

PLIEGO DE CLÁUSULAS TÉCNICAS PARA LA CONTRATACIÓN DE UN SERVICIO DE SECUENCIACIÓN GENOMAS COMPLETOS Y RNASEQ PARA EL CENTRE DE RECERCA EN AGRIGENÒMICA CSIC IRTA UAB UB CRAG (CENTRO DE EXCELENCIA SEVERO OCHOA 2020-23) EN EL PARQUE CIENTÍFICO DE LA UAB EN BELLATERRA.

1.- OBJETO

Los contratos, que en base a este pliego se realicen, tendrán por objeto un servicio de secuenciación del genoma completo y RNASeq para el Centre de Recerca en Agrigenòmica CSIC IRTA UAB UB CRAG (Centro de Excelencia Severo Ochoa) en el Parque científico de la UAB en Bellaterra (en adelante CRAG).

Los servicios objeto de los contratos que se derivarán de esta licitación, se plantean en el marco de los proyectos de investigación cuyo título y entidades financiadoras se detallan a continuación:

LOTE 1:

Título: UTILIZACION DE HERRAMIENTAS MASIVAS DE SECUENCIACION Y GENOTIPADO PARA EVALUAR EL IMPACTO DE LA VARIACION GENETICA SOBRE FENOTIPOS LECHEROS Y DE VIABILIDAD EN GANADO CAPRINO

Entidad Financiadora: Agencia Estatal de Investigación

Código Entidad financiadora: PID2019-105805RB-I00 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033



Código interno CRAG: V6470

LOTE 2:

Título: ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE LA LACTACIÓN Y CARTOGRAFIADO FINO DE POLIMORFISMOS CON EFECTOS CAUSALES SOBRE FENOTIPOS LECHEROS Y DE VIABILIDAD EN LA RAZA MURCIANO-GRANADINA

Entidad Financiadora: Agencia Estatal de Investigación

Código Entidad financiadora: PID2022-136834OB-I00 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa



Código interno CRAG: V6556

2.- PRESTACIONES TÉCNICAS MÍNIMAS

El material de partida para este servicio y que aportará el CRAG estará constituido por hasta un máximo de 120 muestras de ADN genómico caprino y hasta un máximo de 400 muestras de RNA total caprino extraídos, en ambos casos, a partir de tejidos caprinos.

2.1.- Descripción del servicio:

La empresa adjudicataria debe llevar a cabo las siguientes tareas:

LOTE 1: RNASEQ

2.1.1. Secuenciación "short-read" del RNA total de hasta un máximo de 100 muestras de tejidos caprinos mediante la tecnología RNA-seq (2x150 pb, >50 millones de lecturas/muestra).

LOTE 2: SECUENCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO

2.1.2. Secuenciación "short-read" del RNA total de hasta un máximo de 300 muestras de tejidos caprinos. mediante la tecnología RNA-seq (2x150 pb, >50 millones de lecturas/muestra).

2.1.3. Secuenciación de genoma completo (3 Gb) 2 x 150 bp de DNA extraído de muestras de sangre de 100 individuos *Capra hircus* a una cobertura de x15.

2.1.4 Secuenciación de genoma completo (3 Gb) 2 x 150 bp de DNA extraído de muestras de esperma de 20 individuos *Capra hircus* a una cobertura de x45.

La empresa adjudicataria realizará el proceso de obtención de secuencia con tecnología NovaSeq6000 Illumina o cualquier otra que asegure la mejor calidad de la secuencia siempre que así se acuerde por ambas partes. En todos los casos se realizará un alineamiento de estos datos con la versión más actualizada del genoma de referencia caprino. Antes del mapeo, las secuencias, serán valoradas por calidad, y filtradas y procesadas para obtener secuencias de calidad suficiente para el mapeo.

2.1.2. Análisis bioinformático:

Lote 1:

- A. Análisis de expresión diferencial de genes mRNA y lncRNA (cabra lactante vs no lactante).
- B. Análisis de expresión diferencial de isoformas mRNA (cabra lactante vs no lactante).
- C. Se deberá almacenar los datos brutos y los analizados (por espacio de dos años) y se podrá acceder remotamente y de inmediato a ellos, así como a los resultados que se obtengan.

Lote 2:

- A. Análisis de expresión diferencial de genes mRNA y lncRNA (cabra lactante vs no lactante)
- B. Análisis de expresión diferencial de isoformas mRNA (cabra lactante vs no lactante).
- C. Extracción de SNPs e indels de las 120 secuencias genómicas caprinas.
- D. Análisis de *copy number variation* a partir de 120 secuencias genómicas caprinas

E. Se deberá almacenar los datos brutos y los analizados (por espacio de dos años) y se podrá acceder remotamente y de inmediato a ellos, así como a los resultados que se obtengan.

2.2. Centro de secuenciación dentro de la UE

La empresa adjudicataria de cada uno de los contratos de los lotes planteados debe disponer de un centro de secuenciación ubicado dentro de las fronteras de la UE. El motivo es que el RNA es un material susceptible de degradarse, lo cual puede empeorar la calidad de la secuenciación. Por ello, debe evitarse el riesgo de que dicho material pueda quedar retenido, durante días o semanas, a causa de los trámites aduaneros que rigen el transporte de mercancías fuera de la UE. Por esta razón, cualquier operador que no cumpla con esta especificación será desestimada como candidata a realizar la ejecución del servicio.

3.- PLAZO DE ENTREGA

Para cada uno de los contratos que de esta licitación se deriven, el CRAG facilitará muestras al adjudicatario en diferentes momentos dentro de la vida del presente contrato. Para ello generará un pedido oficial en cada ocasión tras el cual, la empresa adjudicataria deberá entregar los resultados dentro de un plazo de OCHO (8) semanas (**Lote 1**) y DOCE (12) semanas (**Lote 2**) desde la entrega de las muestras.

4.- PLAZO DE GARANTÍA Y SOPORTE POSTVENTA

La garantía de este procedimiento deberá cubrir cualquier irregularidad detectada en el contrato que de esta licitación se deriven. Se plantea un plazo de garantía de UN (1) año a contar desde la entrega de los servicios. Durante este plazo, podrán replicarse o realizarse nuevos o complementarios análisis de los resultados, sin coste, que permitan garantizar la comparabilidad de todas las muestras incluidas en el estudio, para obtener la prestación de manera adecuada.

En cuanto al soporte postventa, deberá proporcionarse en menos de 24 horas tras la consulta del CRAG.

5.- MEJORAS

Únicamente se valorarán las mejoras enumeradas a continuación:

5.1 Se considerará cualquier mejora de tratamiento bioinformático de los datos, almacenamiento de los mismos o de apoyo bioinformático posterior a la obtención de la secuencia en el alcance de los dos lotes que componen la presente licitación.