

PLEC DE PRESCRIPCIONS TÈCNIQUES (PPT)

PLEC DE PRESCRIPCIONS TÈCNIQUES PARTICULARS PER A LA CONTRACTACIÓ DE SERVEIS DE SEQUENCIACIÓ PER DONAR SUPORT A LES LÍNIES DE RECERCA DEL GRUP "Regulació de la microcirculació hepàtica en la cirrosi i malalties vasculars hepàtiques" DE L'ÀREA DE FETGE, SISTEMA DIGESTIU I METABOLISME DE FUNDACIÓ DE RECERCA CLÍNICA BARCELONA – INSTITUT D'INVESTIGACIONS BIOMÈDIQUES AUGUST PI I SUNYER

EXP. F25.024CNAM

1. OBJECTE DEL CONTRACTE

Amb aquesta licitació es pretén la contractació dels serveis de preparació de llibreries i seqüenciació d'ARN o ADN mitjançant diferents tecnologies a partir de material provinent de pacients, així com de models animals preclínics de rata o ratolí:

- **Sublot 1:**
 - Bulk RNA sequencing (normal input, >100 ng): construcció de llibreries i seqüenciació del transcriptoma complet (stranded mRNAseq) / Seqüenciació del transcriptoma complet (stranded mRNAseq) a partir de llibreries externes ja preparades
 - Bulk RNA sequencing (low input, >10 ng): construcció de llibreries i seqüenciació del transcriptoma complet (stranded or total mRNA-seq) / Seqüenciació del transcriptoma complet (stranded or total mRNA-seq) a partir de llibreries externes ja preparades
 - Seqüenciació de llibreries externes realitzades amb Visium HD (10xGenomics)
- **Sublot 2:**
 - Construcció de llibreries i Seqüenciació del genoma complet (WGS)
 - Construcció de llibreries i Seqüenciació de l'exoma complet (WES) / Seqüenciació de l'exoma complet (WES) a partir de llibreries externes ja preparades
- **Sublot 3:**
 - Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant Chromium Single Cell 3' Gene Expression (10xGenomics)
 - Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 4-plex Reagent Kits - 10x Genomics
 - Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics (10xGenomics)

La contractació d'aquests serveis serà en funció de les necessitats dels projectes de recerca del grup de recerca de "Regulació de la microcirculació hepàtica en la cirrosi i malalties vasculars hepàtiques" de l'Àrea F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSQ MCL AEI

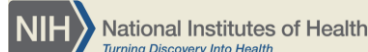


Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



de Fetge, Sistema Digestiu i Metabolisme de la Fundació de Recerca Clínic Barcelona-Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, en endavant FUNDACIÓ.

El nombre mínim de mostres objecte dels serveis indicats a l'Annex 2.1 del PCAP, és estimat, en funció de les necessitats de FUNDACIÓ i dels resultats que es vagin obtenint al llarg del servei. En el cas de no aconseguir el nombre de mostres estipulat, no existirà un compromís per part de FUNDACIÓ d'arribar al nombre de mostres indicat.

L'abast de la prestació serà el següent:

PREPARACIÓ DE LLIBRERIES I SEQÜENCIACIÓ

Sublot 1: Seqüenciació del transcriptoma complet (normal input, Stranded mRNA-seq)

Control de qualitat de les mostres (quantificació fluorimètrica i anàlisi d'integritat)
Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat
Kit de captura i llibreria: Stranded mRNA (Illumina) o equivalent/ compatible
Instrument: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
Longitud de lectura: 2x50pb o 2x150pb
Cobertura: 35 M PE reads i 50 M PE reads
Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
Requisits de les mostres: 100-1000 ng total RNA, concentració entre 20-100ng/ul
Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 1: Seqüenciació del transcriptoma complet (low input, Stranded mRNA or Total RNA-seq)

Control de qualitat de les mostres (quantificació fluorimètrica i anàlisi d'integritat)
Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat
Kit de captura i llibreria: NEBNext Ultra II Directional RNA Library Prep Kit o equivalent/compatible
Instrument: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
Longitud de lectura: 2x50pb o 2x150pb
Cobertura: 35 M PE reads i 50 M PE reads
Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
Requisits de les mostres: 100-1000 ng total RNA, concentració entre 20-100ng/ul
Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 1: Seqüenciació del transcriptoma complet (normal input or low input) a partir de llibreries externes ja preparades

Control de qualitat de les llibreries (Bioanalyzer + qPCR)
Instrument de seqüenciació: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
Longitud de lectura: 2x50pb o 2x150pb
Cobertura: 35 M PE reads o 50 M PE reads
Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
Requisits per a la preparació de llibreries externes: volum mínim de 120. molaritat superior a 10nM.
Ús d'Unique Dual Indexing (Illumina) per a una correcta demultiplexació de les llibreries.
Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 1: Seqüenciació de llibreries externes realitzades amb Visium HD (10xGenomics)

Dual-index sequencing run: les llibreries Visium HD Spatial Gene Expression libraries are dual-indexed.

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

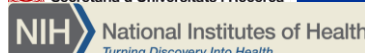
LOSQ MCL AEI



Generalitat
de Catalunya



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



La seqüenciació es realitzarà en un Illumina NovaSeq 6000 o superior, amb les següents condicions:
 Seqüenciació paired-end de 150bp a una profunditat de 80 Gb/mostra
 Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 2: Seqüenciació del genoma complet (WGS)

Control de qualitat de les mostres (quantificació fluorimètrica i anàlisi d'integritat)
 Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat
 Kit de captura i llibreria: Hyper Kappa Roche o equivalent/compatible
 Instrument: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
 Longitud de lectura: 2x150pb
 Cobertura: >90 Gb (approx. 30x) i >150 Gb (approx. 50x)
 Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
 Requisits de les mostres: 2,5ug total DNA, concentració entre 50-200ng/ul
 Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 2: Seqüenciació de l'exoma complet (WES)

Control de qualitat de les mostres (quantificació fluorimètrica i anàlisi d'integritat)
 Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat
 Kit de captura i llibreria: Kappa Roche o equivalent/compatible
 Instrument: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
 Longitud de lectura: 2x150pb
 Cobertura: 90x i 150x
 Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
 Requisits de les mostres: 225ng total DNA, concentració entre 5-10ng/ul
 Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 2: Seqüenciació de l'exoma complet (WES) a partir de llibreries externes ja preparades

Control de qualitat de les llibreries (Bioanalyzer + qPCR)
 Instrument de seqüenciació: NovaSeq 6000 (Illumina) o superior
 Longitud de lectura: 2x150pb
 Cobertura: >90x o >150x
 Control de qualitat de les dades i tramesa de FASTQ via ftp
 Requisits per a la preparació de llibreries externes: volum mínim de 120. molaritat superior a 10nM.
 Ús d'Unique Dual Indexing (Illumina) per a una correcta demultiplexació de les llibreries.
 Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 3: Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant Chromium Single Cell 3' Gene Expression (10xGenomics)

Control de qualitat de les mostres
 Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat
 Preparació de llibreries de Chromium Single Cell 3' Gene Expression, a partir d'un nombre de cèl·lules viables, al voltant de 50.000 per mostra.
 Per a la captura i l'etiquetatge de cèl·lules/nuclis individuals s'utilitzarà el 10X Genomics Chromium Controller amb un target de captura de 5000-10000 cèl·lules/nuclis per mostra.
 La seqüenciació es realitzarà a una profunditat de 25-50 milions de lectures per llibreria (50 bp de paired end).

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOS MCL AEI



Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



La seqüenciació del Chromium Single Cell 3' Gene Expression es realitzarà en un Illumina Novaseq 6000 (100 bp de paired end) a una profunditat de 200-400 milions de lectures per llibreria (40 mil lectures per cèl·lula).

Juntament amb les dades crues produïdes pel seqüenciador, es lliurarà un primer set d'anàlisi que inclou:

- Resum que descriu la qualitat general del sequencing (nombre de cèl·lules detectades, nombre de lectures per cèl·lula, nombre de gens detectats, peak calling...);
- Anàlisi de clusters;
- Llista de gens amb expressió diferencial entre clusters;
- Identificació de correspondències entre pics i gens

Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 3: Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 4-plex Reagent Kits - 10x Genomics

Control de qualitat de les mostres

Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat.

Preparació de 4 llibreries de Chromium Single Cell 3' Gene Expression, a partir d'un nombre de cèl·lules viables, al voltant de 50.000 per mostra.

Per a la captura i l'etiquetatge de cèl·lules/nuclis individuals s'utilitzarà el 10X Genomics Chromium Controller amb un target de captura de 5000 cèl·lules/nuclis per mostra.

La seqüenciació es realitzarà a una profunditat de 25-50 milions de lectures per llibreria (50 bp de paired end).

La seqüenciació del Chromium Single Cell 3' Gene Expression es realitzarà en un Illumina Novaseq 6000 (100 bp de paired end) a una profunditat de 200 milions de lectures per llibreria (40 mil lectures per cèl·lula).

Juntament amb les dades crues produïdes pel seqüenciador, es lliurarà un primer set d'anàlisi que inclou:

- Resum que descriu la qualitat general del sequencing (nombre de cèl·lules detectades, nombre de lectures per cèl·lula, nombre de gens detectats, peak calling...);
- Anàlisi de clusters;
- Llista de gens amb expressió diferencial entre clusters;
- Identificació de correspondències entre pics i gens

Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

Sublot 3: Seqüenciació de cèl·lules o nuclis individuals mitjançant Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics (10xGenomics)

Control de qualitat de les mostres

Reemplaçament gratuït de les mostres que no passen el control de qualitat

Preparació de llibreries de Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression a partir de cèl·lules o nuclis viables, amb un nombre inicial aproximat de 50.000 per mostra

Per a la captura i etiquetatge simultani de transcriptoma i accessibilitat cromatínica de cèl·lules/nuclis individuals s'utilitzarà el sistema Chromium Controller de 10x Genomics, amb un objectiu de captura d'entre 5.000 i 10.000 cèl·lules/nuclis per mostra

La seqüenciació es realitzarà en un Illumina NovaSeq 6000, amb les següents condicions:

Per a la llibreria d'expressió gènica: seqüenciació paired-end de 100 bp a una profunditat d'aproximadament 25.000-50.000 lectures per cèl·lula

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSQ MCI AEI



Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



Per a la llibreria d'ATAC: seqüenciació paired-end de 50 bp a una profunditat d'aproximadament 25.000-50.000 fragments per cèl·lula

Juntament amb les dades crues del seqüenciador, es lliurarà un primer set d'anàlisi que inclourà:

Resum de la qualitat del sequencing (nombre de cèl·lules detectades, nombre de lectures per cèl·lula, nombre de gens i regions accessibles detectades, fragment size distribution, TSS enrichment, etc.)

Anàlisi integrativa de clusters (RNA + ATAC)

Llista de gens amb expressió diferencial entre clusters

Identificació de motius i factors de transcripció associats a regions accessibles

Temps de lliurament de resultats: màxim de 10 setmanes des del control de qualitat

2. OBJECTIU I IDONEÏTAT DE LA CONTRACTACIÓ

Objectiu: Amb aquesta contractació es pretén desenvolupar les diferents línies de recerca del grup com són l'estudi de la hipertensió portal, la regressió de la cirrosi, la trombosi venosa portal i les malalties vasculars rares del fetge. Actualment, aquestes línies de recerca es troben finançades per convocatòries públiques i privades:

- "Portosinusoidal vascular disorder: Identification of new therapies & risk stratification", Codi oficial PI23/00997; (ref. interna P-PI049290)
- "PortoSinusoidal Vascular Disease: Risk stratification & Therapeutic Approaches", Codi oficial RiTA AC23_2/00015; (ref. interna PI049490)
- "Nuevas herramientas diagnósticas, pronósticas y de evaluación de la respuesta al tratamiento de pacientes con enfermedades vasculares del hígado", Codi oficial PI23/01102; (ref. interna (P-PI049270)

Idoneïtat: La FRCB-IDIBAPS és una Fundació del Sector Públic de la Generalitat de Catalunya, i la idoneïtat del contracte ve habilitada pels seus objectius fundacionals, com són el desenvolupament, promoció, gestió i difusió de la recerca i innovació en l'àmbit de les ciències biomèdiques, especialment orientada a l'activitat de recerca bàsica, translacional i clínica en el si del Consorci Hospital Clínic de Barcelona i en tots els àmbits on l'Hospital desplega la seva activitat be per si mateixa o juntament amb altres entitats, també en tot allò pel que fa a la UB; sent les seves finalitats: (i) el Contribuir des de la recerca i innovació, al desenvolupament de solucions per a la millora de la salut en les diverses especialitats de les ciències de la salut; (ii) Generar coneixement científic; i (iii) Transmetre a la societat els avenços científics i valoritzar-los.

El fet que el contracte tingui com a objectiu aportar recursos necessaris pel desenvolupament de projectes de recerca de la FRCB-IDIBAPS, de tal manera que se satisfacin, de forma directa, clara i proporcional, les necessitats que s'especifiquen en el seu punt primer de la present memòria, motiven la idoneïtat del contracte. La FRCB-IDIBAPS disposa d'una consolidada estructura de laboratoris, i la seva activitat depèn dels recursos de què disposi per a la realització dels seus projectes de recerca, fonamentals pel desenvolupament de l'activitat que li és pròpia.

3. CARACTERÍSTIQUES TÈNIQUES ESSENCIALS, SENSE LES QUALS NO ES POT PRESENTAR PROPOSTA:

Constitueixen característiques essencials generals del servei les següents:

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSQ MCI AEI



Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



3.1. Es requereixen els serveis d'un centre en el qual es realitzi Chromium Single Cell 3' Gene Expression i Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics de 10X Genomics.

3.2. El proveïdor haurà de realitzar les seqüenciacions en un equip Illumina NovaSeq 6000 o en un equip superior, també d'Illumina.

3.3. El proveïdor haurà de realitzar el control de qualitat de les mostres.

3.4. El proveïdor realitzarà l'anàlisi bioinformàtica preliminar: QC de les dades a través dels pipelines de 10x genomics Cell Ranger (alignment, filtering, vaixell counting and UMI counting). Determinació de matrius, clusters i anàlisi d'expressió gènica.

3.5. En plataforma 10x Genomics:

- a) Dispositiu amb microfluídica a base de gotes Gel Bead-In-EMulsions (GEMs, 10x Genomics™).
- b) Incubació de les GEMs i producció de cDNA amb codi de barres (Chromium Single Cell Controller™).
- c) Amplificació per PCR del cDNA amb codi de barres per generar suficient massa.
- d) Atès que es tracta de seqüenciació single-cell, per garantir la viabilitat de les mostres, el servei s'haurà de fer en instal·lacions properes a l'Hospital Clínic de Barcelona, de tal manera que, un cop obtingudes les mostres, no tardin més de trenta minuts a poder-les processar.
- e) El temps d'entrega de resultats no podrà ser superior a 16 setmanes (des que les mostres passen els controls de qualitat fins al lliurament dels resultats en format de fitxers FASTQ). El control de qualitat s'ha de realitzar en un termini màxim de 2 setmanes, des de la seva recepció a la seu del contractista.

3.6. Disseny experimental:

- Preparació de llibreries de Chromium Single Cell 3' Gene Expression i Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics, a partir d'un nombre de cèl·lules viables, al voltant de 50.000 per mostra. Per a la captura i l'etiquetatge de cèl·lules individuals s'utilitzarà el 10X Genomics Chromium Controller amb un target de captura de 5000-10000 cèl·lules per mostra.
- La seqüenciació de les cèl·lules primàries es realitzarà a una profunditat de 25 milions de lectures per llibreria (50 bp de paired end).
- La seqüenciació del Chromium Single Cell 3' Gene Expression es realitzarà en un Illumina Novaseq 6000 (100 bp de paired end) a una profunditat de 200-400 milions de lectures per llibreria (40 mil lectures per cèl·lula).

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

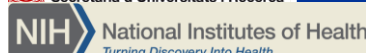
LOS MCLAEI



Generalitat
de Catalunya



These projects have received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme.



- Juntament amb les dades crues produïdes pel seqüenciador, es lliurarà un primer set d'anàlisi que inclou:

- Resum que descriu la qualitat general de la seqüenciació (nombre de cèl·lules detectades, nombre de lectures per cèl·lula, nombre de gens detectats, peak calling...);
- Anàlisi de clústers;
- Llista de gens amb expressió diferencial entre clústers;
- Identificació de correspondències entre pics i gens

3.7. Un cop les mostres passin el control de qualitat, el proveïdor avisarà formalment el responsable del control a IDIBAPS.

3.8. Les mostres s'hauran de seqüenciar en un període de temps màxim de deu (10) setmanes, des que les mostres passin el control de qualitat fins que s'enviïn els fitxers FASTQ.

3.9. Després de la finalització del servei, s'haurà de donar a IDIBAPS els resultats de la seqüenciació, mitjançant un disc dur o a través de servidor, en el termini màxim de 16 setmanes, o en el termini establert en l'oferta de l'adjudicatari, cas de millor aquest.

3.10. El servei de seqüenciació es realitzarà a les instal·lacions de l'adjudicatari, qui haurà d'enviar els resultats a l>IDIBAPS dins del termini del contracte.

L'absència d'alguna d'aquestes característiques serà motiu d'exclusió del licitador o de resolució del contracte amb aplicació de penalitats en el supòsit que la seva absència es detecti un cop formalitzat el contracte.

4. CONDICIONS COMPLEMENTÀRIES QUE S'EXIGEIXEN

4.1. Els licitadors hauran de presentar l'oferta a la totalitat del servei, però desglossaran en la seva oferta cadascun dels ítems que la componen, amb especificació de terminis.

4.2. Tots els serveis oferts hauran de complir amb els requeriments tècnics i de qualitat expressament exigits per la normativa nacional i internacional.

4.3. La vigència del contracte de servei s'inicia amb la formalització del contracte i finalitzarà el 31/12/2028.

4.4. Realització de la prestació del servei: el personal encarregat de la realització del servei comptarà amb la formació i experiència adequada per a la realització dels serveis objecte del present contracte.

4.5. Els grups experimentals entre els quals es realitzaran les anàlisis d'expressió diferencial seran definides per l'investigador Principal del Projecte.

4.6. El servei ha de quedar garantit de manera que els possibles errors tècnics produïts durant l'obtenció de resultats seran esmenats, per part del proveïdor, sense cost addicional i en el menor temps possible. L'incompliment d'aquest requisit generarà penalitats per a l'adjudicatari.

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSQ MGL AEI

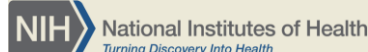


Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



4.7. D'acord amb el que estableix l'article 10 de la Llei Orgànica 15/1996, de 13 de Desembre de Protecció de Dades de Caràcter Personal, l'empresa adjudicatària, així com el personal que adscriuï a la prestació del servei, queden obligats a guardar secret respecte aquelles dades personals que conegui per raó de la prestació dels serveis que es contractin i a no comunicar-les a tercers persones, obligacions que subsistiran fins i tot en el cas que finalitzés la seva relació contractual amb IDIBAPS.

4.8. D'acord amb el que estableix el Reglament (UE) 2016/679 de 27 d'abril relatiu a la protecció de les persones físiques en relació al tractament de les seves dades personals informem que en cas que resulti adjudicatari del procediment de licitació, i l'objecte d'aquest concurs impliqui accés a dades personals sota la responsabilitat d'IDIBAPS, haurà de signar el contracte d'encarregat de tractament que li proporcioni IDIBAPS.

4.9. La transferència de dades i resultats haurà de garantir les normes de protecció de dades de caràcter personal (Llei Orgànica 15/1999, de 13 de desembre), per a la qual cosa l'adjudicatari s'obliga a disposar d'un sistema de comunicacions online que asseguri la confidencialitat dels mateixos. La transmissió de dades de caràcter personal a través de xarxes públiques o xarxes sense fil de comunicacions electròniques es realitzarà xifrant aquestes dades o bé utilitzant qualsevol altre mecanisme que garanteixi que la informació no sigui intel·ligible ni manipulada per tercers.

Quant a la protecció de dades de caràcter personal cal atènyer-se al que disposa el Reglament Europeu de Protecció de dades personals indicat amb anterioritat.

4.10. El servei ha d'haver finalitzat el 31/12/2028, moment en què IDIBAPS haurà d'haver rebut l'última factura. A efectes de facturació és imprescindible que es faci constar a les factures la referència de l'expedient (F25.024CNAM).

El pagament de les factures requerirà el vistiplau de l'investigador principal.

5. DRETS DE LES PARTS

Més enllà dels drets i obligacions per a les parts establerts en el PCAP, la prestació del servei no generarà cap dret per a l'adjudicatari en relació a la propietat intel·lectual dels resultats científics que generi l'execució del contracte. IDIBAPS serà el titular dels drets de propietat intel·lectual de qualsevol dada o informació que es generi com a conseqüència del servei.

Es prohibeix qualsevol menció de la marca IDIBAPS per part de l'adjudicatari, sense prèvia autorització formal per part d'IDIBAPS.

A Barcelona,

Dra. Virginia Hernández
Càrrec: IP responsable del projecte

Dr. Juan Carlos Garcia Pagán
Càrrec: IP responsable del projecte

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSO MGL AEI



Generalitat
de Catalunya

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme



ANNEX 1 PPT

**DECLARACIÓ RESPONSABLE ACREDITATIVA DELS REQUERIMENTS
TÈCNICS ESSENCIALS ESTABLERTS AL PPT**

EXP. F25.024CNAM

El/La Sr./Sra. _____, amb NIF núm. _____, en el seu propi nom i en representació de l'empresa a la qual representa,

DECLARA

Que coneix i compleix estrictament les condicions i requisits essencials que s'exigeixen en el Plec de Prescripcions Tècniques (PPT), per poder participar en el procediment de l'adjudicació del contracte " _____", i es compromet a executar-lo amb estricta subjecció als requisits i condicions estipulades en els plecs i en l'oferta presentada.

I perquè així consti, firmo aquesta declaració responsable en _____ a _____ de _____ 2025.

Identificació i signatura

F25.024CNAM PPT_Sequenciació.docx



Cofinanciado por
la Unión Europea

LOSO MG-AB



**Generalitat
de Catalunya**

Generalitat de Catalunya
Departament d'Empresa i Coneixement
Secretaria d'Universitats i Recerca



These projects have received funding from the European Union's Horizon
2020 research and innovation programme

