

PLEC DE PRESCRIPCIONS TÈCNIQUES D'UN SERVEI DE SEQÜENCIACIÓ DE GENOMES A PARTIR D'EXTRACCIONS D'ADN DE TRES ESPÈCIES DE TORTUGA

1) OBJECTE

L'objecte del contracte és la contractació del servei de seqüenciació de genomes (Whole Genome Sequencing) a partir d'extraccions d'ADN de tres espècies de tortuga: la tortuga babaua (*Caretta caretta*), la tortuga llaüt (*Dermochelys coriacea*) i la tortuga verda (*Chelonia mydas*). Com els procediments per a totes les mostres són idèntics, no és necessària la divisió en lots.

2) REQUISITS BÀSICS

- **Materials:** Les extraccions d'ADN procediran de l'equip d'investigació de la Universitat de Barcelona i s'enviaran a l'empresa adjudicatària segons les condicions recomanades de concentració i qualitat de DNA, i les condicions d'enviament.

- **Activitats i funcions de l'empresa contractista:**

Les tasques que ha d'assumir l'empresa contractista són les següents:

- Control de qualitat del l'extracció de DNA.
- Preparació de les llibreries per Whole Genome Sequencing
- Seqüenciació amb un output mínim de 30Gb per mostra.
- Entrega del fitxers de seqüències de cada mostra, incloent informació dels reads obtinguts per a cada mostra.

- **Instal·lació i personal:** L'empresa contractista ha de disposar dels suficients mitjans tècnics, materials i personals per a desenvolupar les tasques objecte d'aquest contracte. Donat que les espècies a seqüenciar estan emparades pel conveni CITES, és imprescindible que les instal·lacions on es realitzi la seqüenciació estiguin dins de la Unió Europea.

- **Protocol:** Els protocols són aquells que garanteixin la seguretat dels treballadors, la reproductibilitat dels resultats obtinguts, i una correcta manipulació de les mostres evitant degradació dels àcids nucleics.

3) DESCRIPCIÓ I CARACTERÍSTIQUES TÈCNIQUES

La seqüenciació per Whole Genome Sequencing inclou:

- Control de qualitat d'ADN consistent en mesurar la llargària de les llibreries mitjançant Bioanalyzer
- Fragmentació de l'ADN per sonicació o similar i preparació de llibreries per a la seva seqüenciació.
- Seqüenciació Paired End 2x150 amb un output mínim de 30Gb de reads nets per mostra.
- Temps d'entrega de resultats màxim de 30 dies laborables per cada grup de mostres que s'envii.
- Control de qualitat de les dades de seqüenciació demultiplexades i entrega via cloud o similar.

Barcelona,