcore es la que presenta un mayor nivel de detalle.
TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone como solución la plataforma Genomcore BIMS proponiendo una arquitectura híbrida PaaS (Genomcore BIOMED) y On-premise, garantizando soberanía del dato y procesamiento en local. Respecto los componentes, propone una estructura modular (CORE -servicios comunes, UMD -almacén multimodal-, URE -entorno de ejecución soportando estándares de workflows/pipelines como Nextflow y Cromwell y la ejecución de flujos nf-core- con interfaz "BIOMED" para usuarios profesionales) • En el cumplimiento de requisitos SIGENES, se entiende como ventaja la alineación estratégica al ser el desarrollador del nodo central y por



	<p>parte de la funcionalidad, que garantiza intercambio bidireccional y adaptación futura a nuevas especificaciones del Ministerio gracias a su rol en el proyecto nacional.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto las licencias, el licitador se compromete a realizar el suministro modular de la plataforma BIMS. • Para el despliegue e implantación, la oferta propone un equipo multidisciplinar liderado por Jefe de Proyecto, con perfiles específicos como Consultor Bioinformático y Arquitecto de Sistemas para la orquestación en CPD. • Para los servicios de administración y soporte, propone un soporte técnico basado en marco ITIL v4 y un soporte estructurado en 3 niveles (N1, N2, N3) con tiempos de respuesta garantizados. Incluye monitorización proactiva ("Health Checks") para mitigar riesgos antes de afectar la actividad asistencial • Respecto las auditorías y seguridad, cumple con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD, calidad (ISO 9001) y calidad clínica (ISO 13485 e ISO 15189) y marcado CE-IVDR en proceso. Para la trazabilidad propone un registro exhaustivo de ejecuciones de pipelines y control de versiones de informes asociados a la evidencia disponible en cada momento. • Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), Soporte integral. Permite envío/registro directo y consulta mediante APIs para enriquecer flujos internos. Habilita un enlace directo en interfaz a la Biblioteca Nacional. • Para el modelo de datos (Estandarización), propone la adopción nativa de Phenopackets v2.0, VRS y VA-Spec y el uso de las ontologías SNOMED-CT, HPO, CIE-10 gestionadas internamente. Como codificación, existe una Gestión semántica de entidades (Paciente, Muestra, Variante) alineada con los requisitos del Ministerio. • Propone una estrategia para interoperabilidad basada en el motor de integración de Genomcore BIMS con integración bidireccional completa basada en los estándares HL7 FHIR con perfiles adaptados para HCE/SIL y APIs REST para SGenES. <p>Se le asigna el rango de Alto con 6 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta basada en el producto Genomcore BIMS con una muy buena adaptación a la problemática de los pliegos y con un buen detalle en los diferentes aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque a pesar de incluir un buen detalle se echa en falta un mayor nivel de información de la plataforma ofertada. Para obtener una mayor puntuación se debería haber descrito con mayor precisión los componentes de esta plataforma, el software base y hardware, la capacidad de uso con los servidores Illumina Dragen, su enfoque lowcode-nocode o las licencias aportadas en el suministro modular de la solución.
--	---



<p>UTE ACCENTURE – SCC</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone como solución la plataforma Genomcore BIMS proponiendo una arquitectura híbrida PaaS para gestión con despliegue on-premise en CPD Athene@ (datos/cómputo) sobre Kubernetes. Respecto los componentes, incluye UMD (Almacén Multimodal) y URE (Ejecución, soportando estándares de workflows/pipelines como Nextflow y Cromwell y la ejecución de flujos nf-core nativamente sobre Docker, usando <i>namespaces</i> dedicados si se requiere Singularity) • En el cumplimiento de requisitos SIGENES, se entiende como ventaja que la plataforma está basada en la solución de Genomcore es la empresa que desarrolla el nodo central del Ministerio, asegurando integración nativa; y por parte de la funcionalidad actúa como nodo autónomo con sincronización federada. Incluye motor de anotación que consulta fuentes internacionales y el propio nodo central. • Respecto las licencias, el licitador Incluye todas las suscripciones necesarias (BIMS, MongoDB) excepto el sistema operativo. • Para el despliegue e implantación, la oferta propone un plan en 4 fases (Lanzamiento, Análisis, Construcción, Puesta en Marcha) incluyendo un cronograma detallado con Kick-off técnico y funcional. • Para los servicios de administración y soporte, propone un soporte fundado en una matriz RACI y comités de seguimiento. Incluye mantenimiento correctivo y evolutivo. Por su parte el soporte incluyendo gestión de usuarios, incidencias y administración de la plataforma para asegurar operatividad. • Respecto las auditorías y seguridad, cumple con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD, calidad (ISO 9001) y calidad clínica (ISO 13485 e ISO 15189) y marcado CE-IVDR en proceso. Para la trazabilidad propone un registro inmutable de accesos y ejecuciones. • Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), cubre los 5 casos. Destaca la consulta programática automática al nodo central durante la anotación y el acceso directo por interfaz para consultas ad-hoc. Permite priorización y gobernanza configurables. • Para el modelo de datos (Estandarización), implementa modelo lógico SGenES con GA4GH Phenopackets v2.0 y VRS y soporta ontologías HPO, MONDO, HGNC, HGV. Como codificación, se propone un mapeo a catálogos nacionales y gestión de metadatos de pruebas. • Propone una estrategia de interoperabilidad, basada en los estándares HL7 FHIR y API REST segura para una sincronización federada con nodo central.
------------------------------------	--



	<p>Se le asigna el rango de Alto con 6 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una propuesta basada en el producto Genomcore BIMS con una muy buena adaptación a la problemática de los pliegos y con un buen detalle en los diferentes aspectos requeridos. Por otra parte, se valora negativamente porque a pesar de incluir un buen detalle se echa en falta un mayor nivel de información de la plataforma ofertada. Para obtener una mayor puntuación se debería haber descrito con mayor precisión los componentes de esta plataforma, el software base y hardware, la capacidad de uso con los servidores Illumina Dragen y Slum, el enfoque lowcode-nocode o las licencias aportadas en el suministro modular de la solución.
T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone la Integración de la plataforma de medicina personalizada y genómica TSuPreMe Portal cimentado en el componente TWOK (basado en Seqera Plataform y Nextflow). Este sistema que incluye gestión avanzada de colas y contenedores, interfaz web unificada para gestión de casos y ejecución de pipelines y monitorización de eficiencia de recursos (CPU/Memoria). Respecto los componentes, resalta TKnowledge (Base de Datos Única de Variantes). Funcionalidad: Nodo autónomo que consolida y normaliza información. Sincronización <i>read-write</i> con la Biblioteca Nacional. Mecanismos de extracción, priorización y gobernanza de variantes. Motor de anotación TOMIC Engine centralizado. Respecto las licencias, el licitador incluye TSuPreMe y Seqera Enterprise. Para los servicios de Administración y Soporte, se detalla la implantación en cuatro fases (Análisis, Instalación, Validación, Puesta en Marcha) y el soporte basado en modelo ITIL con niveles de servicio y gestión de tickets (ServiceNow) incluyendo un equipo mixto formado por T-Systems y CompuGroup Medical (CGM). Respecto las auditorías y seguridad, cumpliendo con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD y calidad clínica (ISO 15189 e ISO 13485) y marcado CE-IVD (las dos últimas en proceso). Para realizar la auditoría se propone el uso del componente TMonitoring y TPI Security. Generación de eventos FHIR AuditEvent (perfil ATNA). Integración con sistemas de gestión de identidad corporativa (Keycloak/GestionAI). Para la trazabilidad propone un registro inmutable de accesos y ejecuciones. Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), se detalla el soporte de la API SIGENES, incluyendo Endpoints POST/PUT para publicación (Caso

	<p>1, 2) y GET para consulta/sincronización (Caso 3, 4) y enriquecimiento automático de informes con integración de BNV (Caso 5)</p> <ul style="list-style-type: none"> Para el modelo de datos (Estandarización), soporta los estándares de GA4GH Phenopackets v2.0, HL7 FHIR R4, VCF/gVCF. Asimismo, se trata de un modelo compatible con SGenES (Variante, Fenotipo, Diagnóstico) con validación semántica en origen antes del envío al nodo central. Respecto la codificación y Catálogos, se propone soporte las ontologías HPO, SNOMED-CT, CIE-10, HGNC con declaración de versiones en metadatos y definición de catálogo unificado integrado en Ontology Server (Onesait) Propone una estrategia de interoperabilidad, a partir del motor TPI Server (basado en el motor de integración Mirth Connect y colas de Apache Kafka). Asimismo, propone una integración con LIS (Servolab, Modulab, etc.) y HCE (HCIS/Selene) vía HL7 v2.x/FHIR, integración con SCAA (Alertas) y Data Lake Corporativo. <p>Se le asigna el rango de Alto con 5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente el alto nivel de detalle de los módulos de la solución técnica y su adaptación a la problemática del pliego. Por otra parte, se valora negativamente que no se especifica en detalle como TWOK delega en Seqera Enterprise las funciones de lanzamiento de aplicaciones bioinformáticas. El sistema aparentemente es cerrado. De forma adicional, tampoco se aprecia que la plataforma no esté actualmente certificada en la ISO 13485.
FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone la solución basada en Fujitsu Omics Analysis Solution (FOAS) y Omics Analysis Portal (OAP). Incluye un portal modular con Sample Coordinator para gestión de muestras, presentación de listas de trabajo y catálogos de pipelines, gestión de ficheros y almacenamiento en volúmenes y capa de configuración de análisis personalizable Para el cumplimiento de los requisitos SIGENES, propone de componentes un repositorio de Variantes FOAS + Motor de Anotación y de funcionalidad, el Almacenamiento estructurado de variantes y datos fenoclinicos, el motor de anotación propio que incorpora periódicamente las releases de SGenES y fuentes externas alineado con estrategia de medicina personalizada. Respecto las licencias, el licitador incluye el suministro completo de software y suscripciones necesarias. Para los servicios de administración y soporte, se detalla la implantación en 3 fases principales (Análisis, Desarrollo/Carga, Puesta en Marcha) y el soporte con responsabilidad integral del servicio, coordinación con DGSD y mantenimiento de operatividad



	<ul style="list-style-type: none"> Respecto las auditorías y seguridad, se propone el uso de Logs diferenciados (Técnicos, Bioinformáticos, Datos) y como estándar la auditoría de datos inmutable. <i>Security by Design</i> y <i>DevSecOps</i> con cumplimiento RGPD/ENS y trazabilidad para ISO 15189. Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), propone una gestión de almacenamiento de variantes significativas procedentes de flujos habituales e históricos con sincronización del conocimiento genómico y explotación mediante repositorio central. Para el modelo de datos (Estandarización), incluye la adopción nativa de GA4GH, FHIR y VRS. Asimismo, incluye un modelo de estructuración VRS ilustrado con base de datos operativa con motor de anotación propio Propone una estrategia de interoperabilidad, basada en el módulo de interoperabilidad e integraciones con soporte HL7 y FHIR independiente y captura normalizada desde plataformas bioinformáticas. <p>Se le asigna el rango de Media con 4 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente que presenta un buen nivel de detalle en los aspectos requeridos de forma amplia. Por otra parte, se valora negativamente porque no está adaptada a toda la caustica del proyecto ya que focalizan en abordajes bioinformáticas muy particulares, pero no detallan si otros están contemplados.
UTE PLEXUS- ZETTA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto el portal de Computación (Rutina Bioinformática), el licitador propone como solución la plataforma XetaBase, del fabricante Zetta Genomics. Incluye un entorno de trabajo web intuitivo que abstrae la complejidad del clúster HPC, un panel de trabajo dual para clínica e investigación y una orquestación de pipelines integrada con sistemas corporativos (HES, LIS). Respecto los componentes, implementa una arquitectura de Federación Nativa. En el cumplimiento de requisitos SIGENES, incluye la integración nativa con el nodo central (basada en experiencia GEL) con un repositorio único coherente que normaliza genotipos en cohortes y una gestión de variantes patogénicas (CVDB) implementada a partir de informes clínicos. Respecto las licencias, el licitador incluye un modelo de suscripción SaaS/On-premise implícito. Para los servicios de administración y soporte, propone una implantación basada en metodología Ágil (Scrum) con hitos definidos (Evaluación, Migración BD, Validación) y un equipo mixto (formado por Plexus y Zetta) para soporte y mantenimiento evolutivo continuo.



	<ul style="list-style-type: none">• Respecto las auditorías y seguridad, cumple con el ENS Alto y RGPD. Propone auditoría de calidad total y trazabilidad inmutable desde el dato crudo al informe. Incluye control de versiones automático de análisis genómicos y metadatos asociados.• Para los casos de uso (Biblioteca Variantes), propone integración nativa vía API REST con envío unitario / batch de informes (Caso 1); consulta en tiempo real para anotación (Caso 3) verificando existencia de variantes en la red nacional e incorporación de evidencia externa a informes (Caso 5).• Para el modelo de datos (Estandarización), incluye la adopción nativa de Phenopackets y VRS. Como codificación. Se definen estructuras exportables que aseguran compatibilidad semántica con el nodo central• Asimismo, incluye un modelo jerárquico (Organización, Proyecto, Estudio) con normalización automática de variantes bajo estándares HGVS y VRS y mapeo de diagnósticos y enfermedades.• Propone una estrategia de interoperabilidad, basada en un API RESTful y Colas de Mensajes para intercambio HL7/FHIR con SIL y HCE. Incluye el uso de perfiles FHIR específicos (MolecularSequence, Observation) y la integración nativa con nodo central. <p>Se le asigna el rango de Media con 3,3 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none">• Se valora positivamente que presenta un buen nivel de detalle en los aspectos requeridos con un diseño referenciando a GenomeUK.• Por otra parte, se valora negativamente que no se encuentre bien detallada la integración.
--	--

A2. Planificación del proyecto (máximo 5 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en el ciclo de vida del servicio ITIL y metodología SCRUM para desarrollo de integraciones. Fases: Inicio, Ejecución y Devolución Fase 1: Análisis y Diseño: Actividades: Análisis de entorno actual, diseño lógico/físico y Plan del Servicio. Reunión de aprobación. Fase 2: Desarrollo e Integración: Estrategia: Uso de <i>Sprints</i> SCRUM para desarrollar adaptadores para equipos NGS, HCIS/SELENE y Nodo Central. Fase 3: Migración de Datos: Estrategia: Fase específica de apoyo a la migración de datos dispersos en laboratorios y dispositivos de almacenamiento hacia la plataforma unificada. Puesta en Marcha y Formación: Actividades: Despliegue de componentes (OpenShift, MongoDB), parametrización y formación con manuales de usuario y operación Transición y Transferencia: Actividades: Verificación de cumplimiento, entrega de documentación final y manuales actualizados, reunión de cierre y aceptación. Recursos y Equipo: Equipo estándar alineado con el pliego. Roles: Gestor Comercial y Gestores Técnicos. Equipo de soporte y mantenimiento especializado. <p>Se le asigna el rango de Excelente con 5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una propuesta de planificación del proyecto excelentemente detallada.
TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en Scrum (Agile) para desarrollo y PMBOK de PMI para gestión del proyecto. Esto permite flexibilidad en la construcción y rigor en el control de hitos. Fases: Fase 1: Análisis y Diseño: 2 semanas: Consideran que el análisis ya está realizado en los pliegos. Entregable: Plan de Implantación consensuado



	<ul style="list-style-type: none"> • Fase 2: Desarrollo e Integración: Ejecución bajo SCRUM. Recursos: Equipo específico de 3 Expertos Tecnológicos en HL7/FHIR. Foco: Conexión con SIL y HCE mediante mensajería estándar • Fase 3: Migración de Datos: Actividades: Informe de integración y migración final. Método: Definición de conjunto mínimo de datos a migrar priorizando coherencia clínica. • Puesta en Marcha y Formación: 12 semanas. Condición: Los usuarios deben ser "plenamente independientes" antes del cierre. Pruebas: Funcionales, rendimiento y alta disponibilidad • Transición y Transferencia: Devolución del Servicio. Enfoque: Plan de Comunicación para dar visibilidad y asegurar la adopción en la rutina diaria. Objetivo: Independencia total del usuario • Recursos y Equipo: Equipo multidisciplinar. • Roles: Jefe Proyecto, Consultor de Bioinformática, Arquitecto Sistemas, Expertos HL7/FHIR, Especialistas en Datos Genómicos. <p>Se le asigna el rango de Media con 2,5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una planificación del proyecto bien detallada en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente que no se especifique de los recursos técnicos su número o sus características. La oferta incluye tres fases en el proyecto, pero son genéricas y no están bien orientadas para un proyecto de genómica.
UTE ACCENTURE – SCC	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en metodología propia adaptada a la DGSD, con control de riesgos desde el día 1. Permite realizar seguimiento a base de hitos de revisión constante. Fases: • Fase 1: Análisis y Diseño: Semanas 1-6. Actividades: Workstreams Funcional y Técnico paralelos. Diseño de arquitectura híbrida y flujos HL7/FHIR. Entregable: Calendario definitivo y Diseño funcional aprobado • Fase 2: Desarrollo e Integración: Meses 2-5. Estrategia: Desarrollo de conectores basado en su experiencia actual con la plataforma de interoperabilidad del SERMAS. Validación: Cumplimiento ENS Alta y RGPD • Fase 3: Migración de Datos: Estrategia: Clasificación de históricos y ejecución mediante procesos ETL seguros. Matching y reconciliación



	<p>de duplicidades. Entregable: Componentes reutilizables para cargas futuras</p> <ul style="list-style-type: none"> • Puesta en Marcha y Formación: Meses 5-6. Formación: Capacitación a perfiles clínicos, bioinformáticos y técnicos. Hito: Despliegue en producción y migración fina • Transición y Transferencia: Técnicas: <i>Shadowing</i> (observación), <i>Shadowing inverso</i> (práctica tutelada) y grabación de sesiones. Control: Checklist de entrada/salida y gestión de riesgos de transición • Recursos y Equipo: Matriz RACI detallada. Roles: Jefe Proyecto, Consultor Bioinformático, Arquitecto, Técnicos de Integración y Expertos Tecnológicos. <p>Se le asigna el rango de Alta con 4 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una planificación del proyecto muy bien detallada en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque en la planificación a las tareas les falta mayor detalle para cada fase.
T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en un enfoque híbrido: clásico (<i>waterfall</i>) para hitos contractuales y Ágil / DevOps para desarrollo e integración. Para la calidad, se realiza definición de "Quality Gates" por fase. • Fase 1: Análisis y Diseño: Meses 1-2. Actividades: Toma de requisitos y diseño de arquitectura. Entregable: E01.01 Diseño del Sistema y E01.02 Calendario Definitivo. • Fase 2: Desarrollo e Integración: Meses 2-3 (Instalación). Estrategia: Servicios de interoperabilidad con <i>CompuGroup Medical</i>. Uso de TPI Server (Mirth Connect / Apache Kafka) para integración bidireccional • Fase 3: Migración de Datos: Estrategia: Servicio específico en Fase 4. Método: Migración de ficheros a THealthLake y datos estructurados a TKnowledge. Uso de procesos ETL automatizados • Puesta en Marcha y Formación: Mes 6. Enfoque: "Go-Live" controlado con procedimiento de reversión. Preferencia sin cortes de servicio. Hypercare: Estabilización post-arranque activada • Transición y Transferencia: Técnicas: "Plan de Devolución". Metodología Formativa: Rutas de aprendizaje por perfil (usuario final)



	<p>vs técnico) y enfoque ágil (iteraciones cortas con evaluación de resultados).</p> <ul style="list-style-type: none"> • Recursos y Equipo: Estructura: Capa Táctica y Operativa. Roles: Arquitectos de Datos/Sistemas, Bioinformáticos y Científicos de Datos. Asegura 900h por perfil clave. <p>Se le asigna el rango de Media con 2,4 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una planificación del proyecto bien detallada en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque incluye un número de recursos técnicos inferior al de otras ofertas, el Organigrama está menos desarrollado y en la planificación a las tareas les falta mayor detalle para cada fase.
FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en un enfoque ciclo de mejora continua PDCA (Plan-Do-Check-Act) y estándares ISO 9001. Para el seguimiento, se definen comités jerarquizados (Dirección, Ejecutivo, Operativo) por fase. • Fase 1: Análisis y Diseño: 6 semanas Actividades: Kick-off, revisión de planes de prueba y formación. Validación formal de requisitos con la DGSD. • Fase 2: Desarrollo e Integración: 12 semanas (Integración) + 18 semanas (Carga de datos). Actividades: Diseño de interfaces y ejecución de pruebas <i>end-to-end</i> con LIS, HIS y SIGenES • Fase 3: Migración de Datos: 18 semanas Enfoque: Plan de carga de datos genómicos históricos, validación de calidad y aplicación de pseudonimización. • Puesta en Marcha y Formación: 19 semanas (Fase 3). Actividades: Preparación de infraestructura (10 semanas), formación (65 horas asignadas) y estabilización • Transición y Transferencia: Entrega final en Fase 4. Enfoque: Aseguramiento de documentación y capacitación para explotación futura. Soporte: Administración y soporte durante la entrega. • Recursos y Equipo: Detallada con horas. Esfuerzo: Total 6.705 horas. Roles: Incluye perfiles de Seguridad, DevOps/SRE y Centro de Excelencia <p>Se le asigna el rango de Alta con 3,1 puntos por las siguientes consideraciones:</p>



	<ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una planificación del proyecto muy bien detallada en los aspectos requeridos. Por otra parte, se valora negativamente porque no especifican el número de personas en el equipo y en la planificación a las tareas les falta mayor detalle para cada fase.
UTE PLEXUS-ZETTA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A2 Planificación del proyecto:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto la metodología propuesta, el proyecto se encuentra basado en un enfoque Ágil SCRUM con gestión sustentada en una organización en <i>Sprints</i> para entregas parciales y validación continua con el cliente por fase. Fase 1: Análisis y Diseño: 6 semanas Actividades: Semanas 1-4 (Consultoría) y 5-8 (Diseño). Actividades: Levantamiento de requisitos, análisis de GAP y especificación de conversión de datos Fase 2: Desarrollo e Integración Semanas 9-17. Estrategia: Desarrollo de módulo de interoperabilidad específico con serialización FHIR. Integración con SGenES en semanas. Fase 3: Migración de Datos: Semanas 9-15. Detalle: Fase específica para "Migración datos previos". Incluye conversión, normalización y migración de BD de variantes. Validación: Informe de validación Puesta en Marcha y Formación: Semanas 18-24. Actividades: Formación (sem 18-20) y Arranque (sem 21-24). Entregable: Informe de validación y documentación final Transición y Transferencia: Transferencia de conocimiento, entrega de documentación y activos, y firma de actas de finalización Recursos y Equipo: Equipo base + Mejora Roles: Añade un Arquitecto de Datos (50% dedicación) al equipo mínimo exigido. Consultor senior y expertos tecnológicos. <p>Se le asigna el rango de Alta con 3,5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una planificación del proyecto muy bien detallada en los aspectos requeridos. Por otra parte, se valora negativamente porque en la planificación a las tareas les falta mayor detalle para cada fase.

A3. Plan de Calidad

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> El licitador detalla con un nivel excelente el marco metodológico propuesto describiendo el seguimiento de ITIL 4 y de los siguientes estándares ISO 20000, ISO 27001 y ENS Alta para el aseguramiento de la calidad, que se apoya en los procesos de gestión de ANS, de incidencias, del cambio, mejora continua e informes. La entrega del Plan de calidad definitivo está contemplada como entregable dentro de la documentación técnica. Para el seguimiento de ANS propone métricas estructuradas en "Calidad del Servicio" y "Calidad del Producto" e indicadores basados en objetivos y medibles alineados con los ANS del pliego. Para la gestión de desviaciones y medidas correctoras propone acciones correctoras y preventivas incluidas como apartado específico del plan. <p>Se le asigna el rango de Excelente con 3 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una propuesta de Plan de Calidad excelentemente detallado, concretamente el marco metodológico y las métricas de seguimiento.
TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> El licitador propone una metodología alineada con la OSSSI, ENS y RGPD y basadas en auditorías periódicas de accesos y cifrado. La entrega del Plan de calidad definitivo está contemplada como en el plazo de 1 mes desde el inicio del contrato. Para el seguimiento de ANS propone un informe mensual de Niveles de Servicio incluye indicadores como la disponibilidad y tiempos de resolución con reportes automáticos a la DGSD. Gestión de Desviaciones y Medidas Correctoras: Protocolos de actuación inmediata ante desviaciones en umbrales. Objetivo: Mitigar riesgos operativos y asegurar transparencia. Herramientas y Elementos Diferenciales: Énfasis en controles específicos para la integración HL7/FHIR y la calidad del dato normalizado (SNOMED-CT, CIE-10).



	<p>Se le asigna el rango de Baja con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta un Plan de Calidad (aunque es generalista con un nivel bajo de detalle en los aspectos requeridos) Por otra parte, se valora negativamente que dicho plan sea generalista e incluya un nivel bajo de detalle. En el ámbito de este criterio la propuesta es genérica y no menciona ninguna ISO, acreditación o certificación de calidad.
UTE ACCENTURE – SCC	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> El licitador detalla el marco metodológico basado en ITIL 4, PMBOK, CMMI e ISO 9001. Incluye un enfoque dirigido al ciclo de mejora continua PDCA (Plan-Do-Check-Act) con una estructura de Roles definidos (Responsable Calidad, PMO, Director de Proyecto) Entrega del Plan Definitivo: Versión preliminar en 7 días y versión final validada en 1 mes Para el seguimiento de ANS propone la implementación de un cuadro de mando en Power BI con codificación semafórica incluyendo indicadores como TP1 (Tareas), TP2 (Hitos), ET1 (Cobertura bajas), ET2 (Horario), ET3. Gestión de Desviaciones y Medidas Correctoras: Análisis de Causa Raíz y Plan de Acción con evidencias de cierre. Herramientas y Elementos Diferenciales: Cuadro de mando visual (Power BI) simulado en la oferta. Uso de IA para auditoría asistida. Enfoque en transparencia y gestión en tiempo real. <p>Se le asigna el rango de Alta con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una Plan de Calidad muy bien detallado. Por otra parte, se valora negativamente que las acciones correctoras y preventivas no incluyan más detalle.
T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> Marco Metodológico y Estándares: ISO 9001 y metodologías Ágiles. Enfoque: Definición de Quality Gates (QG1-QG5) para validar hitos. Ágil: Uso de <i>Definition of Ready (DoR)</i> y <i>Definition of Done (DoD)</i> por historia de usuario. Entrega del Plan Definitivo: Versión inicial en ≤7 días y completa en ≤1 mes



	<ul style="list-style-type: none"> • Para el seguimiento de ANS propone la implementación de un cuadro de mando integrado con tres tipos de indicadores (uso, rendimiento, calidad) e indicadores tales como porcentaje de actividad genómica canalizada, usuarios activos, disponibilidad y tiempos de resolución. • Gestión de Desviaciones y Medidas Correctoras: Medidas correctoras y escalado definidos en el plan. Gestión: Uso de herramientas como Jira y SonarQube para seguimiento de defectos y análisis estático de código. • Herramientas y Elementos Diferenciales: Concepto de Quality Gates (puertas de calidad) obligatorias para avanzar de fase. Uso de SonarQube (calidad código), Selenium, JMeter. <p>Se le asigna el rango de Media con 1,6 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta un Plan de Calidad bien detallado en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque la propuesta es algo genérica, incluye solo algunos indicadores y delega al SERMAS el desarrollo de los indicadores.
FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Marco Metodológico y Estándares: ISO 9001 y cumplimiento perfil sanitario del ENS. Enfoque: Ciclo PDCA. Gestión de riesgos centrada en integraciones con terceros. Gestión: Proceso formal CAPA (Corrective and Preventive Actions). • Entrega del Plan Definitivo: Elaboración de la primera versión durante la Fase 1.1 (Kick-off). • Para el seguimiento de ANS propone la entrega mensual de informes con KPIs específicos como CQ1 (Éxito integraciones $\geq 95\%$), CQ2 (Calidad datos $\geq 98\%$), CQ3 (Éxito despliegues $\geq 95\%$), CQ4 (Conformidad seguridad $\geq 95\%$) • Gestión de Desviaciones y Medidas Correctoras: Registro y gestión mediante proceso formal CAPA. Validación: Análisis de causa raíz validado en el Comité de Calidad • Herramientas y Elementos Diferenciales: Definición precisa de umbrales cuantitativos (95-98%) para los indicadores de calidad técnica y funcional en la propia oferta. <p>Se le asigna el rango de Media con 1,5 puntos por las siguientes consideraciones:</p>



	<ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta un Plan de Calidad bien detallado en los aspectos requeridos. Por otra parte, se valora negativamente porque la propuesta de calidad es genérica, incluye medidas correctoras muy genéricas y no adecuadas para eventos de falla.
UTE PLEXUS- ZETTA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A3 Plan de Calidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> Marco Metodológico y Estándares: ISO 9001 e ISO 15189 (Calidad en laboratorios médicos). Enfoque: Medición del "uso real" de cada componente. Fases: Definición de indicadores, Instrumentación y Análisis Entrega del Plan Definitivo: No especificado detalle temporal en el extracto, pero se incluye como propuesta en la oferta. Para el seguimiento de ANS propone la definición de indicadores de Uso (IU), Rendimiento (IR) y Calidad (IC) tales como número de accesos, tiempo medio sesión, latencia, porcentaje de análisis sin error. Gestión de Desviaciones y Medidas Correctoras: Proceso de mejora continua para corregir desviaciones y optimizar la prestación. Control: Auditorías internas periódicas Herramientas y Elementos Diferenciales: Enfoque en certificación clínica (ISO 15189) y medición del "uso real" de los componentes para asegurar la adopción. Enfoque en transparencia y gestión en tiempo real. <p>Se le asigna el rango de Alto con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una Plan de Calidad muy bien detallado con métricas e incluye varias ISO.

A4. Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas (máximo 2 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfoque de la Solución: Hub Interoperable: Diseñado para actuar como un concentrador agnóstico que integra variantes sin depender del software de origen. • La plataforma propuesta soporta el formato de VCF Anotado/Curado. Concreta permite la exportación e ingesta de outputs VCF generados por herramientas comerciales de terceros. • Mecanismos de Integración (APIs/Herramientas): Módulo Genérico ETL y Plugins: Dispone de un módulo de ETL con mapeo específico por proveedor. Colaboración activa para integración nativa en 2026 con proveedores clave. • Incluye las siguientes integraciones específicas comerciales: VarSome, Franklin, Alamut, Ion Reporter, SeqOne, Emedgene. • Normalización y Calidad del Dato: Estructuración Automática: Los datos importados se estructuran en el repositorio multimodal permitiendo validación y visualización inmediata • Trazabilidad y Procedencia: Trazabilidad Completa: Registra versiones, parámetros y responsabilidad del análisis importado. Mantiene la identidad genómica origina • Capacidades Adicionales: Integración "Scripting": Permite integrar resultados de scripts a medida o herramientas locales no estandarizadas mediante el flujo de ETL <p>Se le asigna el rango de Excelente con 1,8 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta de excelentemente detallada respecto al soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas. • Por otra parte, se valora negativamente porque mencionan con poco detalle la aplicación de integración.
TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p>



	<ul style="list-style-type: none"> • Presenta propuesta bien detallada en los aspectos requeridos, adaptada de forma suficiente a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente. • Enfoque de la Solución: Hub Interoperable: Diseñado para actuar como un concentrador agnóstico que integra variantes sin depender del software de origen. • La plataforma propuesta soporta el formato de VCF Anotado/Curado. Concreta permite la exportación e ingesta de outputs VCF generados por herramientas comerciales de terceros. • Incluye las siguientes integraciones específicas comerciales: VarSome, Franklin, Alamut, Ion Reporter, SeqOne, Emedgene. • Normalización y Calidad del Dato: Estructuración Automática: Los datos importados se estructuran en el repositorio multimodal permitiendo validación y visualización inmediata • Trazabilidad y Procedencia: Trazabilidad Completa: Registra versiones, parámetros y responsabilidad del análisis importado. Mantiene la identidad genómica original • Capacidades Adicionales: Integración "Scripting": Permite integrar resultados de scripts a medida o herramientas locales no estandarizadas mediante el flujo de ETL <p>Se le asigna el rango de Media con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta un soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas bien detallado en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque no mencionan el sistema de integración.
UTE ACCENTU RE – SCC	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Presenta propuesta muy bien detallada en los aspectos requeridos, con una muy buena adaptación a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente. • Enfoque de la Solución: Hub Interoperable: Diseñado para actuar como un concentrador agnóstico que integra variantes sin depender del software de origen. • Incluye las siguientes integraciones específicas comerciales: VarSome, Franklin, Alamut, Ion Reporter, SeqOne, Emedgene.



	<ul style="list-style-type: none"> La plataforma propuesta soporta el formato de VCF Anotado/Curado. Concreta permite la exportación e ingesta de outputs VCF generados por herramientas comerciales de terceros. Normalización y Calidad del Dato: Estructuración Automática: Los datos importados se estructuran en el repositorio multimodal permitiendo validación y visualización inmediata Trazabilidad y Procedencia: Trazabilidad Completa: Registra versiones, parámetros y responsabilidad del análisis importado. Mantiene la identidad genómica original Capacidades Adicionales: Integración "Scripting": Permite integrar resultados de scripts a medida o herramientas locales no estandarizadas mediante el flujo de ETL <p>Se le asigna el rango de Alta con 1,5 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque el soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas está muy bien detallado. Por otra parte, se valora negativamente porque no nombran especialmente API como mecanismo de integración.
T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p> <ul style="list-style-type: none"> Enfoque de la Solución: Motor de Anotación (TOMIC Engine): Proporciona el soporte de carga garantizando compatibilidad con análisis secundario y terciario externo mediante estándares Formatos Soportados: VCF v4.1 a v4.5: Soporte explícito a versiones actuales que incluyen variantes estructurales (SVs) y CNVs. Admite VCF anotados y sin anotar Mecanismos de Integración (APIs/Herramientas): TPI Server (Airflow): Automatiza la integración. Define pipelines de integración específicos para cada origen. Importación manual disponible desde TPI Request Integraciones Específicas Mencionadas: Plataformas: Franklin, Varsome, enGenome, Illumina Variant Interpreter Normalización y Calidad del Dato: Normalización HGVS: Generación de IDs estándar y transformación de coordenadas (Lift-over) a GRCh38 si el origen es antiguo (GRCh37) Trazabilidad y Procedencia: Trazabilidad Completa: Custodia en TCatalog: Almacena el origen de la información (plataforma externa utilizada) y los ficheros originales junto a los metadatos del caso clínico.



	<ul style="list-style-type: none"> • Capacidades Adicionales: Re-anotación: Una vez insertadas, las variantes externas pueden ser re-anotadas y enriquecidas con fuentes internas (TBioBytes) <p>Se le asigna el rango de Media con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta un soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas bien detallado en los aspectos requeridos. • Por otra parte, se valora negativamente porque la propuesta parece estar cerrada y solamente contempla especialmente vcf de plataformas cerradas.
FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfoque de la Solución: Enfoque Agnóstico y Microservicios: Aborda la integración apoyándose en estándares y una arquitectura de microservicios para no imponer dependencias. • Formatos Soportados: VCF Anotado: Carga de variantes en formatos estándar identificando su procedencia. • Mecanismos de Integración (APIs/Herramientas): Microservicios RESTful: Traducen solicitudes estándar a APIs específicas de terceros, manejando autenticación y transformación • Integraciones Específicas Mencionadas: APIs Específicas: Varsome, Alamut, SeqOne • Normalización y Calidad del Dato: Estandariza datos de múltiples laboratorios asegurando disponibilidad para análisis clínicos. • Trazabilidad y Procedencia: Mantenimiento de un historial auditable y control de versiones de las variantes cargadas • Capacidades Adicionales: Sample Coordinator: Módulo específico que gestiona la transferencia de metadatos y archivos entre módulos garantizando consistencia <p>Se le asigna el rango de Excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta de excelentemente detallada respecto al soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas.
UTE PLEXUS- ZETTA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A4 Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas:</p>

- **Enfoque de la Solución: Ingesta y Normalización Rigurosa:** Se centra en convertir datos heterogéneos en un Modelo de Datos Estandarizado para evitar duplicidades y permitir consenso.
- **Formatos Soportados: VCF y gVCF:** Soporte estándar. Además, admite carga de tecnologías **NGS, Sanger y Microarrays (array-CGH)**
- **Mecanismos de Integración (APIs/Herramientas): Sistema de Plugins Configurables:** Arquitectura abierta diseñada para interactuar con herramientas externas en fases de análisis y pre-análisis
- **Integraciones Específicas Mencionadas:** No lista marcas comerciales específicas en el extracto, pero destaca integración con **SIGenES** y enriquecimiento privado.
- **Normalización y Calidad del Dato: Consenso de Pipelines:** Capacidad única de agregar resultados de múltiples programas para obtener un consenso y anotar discrepancias entre pipelines
- **Trazabilidad y Procedencia: Trazabilidad de la Heterogeneidad:** La base de datos soporta integralmente la carga de heterogeneidad biológica (germinal/somática) con trazabilidad
- **Capacidades Adicionales: Doble Índice:** Base de datos con modelo distribuido optimizado para operaciones complejas sobre billones de registros

Se le asigna el **rango de Excelente con 2 puntos** por las siguientes consideraciones:

- Se valora **positivamente** porque presenta una propuesta de excelentemente detallada respecto al soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas.

A5. Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas (máximo 2 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia y Herramientas de Migración: Utiliza los mecanismos nativos de Genomcore BIMS. Procedimiento: Define la migración como un elemento esencial para consolidar la información en la base de datos única. Si los datos están en herramientas externas, aplica los métodos de integración vía API/ETL descritos en el apartado A.4. Enfoque: Estrategia garantista de seguridad y calidad sin afectar la actividad asistencial • Normalización y Calidad del Dato: La estrategia garantiza que el proceso se realice con máximos niveles de calidad. Se apoya en la capacidad de la plataforma para homogeneizar datos de diferentes orígenes • Gestión de Conflictos y Duplicidades: Al basarse en el motor de BIMS, la detección de duplicados es intrínseca al proceso de carga en la base de datos centralizada, gestionando la identidad del dato importado frente al existente. • Trazabilidad y Contexto Clínico: Garantiza la preservación de la trazabilidad histórica y las anotaciones curadas. La migración incluye el histórico de variantes ya clasificadas. • Reutilización de Componentes: La estrategia asegura un servicio eficiente que servirá de base para la consolidación futura • Elementos Diferenciales: Menciona la experiencia conjunta de EDNON y Genomcore. Cita explícitamente proyectos de migración similares en plataformas autonómicas como SACyL, Osakidetza y CatSalut. <p>Se le asigna el rango de Media con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta bien detallada con la descripción del Plan técnico respecto la capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas. • Por otra parte, se valora negativamente porque no indican el detalle del software que van a usar.
TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia y Herramientas de Migración: Módulos de Genomcore BIMS. Procedimiento: Propone un "Estudio pormenorizado" inicial del



	<p>estado de los datos, volumen (estimado en 140TB) y fuentes. Define la migración no solo como carga, sino como "curación y normalización activa. Fases: Análisis de tipos de archivo (FASTQ, BAM, VCF) y definición de requisitos técnicos</p> <ul style="list-style-type: none"> • Normalización y Calidad del Dato: El enfoque se centra en la "curación y normalización activa", asegurando que el conocimiento acumulado mantenga su valor clínico y legal al integrarse en el nuevo ecosistema. • Gestión de Conflictos y Duplicidades: El estudio inicial evalúa el grado de integridad de los registros históricos. El proceso de importación está diseñado para identificar y gestionar la redundancia de datos provenientes de arquitecturas multicéntricas. • Trazabilidad y Contexto Clínico: Incluye el análisis de la trazabilidad clínica y analítica existente, así como la revisión de integraciones necesarias para vincular los datos históricos a los pacientes a través del SIL y sistemas corporativos. • Reutilización de Componentes: Los procesos de ingesta desarrollados para la migración se entregarán como componentes reutilizables, permitiendo a la DGSD usarlos para cargas prospectivas futuras. • Elementos Diferenciales: Destaca la amplia experiencia de Telefónica y Genomcore en migraciones complejas para SACyL, Osakidetza y CatSalut, donde se integraron datos NGS y registros clínicos de arquitecturas similares a la del SERMAS. <p>Se le asigna el rango de Media con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta bien detallada con la descripción del Plan técnico respecto la capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas. • Por otra parte, se valora negativamente porque no indican el detalle del software que van a usar.
UTE ACCENTURE – SCC	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia y Herramientas de Migración: Procesos ETL (Extract, Transform, Load) seguros y controlados configurados en BIMS. Procedimiento: Despliegue gradual de procesos ETL que incorporan validaciones automáticas de estructura y verificación de checksums. Seguridad: Ejecución en entornos segregados y cifrado extremo a extremo durante la migración. • Normalización y Calidad del Dato: Los procesos de ingesta incluyen validaciones de correspondencia de entidades. Se establece un "conjunto mínimo de datos a migrar" consensuado con la DGSD para

	<p>asegurar la coherencia entre información clínica, genética y bioinformática.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Gestión de Conflictos y Duplicidades: La metodología incluye la validación de estructura para evitar inconsistencias. Los procesos están diseñados para evitar la duplicación de esfuerzos y datos, asegurando la integridad de los metadatos asociados. • Trazabilidad y Contexto Clínico: Se garantiza la preservación completa de la trazabilidad histórica y la integridad de los metadatos asociados a las variantes clínicas ya clasificadas importadas. • Reutilización de Componentes: Idéntico a Telefónica. Los procesos de ingesta se entregan como componentes reutilizables para evitar duplicación de esfuerzos en cargas futuras. • Elementos Diferenciales: Aunque detalla la metodología técnica, en este apartado específico se centra más en la descripción del proceso ETL y la seguridad, aludiendo a la experiencia general de la plataforma en el sector público. <p>Se le asigna el rango de Media con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta bien detallada con la descripción del Plan técnico respecto la capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas. • Por otra parte, se valora negativamente porque no indican el detalle del software que van a usar.
T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia y Herramientas de Migración: Procesos ETL automatizados vía TPI Server (componente Nifi/Airflow). Herramientas: Tareas automatizadas para extraer de SQL, Excel o texto, transformando a JSON estructurado para cargar mediante TOmic Engine. • Normalización y Calidad del Dato: Normalización HGVS obligatoria. Diferencial: Automatización de "Lift-over" (conversión de coordenadas) para transformar variantes históricas referenciadas en genomas antiguos (GRCh37) al estándar actual (GRCh38). Validación contra ENSEMBL/RefSeq • Gestión de Conflictos y Duplicidades: Lógica específica ante duplicados: Si no hay clasificación previa, se añade. Si existe y es diferente, se notifica la discordancia al centro. Permite establecer criterios de consenso de patogenicidad propios para resolver discordancias entre hospitales.



	<ul style="list-style-type: none"> • Trazabilidad y Contexto Clínico: Incluye identificador único por fuentes de procedencia (cada hospital tiene un ID) y versión específica de la clasificación importada. Preserva la patogenicidad original y el fenotipo asociado en el atributo "annotation". • Elementos Diferenciales: Capacidad de Lift-over automático (conversión de coordenadas genómicas entre versiones), crucial para datos históricos antiguos (GRCh37) <p>Se le asigna el rango de excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta de excelentemente detallada respecto a la Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas Detallan el software que van a usar, así como un Plan técnico bien documentado.
FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia y Herramientas de Migración: Consolidación mediante herramientas bioinformáticas estándar. Herramientas: Uso de Hail, bcftools y htlib. Planificación: Define una Fase 2.2 específica de 18 semanas dedicada exclusivamente a "Carga e incorporación de datos" con entregables de validación • Normalización y Calidad del Dato: Normalización y agregación manteniendo la identidad genómica. Enfoque en mantener la integridad sin pérdida de contexto clínico mediante procesos incrementales. • Gestión de Conflictos y Duplicidades: Menciona explícitamente el "control de conflictos" y la agregación para garantizar la calidad, asegurando que la incorporación de nuevos repositorios no afecte a los datos existentes. • Trazabilidad y Contexto Clínico: Mantiene el histórico de interpretaciones clínicas y la identidad genómica original. Asegura la disponibilidad de la información para explotación histórica. • Elementos Diferenciales: Estándares Open Source: Uso de herramientas estándar de la comunidad científica (Hail) y una fase de proyecto (Fase 2.2) con carga horaria específica y muy detallada para esta tarea <p>Se le asigna el rango de baja con 0,5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta generalista con un nivel bajo de detalle respecto a la capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas.

	<ul style="list-style-type: none"> Por otra parte, se valora negativamente porque indican el software a utilizar, pero no especifican ni entran en el detalle en la descripción del Plan técnico.
UTE PLEXUS- ZETTA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A5 Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas:</p> <ul style="list-style-type: none"> Estrategia y Herramientas de Migración: Curación activa mediante módulo especializado CVDB (Clinical Variant Database). Herramientas: Servicios de ingesta programática (API RESTful) y ETLs para migrar desde SQL, Excel o texto sin duplicar los VCF originales (indexación inteligente). Normalización y Calidad del Dato: Normalización sintáctica bajo estándar HGVS y representación computable VRS (GA4GH) durante la importación. Garantiza compatibilidad con el modelo lógico Phenopackets v2.0 de SIGenES Gestión de Conflictos y Duplicidades: El módulo CVDB incluye detección de duplicidades y gestión de versiones como funcionalidad nativa. Asegura la coherencia semántica con el modelo lógico de SIGenES. Trazabilidad y Contexto Clínico: Mantiene el contexto clínico completo y las anotaciones asociadas mediante la indexación en CVDB. Vincula la variante a los informes clínicos originales sin duplicar datos brutos Elementos Diferenciales: Enfoque en la "Curación Activa" e indexación inteligente (CVDB) para no duplicar almacenamiento físico de VCFs, solo metadatos clínicos <p>Se le asigna el rango de excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente porque presenta una propuesta de excelentemente detallada respecto a la Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas, detallan el software que van a usar, así como un Plan técnico bien documentado.

A6. Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR (máximo 5 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A6 Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto la estrategia de interoperabilidad con el nodo central de SIGenES, se destaca la integración nativa al contar con el fabricante del nodo central. Actúa como nodo autonómico que normaliza datos locales y los sincroniza con la Base de datos Nacional de Variantes (BNV). Implementa servicios de anotación programática para usar el nodo central como fuente de evidencia externa. Respecto los estándares Internacionales, se describe el cumplimiento de la especificación GA4GH (Phenopackets v2.0 -modelo de datos nativo, VRS -identificación unívoca de variantes-, VA-SPEC -anotaciones- y Beacon v2), del estándar HL7 FHIR R4 -para intercambio con HIS- y, respecto las ontologías, uso estricto de HPO, SNOMED-CT, CIE-10 y HGNC para codificación semántica. Para la Integración con HCE y SIL, propone una integración mediante API, mensajería HL7 v2.x y FHIR. Enumera los mismos SIL objetivo (Servolab, Modulab, GestLab, Openelis, ATOM-Roche) y HCE (HCIS, SELENE). Contempla el uso de motores de integración corporativos o el despliegue de Mirth Connect si fuera necesario. Respecto la normalización semántica se detalla el uso nativo de las siguientes terminologías: HPO -para codificación del fenotipo-, LOINC y SNOMED-CT -para pruebas diagnósticas, muestras y descriptores, CIE-10 -para diagnósticos-, MONDO y ORPHA -para enfermedades raras y hereditarias- con declaración de versiones en metadatos para trazabilidad y validación mediante un motor semántico que aplica equivalencias y rechaza registros inválidos antes del envío. De forma adicional, la clasificación de variantes sigue las guías ACMG/AMP y las consecuencias funcionales son descritas mediante Sequence Ontology. <p>Se le asigna el rango de excelente con 5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente el excelente detalle de la estrategia de interoperabilidad con el nodo central de SIGENES basada en el producto Genomcore BIMS, el posible uso adicional del motor Mirth Connect y el cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR.



TELEFÓNICA

Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de **A6 Interoperabilidad con SIGENES** y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:

- Respecto la estrategia de **interoperabilidad con el nodo central** de SIGENES, se destaca la integración nativa al contar con el fabricante del nodo central. Se asegura compatibilidad estructural y semántica desde el primer día y permite la publicación de variantes informadas/curadas y la consulta de la BNV durante el proceso diagnóstico para enriquecimiento.
- Respecto el cumplimiento de **estándares Internacionales** el licitador describe la satisfacción de la especificación GA4GH (Phenopackets v2.0, VRS, VA-SPEC. Beacon - para consultas de presencia/ausencia), con el estándar HL7 FHIR R4/R5 y el uso de recursos MolecularSequence y GenomicStudy,
- Para la **Integración con HCE y SIL**, propone el uso nativo de HL7 v2.x (en formato ER7) y FHIR. Enumera los SIL soportados (Servolab, Modulab, GestLab, ATOM-Roche) y HCE (HCIS, SELENE)
- Para la **integración con HCE y SIL**: Detalla la integración mediante HL7 v2.x (ER7) y FHIR, enumerando explícitamente la compatibilidad con los SIL del SERMAS: Servolab, OpenLab, Modulab, Infinity, GestLab, OpenLis y el Gestor de Peticiones TPNI, proponiendo integración directa o vía bus corporativo.
- Respecto la **normalización semántica** se detalla el uso del módulo de interoperabilidad que realiza la serialización a FHIR/Phenopackets y valida la coherencia clínica (ej. variante-fenotipo). De esta forma, normalización garantiza que los datos locales sean 100% compatibles con el modelo lógico de la BNV mediante procesos de transformación automática.

Se le asigna el **rango de excelente con 4,5 puntos** por las siguientes consideraciones:

- Se valora **positivamente** el excelente detalle de la estrategia de interoperabilidad con el nodo central de SIGENES basada en el producto de Genomcore BIMS y el cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR.
- Por otra parte, se valora **negativamente** que no se detallen varios posibles motores de integración basados en la tecnología Mirth.

<p>UTE ACCENTURE – SCC</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A6 Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia de Conexión con Nodo Central SIGenES: Integración Nativa: Destaca que Genomcore es el desarrollador del Nodo Central SIGenES para el Ministerio, garantizando alineación total "desde el diseño". Mecanismo: Sincronización federada mediante API RESTful segura (HTTPS, JSON, OAuth 2.0). Soporta envíos unitarios/lote (POST/PUT) y consulta en tiempo real (GET) de variantes • Respecto el cumplimiento de estándares Internacionales el licitador describe la satisfacción de la especificación GA4GH (Phenopackets v2.0, VRS, y VA-SPEC), del estándar HL7 FHIR R4 y respecto las ontologías, uso de HPO, SNOMED-CT, LOINC, MONDO y HGNC. • Integración con HCE y SIL: Pone en valor su presencia actual gestionando la Plataforma de Interoperabilidad del SERMAS (HealthShare/Onesait). Flujos: Diseña flujos HL7 v2.x y FHIR reutilizando patrones corporativos ya consolidados para HCIS, SELENE y los distintos SIL. • Normalización Semántica y Terminologías: Terminologías: Validación semántica y estructural en origen antes del envío. Asegura el cumplimiento de reglas de negocio de SIGenES (ej. uso de HGVSc). Normalización: Mapeo automático de entidades locales a terminologías estándar (CIE-10, HPO) para evitar rechazos en el nodo central <p>Se le asigna el rango de excelente con 4,5 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente el excelente detalle de la estrategia de interoperabilidad con el nodo central de SIGENES basada en el producto de Genomcore BIMS y el cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR. • Por otra parte, se valora negativamente que no se detallen varios posibles motores de integración basados en la tecnología Mirth.
------------------------------------	---

<p>T-SYSTEMS</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A6 Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto la estrategia de interoperabilidad con el nodo central de SIGenES, el licitador describe que TKnowledge actúa como repositorio centralizado que sincroniza (read-write) con la Biblioteca Nacional. Como mecanismo, se utiliza TPI Server para orquestar la comunicación. La participación activa en los grupos de trabajo del Ministerio asegura el alineamiento. • Cumplimiento de Estándares Internacionales: GA4GH: Soporte completo de Phenopackets v2.0, VRS, VA-Spec y Beacon para descubrimiento federado. HL7: Soporte de FHIR R4/R5 y htsgget/refget para recuperación eficiente de datos masivos (BAM/CRAM) • Para la Integración con HCE y SIL, propone utilización del motor TPI Server, basado en Mirth Connect y Apache Kafka para integrarse nativamente con los SIL (Servolab, Gestlab, etc.) vía HL7 v2.5 ER7 y con la HCE vía FHIR. Asimismo, como factor diferencial, realiza la integración con Data Lake Corporativo (Cloudera) para ingesta/consulta masiva. • Normalización Semántica y Terminologías Validación en Origen: Garantiza cumplimiento de restricciones semánticas de SIGenES antes de enviar. Ontologías: HGNC, HPO, GENO, SNOMED-CT. Uso del Ontology Server corporativo del SERMAS <p>Se le asigna el rango de alta con 4 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta propuesta muy bien detallada respecto la Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR. • Por otra parte, se valora negativamente que no se detalle el mecanismo de coordinación con el nodo central SIGENES.
-------------------------	---



FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A6 Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia de Conexión con Nodo Central SIGenES: Adaptación a API Phenopackets: La solución se adapta plenamente a la API definida para SIGenES como mecanismo estándar. Mecanismo: Servicios RESTful sobre HTTPS con JSON y OAuth 2.0. Soporta gestión individual y masiva (batch) de estudios- • Cumplimiento de Estándares Internacionales: GA4GH: Implementación de Phenopackets v2.0 y VRS v2.0 integrados en el modelo de datos20. HL7: Modelado FHIR específico utilizando el perfil Genomic Report que vincula DiagnosticReport, Specimen y Observation • Integración con HCE y SIL: Módulo de Interoperabilidad: Estrategia dual. Opción 1: HL7 v2.x (mensajes QRY/ORU) para entornos tradicionales. Opción 2: API RESTful FHIR para consultas granulares (<i>Patient, Observation</i>) en sistemas modernos. • Normalización Semántica y Terminologías Validación en Origen: Arquetipos Clínicos: Uso de modelos de datos estándar (VA-Spec, Beacon Friendly Format) alineados con GA4GH. Codificación: Mapeo de campos descriptivos de variantes y genes según estándares HGVS y HGNC. <p>Se le asigna el rango de media con 2,1 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta propuesta bien detallada respecto la Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR. • Por otra parte, se valora negativamente porque no detallan coordinación con nodo central SIGENES.
---------	--

<p>UTE PLEXUS-ZETTA</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A6 Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estrategia de Conexión con Nodo Central SIGenES: Nodo Autónomo: Modelo "Doble Carril": 1. Consulta Inmediata: Vía protocolo Beacon v2 para ver presencia de variantes en tiempo real. 2. Envío Transaccional: Envío automatizado de Bundles FHIR al cierre del informe. Flexibilidad: API evolutiva basada en microservicios • Cumplimiento de Estándares Internacionales: GA4GH: Modelo lógico basado en Phenopackets v2.0 y VRS. Integración de Beacon v2 (cliente/servidor). HL7: Uso de FHIR R5 (recursos MolecularSequence y GenomicStudy) y soporte HL7 v2.x heredado • Integración con HCE y SIL: Motor Apache Camel: Framework con >352 conectores para orquestar flujos complejos entre SIL y HCE29. Protocolos: HL7 v2.x con Segmentos-Z para datos propietarios y FHIR R5 para genómica compleja. • Normalización Semántica y Terminologías Validación en Origen: Mapeo Automático: Módulo de mapeo de entidades (<i>Diagnóstico, Enfermedad</i>) a terminologías estándar (CIE-10, HPO, SNOMED). Servidor Terminológico: SaaS avanzado con algoritmos de PLN (Procesamiento Lenguaje Natural) para codificación automática. <p>Se le asigna el rango de media con 2,1 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta propuesta bien detallada respecto la Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR. • Por otra parte, se valora negativamente porque no incluyen el soporte de la ontología de enfermedades MONDO y además necesita desarrollos adicionales para la integración con el nodo central SIGENES.
-------------------------	--

A7. Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos (máximo 2 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.</p> <ul style="list-style-type: none"> Respecto los mecanismos de auditoría y logs, el licitador propone una auditoría integral que abarca aspectos técnicos y coherencia clínica. Implementa control granular de acceso y registro de actividades con separación de roles utilizando logs estructurados. Autenticación y roles definidos para gobernanza distribuida Para la trazabilidad de herramientas bioinformáticas, el licitador propone un registro histórico de herramientas. Cada ejecución se asocia a un ID único y almacena automáticamente la versión del pipeline, parámetros y versiones de herramientas para reconstrucción futura. Respecto el control de versiones de Informes, la oferta propone un historial íntegro de anotaciones y decisiones. Ante reevaluaciones, no se sobrescribe el dato, sino que se genera nueva versión para ver la evolución del diagnóstico. Para la gestión de cambios en Variantes (Reanálisis), propone diferenciación entre información experimental (informe estático) e información teórica (viva). Motor de anotación automático para actualizaciones periódicas (ClinVar, GnomAD). Para el cumplimiento normativo y de seguridad, propone controles alineados con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD. También incluye soporte a requisitos de acreditación ISO 15189 (estándar de calidad de laboratorios), ISO 13485 (calidad clínica) y marcado CE-IVDR (en proceso) Ejemplos Incluidos en la Oferta: Menciona la capacidad de reconstruir cómo se generó una variante meses o años después. <p>Se le asigna el rango de Excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente que la propuesta se encuentra excelentemente detallada respecto el soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos y con una muy buena adaptación a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.



TELEFÓNICA	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto los mecanismos de auditoría y logs, el licitador propone un registro exhaustivo de interacciones (cargas, actualizaciones, cambios de permisos) utilizando el módulo "Event Logger" basado en Logstash y Elasticsearch con visualización en Kibana para inspección masiva de logs e incidencias técnicas. • Para la trazabilidad de herramientas bioinformáticas, el licitador propone la persistencia de ID único por ejecución con registro de metadatos exactos. Como ejemplo específico, cita explícitamente el registro de versiones como: BWA 0.7.17, GATK 4.3, VEP 109 y hashes de integridad de ficheros FASTQ. • Respecto el control de versiones de Informes, la oferta propone que los informes se almacenen como objetos inmutables. Si hay reclasificación, se genera una nueva versión manteniendo el histórico accesible. • Para la gestión de cambios en Variantes (Reanálisis), propone una capacidad de reanotación periódica. Distingue entre la "observación" ligada a un informe y el conocimiento "vivo" y detecta cambios en bases externas. • Para el cumplimiento normativo y de seguridad, propone controles alineados con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD. También incluye soporte a requisitos de acreditación ISO 15189 (estándar de calidad de laboratorios), ISO 13485 (calidad clínica) y marcado CE-IVDR (en proceso) • Ejemplos incluidos en la Oferta: Incluye el ejemplo de un caso de cáncer hereditario donde una variante BRCA2 c.5946delT cambia de VUS a Probablemente Patogénica, demostrando el control de versiones. <p>Se le asigna el rango de Excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente que la propuesta se encuentra excelentemente detallada respecto el soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos y con una muy buena adaptación a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.
------------	--



<p>UTE ACCENTURE – SCC</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto los mecanismos de auditoría y logs, el licitador propone un exhaustivo de ejecuciones mediante un motor de tareas y la auditoría de accesos y transacciones basada en el módulo Event Logger del stack ELK (Elasticsearch, Logstash, Kibana) para monitorización de infraestructura y detección de incidencias técnicas. • Para la trazabilidad de herramientas bioinformáticas, el licitador propone la persistencia de ID único por ejecución con registro de metadatos exactos. Como ejemplo específico, cita explícitamente el registro de versiones como: BWA 0.7.17, GATK 4.3, VEP 109 y hashes de integridad para garantizar reproducibilidad forense. • Respecto el control de versiones de informes, la oferta propone un modelo de objetos inmutables y mantener el histórico completo sin sobrescribir contenido anterior ante nuevas evidencias o anotaciones. • Para la gestión de cambios en Variantes (Reanálisis), propone un sistema de reanotación automatizado y configurable. Detecta cambios en clasificaciones de referencia (ej. SGenES, ClinVar) y puede desencadenar alertas o procesos de revisión. • Para el cumplimiento normativo y de seguridad, propone controles alineados con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD. También incluye soporte a requisitos de acreditación ISO 15189 (estándar de calidad de laboratorios), ISO 13485 (calidad clínica) y marcado CE-IVDR (en proceso) • Ejemplos Incluidos en la Oferta: Describe el mismo ejemplo detallado de la variante BRCA2 c.5946delT (VUS -> Probablemente Patogénica) para ilustrar la coexistencia de versiones del informe <p>Se le asigna el rango de Excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente que la propuesta se encuentra excelentemente detallada respecto el soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos y con una muy buena adaptación a la problemática de los componentes del ámbito de aplicación del expediente.
------------------------------------	---



T- SYSTEMS

Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de **A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos**.

- Respecto los mecanismos de **auditoría y logs**, el licitador propone la generación de eventos de auditoría utilizando el estándar FHIR AuditEvent (perfil ATNA). Incluye el envío de eventos a la Plataforma Transversal de la DGSD mediante la solución Apache Kafka, garantizando supervisión externa corporativa.
- Para la **trazabilidad de herramientas bioinformáticas**, el licitador propone la utilización del componente TCatalog que actúa como repositorio maestro de metadatos, gestionando el linaje del dato (provenance / chain-of-custody) desde el dato crudo (rawdata) en THealthLake hasta el informe final.
- Respecto el **control de versiones de informes**, la oferta propone registrar en TCatalog documentos estructurados registrados con firma digital PAdES. El gestor de casos permite crear, editar y restaurar versiones anteriores de interpretaciones.
- Para la **gestión de cambios en Variantes (Reanálisis)**, propone una Vigilancia Automática utilizando el motor TOMIC Engine que detecta cambios en la clasificación (ej. VUS → Patogénica) al cruzar datos con nuevas versiones de fuentes externas. Asimismo, genera alertas clínicas automáticas al SCAA (Sistema de Alertas) modeladas como recursos FHIR DetectedIssue.
- Para el **cumplimiento normativo** y de seguridad, propone controles alineados con las certificaciones de seguridad (ENS Alto, ISO 27001, ISO 27017 e ISO 27018), protección de datos RGPD. También incluye soporte a requisitos de acreditación ISO 15189 (estándar de calidad de laboratorios). Tanto la certificación de la ISO 13485 (calidad clínica) como el marcado CE-IVDR se encuentran en proceso. Asimismo, se propone la utilización del estándar ATNA (Audit Trail and Node Authentication) para garantizar la trazabilidad legal y técnica del acceso al dato.
- **Ejemplos Incluidos en la Oferta:** Alertas FHIR: Describe el flujo de una variante re-clasificada que dispara una alerta FHIR RiskAssessment al sistema central del SERMAS

Se le asigna el **rango de Excelente** con **1,8 puntos** por las siguientes consideraciones:

- Se valora **positivamente** porque presenta una propuesta excelentemente detallada respecto al soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.
- Por otra parte, se valora **negativamente** porque solamente indica como referencia el ISO15189 en su ámbito, ya que la certificación de la ISO13485 se encuentra en proceso.



FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto los mecanismos de auditoría y logs, el licitador propone la utilización de logs segmentados con una estructura de logs diferenciada en tres niveles: 1. Auditoría de Datos: Registro inmutable de acceso/modificación (quién, cuándo, qué). Logs Técnicos: Cambios de configuración y backups. 3. Logs Bioinformáticos: Metadatos de pipelines para asegurar la autoría del diagnóstico • Respecto la trazabilidad de herramientas bioinformáticas, el licitador propone asocia cada resultado a un ID único de versión del pipeline. Para ello, registra la versión exacta de cada pieza de software (ej. <i>BWA 0.7.17</i>, <i>GATK 4.2</i>) y el entorno de hardware utilizado, garantizando que el análisis pueda reproducirse años después en condiciones idénticas. • Respecto el control de versiones de informes, la oferta propone mantener un registro completo de la generación de informes con el objetivo de poder reconstruir qué evidencia clínica existía en el momento de la firma para justificar decisiones pasadas ante auditorías externas • Para la gestión de cambios en Variantes (Reanálisis), propone mantener un histórico de clasificaciones de variantes. Describe escenarios donde una auditoría revisa un cambio de clasificación, demostrando mediante logs quién realizó la reclasificación y bajo qué evidencia clínica (fecha Z). • Para el cumplimiento normativo y de seguridad, sigue el paradigma de Security by Design y el DevSecOps. Asimismo, cumple con el ENS, RGPD y soporte específico para los requisitos de trazabilidad de la norma de calidad ISO 15189 para laboratorios médicos. • Ejemplos Incluidos en la Oferta: Incluye ejemplos concretos: "Escenario de Reproducibilidad" (bioinformático solicita info de pipeline antiguo) y "Escenario de Calidad Asistencial" (auditoría de cambio de clasificación) <p>Se le asigna el rango de Baja con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora negativamente que la propuesta sea extremadamente generalista, y con un detalle muy bajo de las herramientas propuestas.
---------	--

<p>UTE PLEXUS- ZETTA</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A7 Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Respecto los mecanismos de auditoría y logs, el licitador propone una auditoría Multinivel al definir 4 niveles de auditoría: 1. Sistema: Logs de componentes API/Web. 2. Funcional (Clínica): Vinculación con la Historia Clínica (HES). 3. Orquestación: Trazabilidad técnica vía Apache Airflow. 4. Calidad: Revisión por comité interno. • Para la trazabilidad de herramientas bioinformáticas, el licitador propone la orquestación de los flujos de trabajo con Apache Airflow, con ello gestiona y registra la versión exacta de las herramientas de análisis utilizadas en cada ejecución. De esta forma, se permite la reproducción exacta del proceso de análisis que generó las variantes. • Respecto el control de versiones de informes, la oferta propone mantener la Historia Clínica Electrónica (HES) como Maestro. Se delega el versionado oficial en la HES. Incluye el envío del reporte final vía HL7 FHIR R4, asegurando que la versión oficial clínica es la que reside en el expediente del paciente • Para la gestión de cambios en Variantes (Reanálisis), propone una gestión del historial de cambios de interpretación local ("ClinVar Propia"). Respecto el versionado, cita explícitamente el control de versiones de clasificación (ej. "V1.0" vs "V1.1 Actualizada"), preservando la trazabilidad histórica de la evolución del diagnóstico • Para el cumplimiento normativo y de seguridad, detalla el cumplimiento del ENS nivel Alto y RGPD con auditoría de calidad periódica y el diseño para cumplir con ISO 15189 (reproducibilidad). <p>Se le asigna el rango de excelente con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente que esté excelentemente detallada respecto al soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.
---	--

A.8. Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico (máximo 3 puntos)

Licitador	Descripción de la valoración
EDNON	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A8 Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.</p> <ul style="list-style-type: none"> El licitador propone la integración con el portal de control del módulo Tasks de la plataforma Genomcore BIMS, Para la monitorización en Tiempo Real (Cómputo) propone una visión Centralizada con supervisión continua del estado operativo, utilizando métricas como visualización de consumo de CPU y memoria por tarea. Respecto las colas, se propone la visualización directa de colas de ejecución y balanceo de carga para detectar saturación. Para la gestión y control del almacenamiento del dato genómico: Gestión de Volúmenes: Revisión y validación de uso de volúmenes. Ficheros: Muestra tamaño de directorios y ficheros generados. Alertas: Umbrales de aviso por agotamiento de recursos. Para la trazabilidad de flujos y logs, se propone la representación exhaustiva de cada análisis (pasos, versiones, parámetros) para la auditoría el registro automático de versiones de herramientas, contenedores y rutas de ficheros. Para los Informes de Actividad, se propone el uso de la herramienta Stack ELK y la centralización de errores mediante un sistema de monitorización integrado (Elasticsearch, Logstash, Kibana) que permite la inspección masiva de logs. Respecto las evidencias y capturas, el licitador hace referencia a la inclusión de capturas de pantalla de las "Tareas lanzadas" mostrando estados. <p>Se le asigna el rango de EXCELENTE con 3 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> Se valora positivamente que presente una propuesta excelentemente detallada respecto a la integración con un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico. Además, permite que se pueda configurar a cualquier sistema de monitorización.



TELEFÓNICA

Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de **A8 Integración de un portal de control** y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.

- El licitador propone la integración con el **portal de control** del módulo URE - Entorno de Ejecución Unificado- de la plataforma Genomcore BIMS,
- Para la **monitorización** en Tiempo Real (Cómputo) propone una Interfaz Visual intuitiva (parte del módulo URE) realizando una gestión automática de recursos de ejecución (on-premise/cloud) optimizando el rendimiento.
- Para la gestión y control del **almacenamiento** del dato genómico se propone que se realice a través de la gestión de Datos ((Unified Multimodal Datastore - UMD) con visualización de rutas, tamaños y permisos diferenciados por proyecto. Como funcionalidad aporta la capacidad de descargar o renombrar archivos intermedios y finales desde la interfaz.
- Para la **trazabilidad** de flujos y logs, cada ejecución se asocia a muestras, archivos fuente y parámetros específicos. Asimismo, se incluye la generación de un registro completo del proceso para su trazabilidad por cada instancia lanzada.
- Para los **Informes de Actividad**, se propone el uso del módulo Event Logger (Logstash) conectado a Elasticsearch y Kibana para auditoría y monitorización (visible en diagrama de arquitectura).
- Respecto las **evidencias y capturas**, se incluyen diagramas de la arquitectura y capturas del interfaz de usuario profesional (Genomcore Biomed) y dashboard de aplicaciones

Se le asigna el **rango de EXCELENTE con 3 puntos** por las siguientes consideraciones:

- Se valora **positivamente** que presente una propuesta excelentemente detallada respecto a la Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico. Además, permite que se pueda configurar a cualquier sistema de monitorización.



UTE
ACCENTURE
– SCC

Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de **A8 Integración de un portal de control** y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.

- El licitador propone la integración con el **portal de control** del módulo Tasks de la plataforma Genomcore BIMS.
- Para la **monitorización** en Tiempo Real (Cómputo) propone una visión Centralizada con supervisión continua del estado operativo y en tiempo real del estado de la infraestructura, utilizando métricas como desglose de consumo de CPU y memoria por tarea. Respecto las colas, se propone la visualización de colas y balanceo para anticipar necesidades de capacidad.
- Para la gestión y control del **almacenamiento** del dato genómico: Gestión de Volúmenes: Revisión de uso de volúmenes y relación entre tarea ejecutada y almacenamiento consumido. Alertas: Configuración de umbrales de aviso para la gestión de capacidades y políticas de gobernanza.
- Para la **trazabilidad** de flujos y logs, se propone la representación desglosada de pasos, versiones y duración por etapa y la auditoría utilizando información relevante (logs, versiones, contenedores) registrada automáticamente y accesible desde la interfaz.
- Para los **Informes de Actividad**, se propone el uso de la herramienta Stack ELK y gestión de errores centralizada mediante pila ELK. Permite la inspección masiva de registros para detectar incidencias técnicas con rapidez en entornos HPC.
- Respecto las **evidencias y capturas**, el licitador presenta captura de "Task console" con el detalle explícito de los códigos de color: verde (éxito) y rojo (error) visibles en la captura.

Se le asigna el **rango de EXCELENTE con 3 puntos** por las siguientes consideraciones:

- Se valora **positivamente** que presente una propuesta excelentemente detallada respecto a la Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico. Además, permite que se pueda configurar a cualquier sistema de monitorización.



T-SYSTEMS	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A8 Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El licitador propone la integración con el portal de control de TMonitoring + Seqera Platform Enterprise (anteriormente Nextflow Tower) • Para la monitorización en Tiempo Real (Cómputo) propone el Panel Seqera que permite una monitorización avanzada de pipelines Nextflow con gráficos de eficiencia de CPU y memoria en tiempo real y una trazabilidad Visual con el estado de finalización de trabajos paralelizados y métricas de rendimiento (Raw usage vs Allocated). • Para la gestión y control del almacenamiento del dato genómico se propone una Visión Integrada a través de una gestión de volúmenes en Data Explorer. Métricas I/O: Gráficos específicos de Read/Write bytes para monitorizar el estrés sobre el almacenamiento durante la ejecución de los pipelines. • Para la trazabilidad de flujos y logs, se propone el registro de versiones de herramientas bioinformáticas empleadas y para la observabilidad el uso de Panel de "Resumen de pipelines" con estado (Succeeded/Failed) por organización y espacio de trabajo. • Para los Informes de Actividad, se propone la generación de informes que recopilan versiones de herramientas y gráficos interactivos de uso de recursos para auditoría. • Respecto las evidencias y capturas, el licitador propone capturas detalladas de Seqera/TWOK mostrando gráficos de CPU, memoria, I/O y listados de ejecución de pipelines de la comunidad nf-core (Sarek, RNAseq) <p>Se le asigna el rango de Alta con 2 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque la propuesta está muy bien detallada respecto a la integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico. • Por otra parte, se valora negativamente porque la propuesta implica que está todo cerrado a NextFlow lo que provoca que pueda ser menos flexible.
-----------	--



FUJITSU	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A8 Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El licitador propone la integración con el portal de control del Portal Técnico de Control (Integración con la herramienta de código abierto SLURM y SLURM-web) • Monitorización en Tiempo Real (Cómputo): Monitorización HPC: Seguimiento en tiempo real de la ejecución de pipelines y consumo de recursos del clúster. Integración: Uso de SLURM-web para visualizar nodos, particiones y trabajos activos en la infraestructura de supercomputación. • Gestión y Control del Almacenamiento: Supervisión de Flujos: Monitorización de la generación de datos a lo largo del análisis. Planificación: Visualización de localización y evolución del volumen de datos para planificación de capacidad (Capacity Planning) • Trazabilidad de Flujos y Logs: Histórico de Trabajos: Análisis histórico de trabajos ejecutados mediante SLURM. Auditoría: Registro de accesos y modificaciones para cumplimiento de seguridad y auditoría técnica. • Informes de Actividad: Indicadores de Desempeño: Proporciona KPIs de utilización de recursos para facilitar la toma de decisiones y optimización de la infraestructura. • Respecto las evidencias y capturas, el licitador propone realizar capturas del monitor de recursos de SLURM-web para la gestión de colas y nodos <p>Se le asigna el rango de Baja con 1 punto por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta de la integración con un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico (aunque dicha propuesta es generalista y con un bajo nivel de detalle) • Por otra parte, se valora negativamente que dicha propuesta sea generalista y tenga un bajo nivel de detalle y que implique que está todo cerrado a una herramienta que ofrece dudas de que pueda que no vaya a cumplir la trazabilidad requerida.
---------	--

<p>UTE PLEXUS-ZETTA</p>	<p>Se señalan a continuación los elementos más destacables de la oferta para el criterio de A8 Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.</p> <ul style="list-style-type: none"> • El licitador propone la integración con el Portal de Supervisión XetaBase integrado con las herramientas Grafana / Prometheus (Portal de Control). • Para la monitorización en Tiempo Real (Cómputo) propone el uso de recursos computacionales y estado de los análisis. Para las alertas se propone la integración con Prometheus ante desviaciones críticas de rendimiento. • Gestión y Control del Almacenamiento: Gestión Visual: Interfaz web para la administración central del dato, control de calidad (QC) y gestión visual del almacenamiento asociado a muestras y datos clínicos • Trazabilidad de Flujos y Logs: Logs Inmutables: Registro de actividades con controles normativos (ENS). Auditoría: Trazabilidad completa de pipelines y versiones de herramientas mediante orquestación con Apache Airflow. • Informes de Actividad: Informes Personalizables: Generación de informes de seguimiento adaptados a las necesidades de reporte del CMAG. Estadísticas agregadas de variantes y actividad. • Evidencias y Capturas: Se describen paneles dinámicos y cuadros de mando para estadísticas de cohortes y operaciones <p>Se le asigna el rango de EXCELENTE con 3 puntos por las siguientes consideraciones:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se valora positivamente porque presenta una propuesta excelentemente detallada respecto a la Integración del portal propuesto de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico.
-------------------------	--

3. CONCLUSIÓN:

En consecuencia, la puntuación redondeada obtenida por la oferta analizada de las empresas presentadas, en el marco de la licitación del expediente mencionado para criterios de valoración técnicos, según juicio de valor, es la siguiente:

CRITERIOS	MÁXIMA PUNTUACIÓN	PUNTUACIÓN					
		EDNON	TELEFÓNICA	UTE ACCENTURE - SCC	T-SYSTEMS	FUJITSU	UTE PLEXUS- ZETTA
A1. Descripción de la solución técnica para el cumplimiento de los distintos requisitos funcionales	8	8	6	6	5	4	3,3
A2. Planificación del proyecto	5	5	2,5	4	2,4	3,1	3,5
A3. Plan de Calidad	3	2	1	2	1,7	1,5	2
A4. Soporte para carga de variantes desde fuentes externas heterogéneas.	2	1,8	1	1,5	1	2	2
A5. Capacidad para importar bases de datos históricas de variantes clasificadas.	2	1	1	1	2	0,5	2
A6. Interoperabilidad con SIGENES y cumplimiento de estándares GA4GH / HL7 FHIR.	5	5	4,5	4,5	4	2,1	2,1
A7. Soporte para auditoría, trazabilidad y control de versiones en variantes e informes clínicos.	2	2	2	2	1,8	2	2
A8. Integración de un portal de control y seguimiento de la actividad de computación, generación y almacenamiento del dato genómico	3	3	3	3	2	1	3
TOTAL	30	27,8	21	24	19,9	16,2	19,9

Lo cual se indica a los efectos oportunos.
Madrid, a la fecha de la firma

SUBDIRECTOR GENERAL DE PLANIFICACIÓN OPERACIONES Y SERVICIOS

D.G. SALUD DIGITAL (CONSEJERÍA DE DIGITALIZACIÓN)

Firmado digitalmente por: JOSE LUIS BEZARES DEL CUETO - 
Fecha: 2026.03.13 14:18