

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE ANÁLISIS DE PROTEÓMICA EN INFECCIÓN POR VIH, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO CON PLURALIDAD DE CRITERIOS. El Proyecto ICI20/00043 ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III y cofinanciado por la Unión Europea. Expediente PAS 13-2026.

ÍNDICE

1. CARACTERÍSTICAS GENERALES

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

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SERVICIO

2.1. Partes y componentes.....	2
2.2. Características técnicas.....	3
2.3. Otros requerimientos imprescindibles.....	7

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE ANÁLISIS DE PROTEÓMICA EN INFECCIÓN POR VIH, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO CON PLURALIDAD DE CRITERIOS. El Proyecto ICI20/00043 ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III y cofinanciado por la Unión Europea. Expediente PAS 13-2026.

1.- CARACTERÍSTICAS GENERALES

1.1-OBJETO DEL CONTRATO.

El objeto de este contrato es la realización del análisis del proteoma a partir de muestras de suero de pacientes con VIH tratados con metformina o placebo para el grupo de investigación de SIDA y enfermedades infecciosas de la Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz (en adelante, FIBHULP).

La adquisición de este servicio facilitará ejecutar el proyecto ICI20/00043 del ISCIII y concedido al Dr. José Ramón Arribas López como investigador principal.

1.2- LEGISLACIÓN.

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

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

1.3.- PLAZOS DE ENTREGA.

- **Duración del contrato:** el contrato comenzará el día de la formalización del mismo y finalizará el 31/12/2026.
- **Procede la prórroga del contrato:** No procede.
- **Plazo de ejecución:** los resultados objeto de este contrato, se entregarán un plazo de, como máximo, 90 días desde la puesta a disposición a la empresa adjudicataria, de las muestras a analizar.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SERVICIO

2.1. PARTES Y COMPONENTES

Un único servicio para analizar el proteoma de 70 muestras siguiendo las especificaciones técnicas descritas en el apartado siguiente. Ese servicio incluirá los siguientes componentes:

- Gestión de recogida y entrega de muestras. Este servicio incluirá la preparación del contenedor de envío con hielo seco y la coordinación de la recogida de las muestras mediante un servicio de mensajería seleccionado por el adjudicatario.
- Obtención de la concentración de las 1034 proteínas seleccionadas en cada una de las muestras de suero de las personas con VIH.
- Análisis bioinformático integral de los datos de proteómica obtenidos.
- Envío de datos brutos y de los análisis de expresión detallados en el apartado anterior.

2.2. CARACTERÍSTICAS TÉCNICAS

El adjudicatario será responsable del procesamiento completo de las muestras, abarcando todas las fases del servicio, desde la gestión del envío de las placas de 96 pocillos con las muestras de suero hasta la entrega de los datos finales procesados, analizados e interpretados.

Las proteínas deberán ser detectadas utilizando la tecnología de Ensayo de Extensión de proximidad (PEA)-Olink o equivalente en el cual anticuerpos marcados con DNA se unen por pares a las proteínas de manera específica de tal manera que cuando las parejas de anticuerpos son complementarias, el DNA unido al anticuerpo hibrida y se amplifica el fragmento de DNA. La lectura de las secuencias tiene que realizarse mediante secuenciación de siguiente generación (“Next-generation sequencing”, NGS). Las lecturas se transforman a concentración de proteína para su posterior análisis. Es necesario que el análisis se pueda realizar en un volumen mínimo de suero (4 µl). Se requiere la detección de 1034 proteínas (panel Reveal), cuyos genes se citan a continuación:

ABI3BP, ABL1, ACAA1, ACAN, ACE2, ACP1, ACP3, ACP6, ACRV1, ACVRL1, ACY3, ADA, ADAM12, ADAM15, ADAM22, ADAM23, ADAM8, ADAMTS1, ADAMTS15, ADAMTSL4, ADGRB1, ADGRB3, ADGRE1, ADGRE3, ADGRG3, ADH4, ADM, ADSL, AFAP1L1, AFAP1L2, AGR2, AGRP, AHNAK, AHNAK2, AHS1, AIF1, AKAP2, AKAP8, AKT1S1, AKT2, AKT3, ALDH3A1, ALK, ALPI, AMDHD1, AMIGO2, ANKMY2, ANKRD11, ANP32E, ANXA10, ANXA2, AOC1, AP3B1, APBB1IP, APEX1, APIP, ARG1, ARHGEF12, ARHGEF2, ASGR1, ASPSCR1, ASS1, ATAD3B, ATE1, ATF1, ATF2, ATG16L1, ATOX1, ATP6AP2, ATP6V0D1, ATP6V1F, ATP6V1G1, ATP6V1G2, ATRAID, ATXN3, AXIN1, AZI2, B3GNT7, BACE1, BACH1, BAG4, BAG5, BAG6, BAIAP2, BANK1, BAX, BCAN, BCL2, BCL2L1, BCL2L15, BCR, BGN, BLNK, BMP4, BMP6, BMP7, BNIP3L, BOC, BOLA2_BOLA2B, BPIFA2, BRD2, BSG, BTC, BTLA, BTN1A1, BTN3A2, BTNL9, C16orf89, C1QA, C1QL2, C1QTNF6, C4BPB, C8orf34,

ODAM, OGA, OGFR, OSM, OTUD7B, PADI2, PADI4, PAEP, PAG1, PALM, PALM2, PAPP, PARP1, PBXIP1, PCBP2, PCDH12, PCDH7, PCDH9, PCDHB15, PCNA, PCSK7, PDCD1, PDCD1LG2, PDE4C, PDGFC, PDZK1, PER3, PFKFB2, PGF, PGLYRP3, PGM2, PGR, PHLDB1, PIK3AP1, PIKFYVE, PJA2, PKD2, PLA2G10, PLCG1, PLIN1, PLXNA4, PNLIPRP1, PNMA1, PNPT1, POF1B, POLR2F, POLR3F, POMC, PON2, PPIE, PPL, PPME1, PPP2R5A, PRDX1, PRDX6, PREB, PRELP, PRKAB1, PRKAR1B, PRKAR2A, PRKN, PRKRA, PROK1, PRRC1, PRRT3, PRTG, PSAPL1, PSIP1, PSMB11, PSMD1, PSMD5, PSMD9, PSME1, PSME2, PSMG3, PSMG4, PSPN, PSTPIP1, PTEN, PTGES2, PTH, PTH1R, PTK7, PTP4A3, PTPN1, PTPN11, PTPN14, PTPRB, PTPRK, PTPRN2, PTPRR, PTPRZ1, PXN, PYDC1, PYHIN1, RAB2B, RAB37, RAB3IL1, RAB44, RABGAP1L, RAET1L_ULBP2, RALB, RAMP2, RANBP2, RAP1GAP, RASGRP2, RBOF3, RBKS, RBPM5, RC3H1, RECK, REG3G, RET, RFC4, RGCC, RGS8, RIGI, RILP, RIPK3, RNF135, RNF149, RNF213, RNF25, RNF41, ROBO2, RPH3A, RPL14, RSPO1, RSPO3, RTBDN, RTN4R, RYK, S100A11, S100A12, S100A13, S100A16, SAMD9L, SASH3, SAV1, SCAMP3, SCARB1, SCARB2, SCG2, SCGN, SCN4B, SCPEP1, SCRIB, SCRIN1, SDHA, SDHAF4, SDHB, SEC13, SEL1L, SEPTIN8, SERPINB4, SERPINB5, SERPINB8, SERPINB9, SERPINI2, SETMAR, SEZ6, SEZ6L2, SFTPA2, SH2B3, SH2D1A, SH3PXD2B, SIGLEC10, SIGLEC6, SIGLEC7, SIGLEC8, SIGLEC9, SIKE1, SIL1, SIPA1, SIRT1, SIRT2, SIT1, SKAP1, SLA2, SLAMF7, SLAMF8, SLC16A1, SLIT2, SLITRK1, SLITRK2, SLITRK6, SLMAP, SMAD1, SMAD2, SMAD3, SMAD5, SMARCA4, SMPD1, SMURF1, SNAP25, SNCG, SNED1, SNX29, SNX5, SPATA2L, SPINK6, SPN, SPOCK1, SPRED2, SPRR3, SPRY2, SPTBN2, SRP14, SRPK2, SSB, ST3GAL1, STAMBP, STAT2, STK11, STK11IP, STK39, STX4, STX5, STX7, STX8, STXBP3, SULT2A1, SUMO1, SUS4, SWAP70, SYT1, TAB2, TACSTD2, TAF4A, TARP2, TARDBP, TAX1BP1, TCERG1, TCL1A, TDGF1, TFEB, TG, TGFA, TGFB1, TGFB2, THPO, TIGAR, TIMP2, TK1, TLR1, TLR2, TLR3, TLR4, TMEM106A, TMEM25, TMPRSS11D, TMPRSS15, TMPRSS5, TNF, TNFAIP6, TNFAIP8, TNFRSF10A, TNFRSF10B, TNFRSF11A, TNFRSF11B, TNFRSF13B, TNFRSF13C, TNFRSF19, TNFRSF6B, TNFRSF9, TNFSF11, TNFSF12, TNFSF13, TNFSF14, TNFSF15, TNIP1, TNR, TOP2B, TP53, TP53BP1, TPMT, TPR, TPSAB1, TRIAP1, TRIM21, TRIM25, TRIM40, TRIM41, TRIM5, TRIM58, TRIP11, TSC22D3, TSLP, TXLNA, TYMS, UBA52, UBAC1, UBE2B, UBE2E2, UBE2Z, UBL4A, UBOX5, UBR2, UNG, USO1, USP8, VAMP8, VAV3, VEGFA, VEGFB, VEGFD, VGF, VNN2, VPS54, VRK3, VSIG10L, VSNL1, VWA1, VWC2, WAS, WASF3, WASL, WDR91, WFDC3, WIF1, WNT9A, WWP2, XCL1, XIAP, YES1, YOD1, ZBP1, ZBTB16, ZBTB17, ZC3H12A, ZC3H12D, ZER1 y ZFAND2B.

Análisis bioinformático requerido (Proteómica)

El adjudicatario deberá realizar el análisis bioinformático integral de los datos de proteómica, orientado a la identificación e interpretación biológica de diferencias asociadas al tratamiento y al tiempo de seguimiento. El análisis se estructurará en varias fases complementarias e incluirá, como mínimo, los siguientes componentes:

1. Análisis comparativos cuantitativos

Se llevarán a cabo análisis comparativos de abundancia proteica, tanto intra-grupo como inter-grupo, conforme a las siguientes comparaciones:

a) Análisis comparativo intra-grupo entre la visita basal y la visita W96 en el grupo tratado con metformina.

- b) Análisis comparativo intra-grupo entre la visita basal y la visita W96 en el grupo placebo.
- c) Análisis comparativo inter-grupos entre el grupo tratado con metformina y el grupo placebo en la visita basal.
- d) Análisis comparativo inter-grupos entre el grupo tratado con metformina y el grupo placebo en la visita W96.

En primer lugar, se deberá realizar un análisis univariante para la identificación de proteínas diferencialmente abundantes entre los grupos comparados, incluyendo el cálculo del fold change, p-values y tasas de descubrimiento falso (FDR), con la correspondiente corrección por múltiples comparaciones. Los resultados se representarán mediante gráficas individuales, volcano plots, diagramas de Venn y mapas de calor.

En una segunda fase, se deberá llevar a cabo un análisis multivariante que incluirá métodos no supervisados (PCA y heatmaps) y supervisados (PLS-DA y sPLS-DA), con el objetivo de explorar patrones globales, relaciones entre muestras y variables discriminantes.

Adicionalmente, se deberá realizar un análisis de correlación entre las proteínas de interés y, cuando resulte pertinente, con variables clínicas asociadas al estudio.

2. Análisis funcional y de vías biológicas

A partir de las proteínas diferencialmente abundantes identificadas en las comparaciones anteriores, se realizará un análisis funcional que incluya:

- a) Análisis de enriquecimiento de rutas metabólicas y de señalización, utilizando bases de datos curadas y ampliamente aceptadas (tales como KEGG u otras equivalentes), con el fin de identificar rutas significativamente alteradas.
- b) Análisis de enriquecimiento de funciones biológicas, basado en ontologías funcionales reconocidas, que permita la identificación de procesos biológicos, funciones moleculares y componentes celulares asociados a los cambios observados.

3. Análisis de redes de interacción proteína-proteína

Se llevará a cabo un análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI) a partir de las proteínas diferencialmente abundantes, empleando fuentes de datos validadas, con los siguientes objetivos:

- Identificación de módulos funcionales y comunidades proteicas relevantes.
- Detección de proteínas clave (nodos centrales) potencialmente implicadas en los mecanismos biológicos asociados al tratamiento y/o al tiempo de seguimiento.

4. Herramientas y software

Los análisis se realizarán utilizando software especializado, incluyendo R, MetaboAnalyst y GraphPad Prism para la generación de determinadas figuras y representaciones gráficas.

5. Entregables

El adjudicatario deberá entregar, como mínimo:

- Listados completos de proteínas diferencialmente abundantes por comparación realizada.
- Resultados de los análisis funcionales y de redes PPI.
- Archivos en formato Excel y PowerPoint que incluyan los resultados numéricos, gráficas e imágenes generadas.
- Figuras y tablas interpretables (enriquecimiento funcional, rutas, redes).
- Un documento en formato Word con la descripción detallada de la metodología empleada, susceptible de ser utilizado como base para la publicación de un artículo científico.

2.3. OTROS REQUERIMIENTOS IMPRESCINDIBLES.

- La empresa adjudicataria deberá contar con apoyo científico-técnico online en español.
- El tiempo desde el envío de la muestra hasta el retorno de los resultados debe de ser inferior a 90 días.

Madrid, a 2 de febrero de 2026.

POR EL ÓRGANO DE CONTRATACIÓN,

D. Francisco García Río
Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

CONFORME:
EL ADJUDICATARIO
FECHA Y FIRMA