

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE REALIZACIÓN DE ANALISIS DE METILACIÓN DE ADN DE 250 MUESTRAS DE PACIENTES, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 14-2026. El Proyecto PMP22/00083 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.....	
1.2. Legislación.....	
1.3. Plazo de entrega	

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO/SERVICIO

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

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS QUE HA DE REGIR EL CONTRATO DE SERVICIO DE REALIZACIÓN DE ANALISIS DE METILACIÓN DE ADN DE 250 MUESTRAS DE PACIENTES, PARA LA FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ, A ADJUDICAR POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SIMPLIFICADO MEDIANTE PLURALIDAD DE CRITERIOS. Expediente PAS 14-2026. El Proyecto PMP22/00083 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 de este contrato es realización de análisis de metilación de ADN a partir de muestras de pacientes como líneas celulares primarias de pacientes, tejido conservado en parafina y plasmas obtenidos de sangre de pacientes para el grupo de investigación traslacional de cirugía maxilofacial y cáncer de cabeza y cuello, para la Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz (en adelante, FIBHULP)

La adquisición de este servicio facilitará ejecutar el proyecto PMP22/00083 del ISCIII y concedido a la Dra. Ana Sastre Perona como investigadora 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:** hasta que venza la duración del proyecto (30 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.
- **Plazo de ejecución:** los resultados objeto de este contrato, se entregarán un plazo de, como máximo, 4 semanas desde la puesta a disposición a la empresa adjudicataria, de las muestras a secuenciar.

2. ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

Las muestras se deberán procesar desde el ADN genómico extraído hasta la entrega de los datos procesados. La cantidad mínima de partida deben de ser 100ng de ADN sin degradar.

Las librerías deberán de realizarse utilizando el método de digestión enzimática con el enzima MspI -utilizando un control lambda- seguida de ligación con adaptador y tratamiento con bisulfito con método PBAT (kit de preparación de librerías Accel-NGS Methyl-Seq DNA Library o equivalente). La técnica debe de basarse en el estudio de islas CpG y otras regiones ricas en CpGs en el genoma, suponiendo una versión reducida del genoma. Las librerías resultantes deben de ser de 200-400 pares de bases. La secuenciación de las muestras debe de ser de al menos 10Gb por muestra utilizando PE150. Los controles de calidad deben de asegurar al menos $Q30 > a$ el 85%.

Los datos deben de incluir:

- Los archivos de secuenciación en formato fastq.gz.
- Análisis de eficiencia de corte por MspI.
- Los análisis de calidad realizado previo y posteriormente al *trimming* de las muestras para eliminar las secuencias de los adaptadores, incluyendo: la distribución de la tasa de error en las lecturas, el contenido de GC, el filtrado de los datos, la clasificación de las lecturas (en cuanto a adaptadores), los valores de los porcentajes de lecturas perfectas (Q20, Q30). Todo estará realizado con el programa FastQC.

- Los datos procesados ya alineados al genoma de referencia en formato.bam y .bam.bai. El alineamiento se debe realizar utilizando el software Bismark para transformar las C en T y las G en A tanto en las secuencias de la muestra como en el genoma de referencia previamente al alineamiento.
- Todos los análisis de calidad de la secuenciación y alineamiento de cada muestra incluyendo: lecturas totales, lecturas alineadas, lecturas de alineamiento único y múltiple, lecturas de cada secuencia (forward y reverse), porcentaje de lecturas a cada cadena de DNA.
- Identificación de citosinas metiladas (mCp) y análisis de nivel de metilación.
- Distribución de lecturas en el genoma (exónicas, intrónicas e intergénicas). Controles de calidad de los alineamientos.
- Debe de incorporar archivos en el formato .bw para la visualización de los datos mediante el programa IGV. Estos archivos indicarán: las posiciones de lecturas únicas o múltiples en el genoma de referencia, así como la distribución de lecturas en exones, intrones o regiones intergénicas anotadas en escala ajustable; la abundancia de lecturas en diferentes regiones para sustituir el nivel de metilación de diferentes regiones en escala ajustable; información de anotación tanto de genes como de isoformas de empalme y otra información de anotación relacionada.
- Debe de contener un elaborado protocolo de cuantificación de la metilación incluyendo:
 - Contaje y distribución de la metilación, análisis de correlación entre las distintas muestras (mediante gráficas de heatmaps de regiones funcionales, PCAs y agrupación jerárquica).
 - Análisis de sitios diferencialmente metilados.
 - Análisis de regiones diferencialmente metiladas.
 - Análisis de promotores diferencialmente metilados.
 - Todos los análisis de metilación diferencial deben de llevar anotaciones de las diferentes regiones, y representaciones en forma de diagrama de violín, heatmaps, gráficas de barras y gráficas de circo de las regiones diferencialmente metiladas y su distribución en el genoma.

- Análisis funcionales: se deben de incluir análisis de asociación de las regiones diferencialmente metiladas a los genes cercanos en cada comparación a términos de “Gene Ontology”, “Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes” y GSEA, todos ellos con distintos tipos de representaciones gráficas.
- Además de estos análisis, se debe de ofrecer una plataforma interactiva en la que se puedan reanalizar los datos y generar en un futuro nuevos análisis a partir de los datos de secuenciación. Se deben demostrar evidencias de la existencia de la plataforma mediante el envío de un link para poder verificar la existencia de la plataforma y la información sobre ella.

Finalmente, los resultados obtenidos se entregarán con un disco duro o a través de un enlace desde algún soporte similar a OneDrive. Los resultados obtenidos tendrán que cumplir todos los controles de calidad que la casa comercial Illumina recomienda para este tipo de protocolos.

2.1. PARTES Y COMPONENTES

Un único servicio para secuenciar 250 muestras siguiendo las especificaciones técnicas ya descritas en el apartado anterior. Ese servicio incluirá los siguientes componentes:

- Generación de librerías de ADN modificado por bisulfito a partir de ADN y realización de controles de calidad.
- Secuenciación de librerías de ADN en Illumina X Plus o equivalente en formato PE150 con 10Gb de Output.
- Análisis de metilación diferencial como se detalla en el apartado anterior.
- Envío de datos brutos y de los análisis de expresión detallados en el apartado anterior.

2.3. OTROS REQUERIMIENTOS IMPRESCINDIBLES.

La empresa adjudicataria deberá contar con apoyo técnico presencial y online en español. El envío y retorno de las muestras debe de hacerse en el plazo de 24 horas. El tiempo

desde el envío de la muestra hasta el retorno de los resultados debe de ser inferior a un mes.

D. Francisco García Río

Presidente de la Comisión Delegada de la Fundación

En Madrid, a 3 de febrero de 2026.

CONFORME:

EL ADJUDICATARIO

FECHA Y FIRMA