

PLEC DE PRESCRIPCIONS TÈCNIQUES PER A LA CONTRACTACIÓ D'UN SERVEI DE SEQÜENCIACIÓ MASSIVA DE LLIBRIES DE 2bRAD, PEL PROJECTE LIFE TURTLENEST - "CARETTA CARETTA" NESTING RANGE EXPANSION UNDER CLIMATE WARMING: URGENT ACTIONS TO MITIGATE THREATS AT EMERGING NESTING SITES IN THE WESTERN MEDITERRANEAN - LIFE21-NAT-IT-LIFE TURTLE NEST" (I1RN002246) FINANÇAT PER LA UNIÓ EUROPEA A LA UNIVERSITAT DE BARCELONA

EXPEDIENT 2024/20

L'objecte d'aquest document és l'establiment de les prescripcions tècniques que regeixen el procediment de contractació d'un servei de seqüenciació massiva de llibries mitjançant la metodologia 2bRAD amb mostres de tortuga babaua pel projecte LIFE TURTLENEST-Caretta Caretta nesting range expansion under climate warming: urgent actions to mitigate threats at emerging nesting sites in the Western Mediterranean- LIFE21-NAT-IT-LIFE TURTLE NEST (I1RN002246) finançat per la Unió Europea.

1) Antecedents

El projecte LIFE TURTLENEST-Caretta Caretta nesting range expansion under climate warming: urgent actions to mitigate threats at emerging nesting sites in the western Mediterranean- LIFE21-NAT-IT-LIFE TURTLE NEST (I1RN002246) finançat per la Unió Europea, té com a un dels seus objectius realitzar un anàlisi genòmic dels nius de tortuga babaua (*Caretta caretta*) en diferents països de la Mediterrània occidental. Aquest anàlisi permetrà determinar-ne el seu origen, veure la relació de parentesc entre nius i estudiar la viabilitat d'aquest procés de colonització. Per a poder-ho fer, és imprescindible realitzar aquests anàlisis seguint la mateixa metodologia 2bRAD realitzada en estudis anteriors tant en les zones on aquesta espècie està nidificant com a resultat de la colonització, com en les possibles poblacions d'origen. La metodologia 2bRAD ja ha estat optimitzada per a l'espècie d'estudi però és necessària la seqüenciació de les llibries resultants fent servir mètodes de seqüenciació massiva.

El Dr. Carles Carreras Huergo, professor lector del Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística és l'investigador principal i serà el responsable de l'equip investigador de la Universitat de Barcelona.

2) Objecte del contracte

L'objecte del contracte és la contractació del servei de seqüenciació massiva de llibries preparades per l'equip investigador de la Universitat de Barcelona. Les llibries s'hauran preparat fent servir la metodologia 2bRAD amb mostres de tortuga babaua (*Caretta caretta*).

Atès que la Universitat de Barcelona no disposa de suficients recursos humans i materials especialitzats per poder cobrir les necessitats que són objecte de la contractació anteriorment descrita, i no resulta convenient una ampliació dels recursos existents, es proposa la contractació d'aquest servei mitjançant una empresa externa.

3) Requisits bàsics

A continuació, es detallen les especificacions tècniques mínimes del servei a contractar:

- **Materials:** Les llibries procediran de l'equip d'investigació de la Universitat de Barcelona i s'enviaran a l'empresa adjudicatària en pools segons les condicions recomanades de concentració i qualitat de DNA, i les condicions d'enviament. Addicionalment, s'enviarà la informació necessària del pool, incloent els codis dels barcodes (dual index i7/i5) fets servir per a cada mostra del pool. L'enviament dels pools de les mostres es farà de forma fraccionada en funció de les necessitats durant la vigència del projecte.



- Activitats i funcions de l'empresa contractista:

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

- Un control de qualitat dels pools de llibreries.
- Una seqüenciació dels pools.
- Demultiplexing del les seqüències obtingudes per mostra segons els barcodes proporcionats per la Universitat de Barcelona.
- Entrega del fitxers de seqüències de cada mostra, incloent informació dels reads obtinguts per a cada mostra en els terminis indicats en aquest plec.

- **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 llibreries es faran amb DNA d'una espècie emparada pel conveni CITES, és imprescindible per raons tècniques 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.

4) Descripció i característiques tècniques

La seqüenciació de les llibreries de 2bRAD inclou:

1. - Control de qualitat dels pools de llibreries que consisteixi en mesurar la llargària de les llibreries mitjançant Bioanalyzer i quantificació via Real Time PCR.
2. – La seqüenciació dels pools ha de ser amb lectures Single End, 1x50bp i s'estima 4 M de lectures per mostra. Es preveu fer servir un run de NextSeq2000 o similar amb un output global de 1000 M de lectures.
3. -Donada la poca diversitat del protocol RADseq es preveu que s'haurà d'afegir un 20% de PhIX i que un 15% de les lectures no passaran les especificacions de qualitat d'Illumina.
4. – El temps d'entrega de resultats per cada lot de mostres serà d'un màxim de 6 setmanes a partir de la data d'enviament.
5. Control de qualitat de les dades de seqüència, demultiplexing i entrega via Cloud o similar.

Carlos Carreras Huergo

Investigador principal del Projecte

Professor lector adscrit al Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística de la Facultat de Biologia de la Universitat de Barcelona



Co-funded by
the European Union

Expedient 2024/20