

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS POR LA CONTRATACIÓN DEL SERVICIO DE SECUENCIACIÓN POR EL MÉTODO SANGER PARA EL PROYECTO “THE EVOLUTION OF NEW ORGANS DURING INSECTS’ CONQUEST OF THE SKY’ (MAYFLYEYE)”, DE LA UNIVERSITAT DE BARCELONA

EXPEDIENTE 2024/41

1. Antecedentes

El objeto de este documento es el establecimiento de las prescripciones técnicas que rigen el procedimiento de contratación de un servicio de secuenciación por el método Sanger para el proyecto *The evolution of new organs during insects’ conquest of the sky’ (mayFLYeye)*, amb número GA 101043751-050523FBG, financiado por la comisión Europea, Horizon Europe-ERC-2021-CoG.

El proyecto *The evolution of new organs during insects’ conquest of the sky’ (mayFLYeye)*, dirigido por la Dra. Isabel Almudí, investigadora distinguida Beatriz Galindo adscrita al Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística de la Universitat de Barcelona, tiene como objetivo principal investigar, por vez primera, los mecanismos genéticos y genómicos responsables de la aparición de nuevos órganos durante la evolución de insectos y cómo dichos órganos han favorecido la gran radiación de los insectos alados y la conquista del cielo. El proyecto aportará nuevas pruebas sobre dos cuestiones principales de investigación: en primer lugar, cómo se originaron las alas en los primeros insectos alados y cuáles son las redes de regulación génica han evolucionado para promover el desarrollo de las alas en los distinto linajes de insectos (objetivo 1) y en segundo lugar, cuál es la base genética responsable de la aparición del ojo específico de los machos en la familia de bétidos, dentro de los insectos ephemeropteros y cuál es la función y la diversidad de dichos ojos (objetivo 2).

Específicamente, en este pliego estan incluidos todos los servicios que son necesarios para la ejecución del proyecto.

2. Objeto del contrato

El objeto del contrato consiste en la contratación de un servicio de secuenciación de fragmentos de ADN para el genotipado de las líneas presentes en el laboratorio, colectadas de la naturaleza o generadas tras la aplicación de técnicas de edición genómica por CRISPR/Cas.

Dichas secuenciaciones nos permitirán determinar la secuencia exacta en el genoma y posibles cambios o mutaciones que den lugar a fenotipos que revelen la función de ciertos genes que han promovido la diversificación y especiación de este linaje de insectos. Estos estudios no han sido posibles hasta ahora, y el proyecto mayFLYeye ofrece una oportunidad única para abordar estas preguntas tan importantes para entender la evolución y diversificación de los insectos alados.

3. Requisitos técnicos del servicio a contratar

A continuación, se detallan las especificaciones técnicas mínimas que debe cumplir el servicio:

Reacciones de secuenciación estándar ("templates" y "primers" separados):

1. Acceso a portal web (plataforma CES, en español, catalán o inglés) para el seguimiento de secuencias y la descarga de datos (en español, catalán o inglés). El servicio a contratar ha de ofrecer un portal web con el que poder realizar un seguimiento de las secuencias analizadas y que permita descargar los datos recogidos.
2. Los datos descargados deberán estar disponibles en formato abi (AB1) o similar y formatos de texto plano (p.e., txt, pdf, etc.). Archivo de los datos disponible en el portal durante un periodo de 6 meses.
3. La longitud/reacción media de lectura será de ≥ 1000 bases.
4. Entrega de resultados en un plazo máximo de 24 horas desde la recepción de las muestras en las instalaciones donde se realizará el servicio, los servicios no deben ser subcontratados o externalizados a ningún tercero).
5. Secuenciación de muestras con un volumen y concentración de 10ul a 50 ng/ul para plásmidos y 10ul a 10ng /ul para productos de PCR.
6. Disponer de un servicio de recogida de muestras *in situ* en el punto de información de la Facultad de Biología (Ed Prevosti, planta 0, Diagonal 643, 08028, Barcelona) bajo petición de las personas adscritas al proyecto, de lunes a viernes de 8h hasta 12:30h, sin número mínimo de muestras.
7. Disponer de un catálogo de primers de secuenciación estándar/universales disponibles (al menos 20, ver tabla) y de servicio de síntesis de oligo customizado.

Primer name	sequence
EGFP-C	CATGGTCCTGCTGGAGTTCGTG
EGFP-CR	CGTCCATGCCGAGAGTG
EGFP-NR	CGTCGCCGTCCAGCTCGACCAG
GAL1-F	AATATACCTCTATACTTTAACGTC
Gal4AD	TACCACTACAATGGATG
M13F	GTAAAACGACGGCCAGT
M13F-pUC(-40)	GTTTTCCAGTCACGAC
M13R	GCGGATAACAATTTACACAGG
M13R-pUC(-40)	CAGGAAACAGCTATGAC



pBAD-F	ATGCCATAGCATTTTTATCCA
pBAD-R	GATTTAATCTGTATCAGG
SV40-pAR	GAAATTTGTGATGCTATTGC
SP6	ATTTAGGTGACACTATAG
T3	ATTAACCCTCACTAAAG
T7	AATACGACTCACTATAG
T7promoter	TAATACGACTCACTATAGGG
T7terminator	GCTAGTTATTGCTCAGCGG
U6	CAGTGCAGGGGAAAGAATAGTAGAC
RVprimer3	CTAGCAAATAGGCTGTCCC
RVprimer4	GACGATAGTCATGCCCCGCG

8. Se requiere un servicio de resecuenciación bajo petición del equipo investigador de la Universitat de Barcelona con posibilidad de reutilización de las muestras.

9. Poseer un sistema LIMS que facilite de forma rápida y automática realizar el seguimiento de todas las etapas del procedimiento de secuenciación, desde el registro, el análisis y la entrega de resultados.

1. Documentación técnica

El contratista deberá presentar una memoria técnica, no superior a 8 páginas, con la descripción detallada de los servicios con el siguiente contenido e índice:

- 1) Recogida de muestras
- 2) Envío de resultados
- 3) Requisitos técnicos de muestras

Y que especifique la experiencia previa en el servicio y la presencia de personal especializado para la realización de secuenciación de ADN por el método Sanger.

Barcelona,

Dra. Isabel Almudí Cabrero

Investigadora Distinguida *Beatriz Galindo* del Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística de la Universitat de Barcelona.