

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE SECUENCIACIÓN MASIVA, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 03-2026. El Proyecto PMP22/00055 ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) y con cargo a los fondos de Next Generation EU, que financian las actuaciones del Mecanismo de Recuperación y Resiliencia (MRR).

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

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

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO

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

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE SECUENCIACIÓN MASIVA, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 03-2026. El Proyecto PMP22/00055 ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) y con cargo a los fondos de Next Generation EU, que financian las actuaciones del Mecanismo de Recuperación y Resiliencia (MRR).

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto del presente pliego es la realización de estudios de alto rendimiento para identificación de nuevos biomarcadores para cubrir las necesidades asociadas al proyecto **PMP22/00055**. Para ello, se necesita la contratación de un servicio de secuenciación masiva conforme a los requerimientos que se detallan en el presente pliego.

1.2- LEGISLACIÓN.

Los productos presentados a este procedimiento, deberán cumplir la legislación vigente que sea de aplicación.

El contratista deberá respetar el carácter confidencial de aquella información a la que tenga acceso con ocasión de la ejecución del contrato a la que se le hubiese dado el referido carácter en los pliegos o en el contrato, o que por su propia naturaleza deba ser tratada como tal, quedando el contratista sometido a la normativa nacional y europea en materia de protección de datos, siendo ésta una obligación contractual esencial (211.1.f LCSP).

1.3- PLAZOS DE ENTREGA.

- **Duración del contrato:** hasta que venza la duración del proyecto (31 de junio de 2026), salvo que se complete el servicio con anterioridad a esta fecha, dando por extinguido a partir de ese momento el contrato.
- **Procede la prórroga del contrato:** No procede.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

Servicio para estudio de genoma completo mediante secuenciación masiva en los equipos NovaSeq X y NovaSeq6000 o similares. La secuenciación deberá realizarse con los reactivos enumerados a continuación:

El kit ILMN DNA PCR-Free o equivalente, basado en tecnología Illumina que sirve para la secuenciación del genoma completo (WGS), permitiendo interrogar los 3200 millones de bases del genoma humano. Se trata de una solución avanzada que utiliza On-Bead Tagmentation como parte de un flujo de trabajo WGS integrado, escalable y rápido.

La tecnología de preparación de librerías debe basarse en fragmentación enzimática (mediante enzimas unidas a bolas) y libre de PCR para evitar errores de amplificación. La tecnología de la fragmentación mediante enzimas unidas a bolas que están separadas a una distancia constante genera fragmentos más homogéneos. El kit debe permitir la preparación de librerías en menos de 100 minutos (requisito indispensable) y funcionar a partir de DNA extraído en sangre, sangre seca en papel y en saliva, con un input total de 25ng. La tecnología de fabricación de librerías debe basarse en fragmentación enzimática.

Los índices Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation permiten multiplexar un mínimo de 288 muestras diferentes y compatibles. Los reactivos deben ser compatibles con los equipos disponibles en el hospital y deben permitir la secuenciación simultánea de un mínimo de 48 genomas humanos por flowcell (>120Gb para una profundidad media de 30x). Las librerías generadas deben ser compatibles con tecnología de secuenciación Illumina. Deben incluir los cartuchos del NovaSeq X y del NovaSeq6000 o equivalentes para secuenciar los genomas completos en los siguientes formatos:

- 64x en las flowcell 25B 300 ciclos (a 2x150).
- 8x en las flowcell 10B 300 ciclos (a 2x150).
- 13x en 2 flowcell S1 300 ciclos (a 2x150).

Además, se incluirán 2 lanes de NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 Cycle) o equivalentes, para realizar un ajuste previo de la carga en el secuenciador.

El licitador proporcionará la información necesarios de la cuantificación del material de partida, así como las librerías y el pool. También deberá proporcionar el almacenamiento en el proceso de entrega de resultados.

Este servicio debe ser compatible con la química de secuenciación masiva basada en secuenciación por síntesis (SBS) con nucleótidos marcados con fluorescencia y con terminadores reversibles acoplados de Illumina o equivalente. Su tecnología se basa en la química avanzada XLEAP-SBS, con una incorporación precisa de nucleótidos mediante una DNA polimerasa de alta eficiencia y nucleótidos marcados con fluoróforos, junto con terminadores reversibles patentados. Esta tecnología permite una mayor estabilidad del sistema, menor tasa de errores y una mejor resolución incluso en regiones complejas.

Los cartuchos de reactivos deben estar listos para cargar y usar con «ventanas de descongelación» para verificar visualmente que los reactivos se han descongelado por completo.

La secuenciación en el equipo se realizará de forma completamente automatizada y sin intervención del usuario. La secuenciación es de lectura “paired-end” y las librerías generadas y secuenciadas tienen:

- una cobertura > 95% a una profundidad de 10X
- una profundidad media de lectura de 30x, dependiendo de la calidad del ADN de partida (pares mapeados sin duplicados y sin solapamiento).

Se solicitan los equipos mencionados en concreto debido a que se tiene experiencia previa en el rendimiento y la calidad de la secuenciación con estos reactivos y se dispone del pipeline bioinformático de análisis de resultados en nuestro centro.

2.1 PARTES Y COMPONENTES.

LOTE 1: Servicio de secuenciación masiva de genoma completo para 85 muestras.

Madrid, a 12 de enero de 2025

POR EL ÓRGANO DE CONTRATACIÓN,

D. Francisco García Río

Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

CONFORME:
EL ADJUDICATARIO
FECHA Y FIRMA