

Expedient: F25.024CNAM

Tipus: Servei

Procediment: Acord Marc Obert

Objecte: ACORD MARC DE SERVEIS DE SEQÜENCIACIÓ PER A 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 LA FUNDACIÓ DE RECERCA CLÍNIC BARCELONA – INSTITUT D'INVESTIGACIONS BIOMÈDIQUES AUGUST PI I SUNYER, AMB L'HOMOLOGACIÓ D'UN ÚNIC PROVEÏDOR.

RESOLUCIÓ D'APROVACIÓ D'EXPEDIENT I DESPESA I OBERTURA DE PROCEDIMENT D'ADJUDICACIÓ

Dra. Susana Puig, Directora i el Sr. David Badia, Gerent de la Fundació de Recerca Clínic Barcelona - Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (d'ara endavant, FUNDACIÓ), actuant com a òrgan de contractació per delegació de la Comissió Delegada.

Vista la necessitat d'esmenar el Plec de Clàusules Administratives Particulars (PCAP), el Plec de Prescripcions tècniques (PPT) i l'Annex 2 de l'oferta econòmica de l'expedient per l'Acord marc de serveis de seqüenciació per a 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 la Fundació de Recerca Clínic Barcelona-Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, amb l'homologació d'un únic proveïdore modificuen els següents punts:

-Del Plec de Prescripcions tècniques (PPT): Es modifica els apartats 1) "Objecte del contracte" quedant redactat de la manera següent:

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 preclínic 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 GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 (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 Epi Multiome ATAC + Gene Expression (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 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

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 GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 (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 X amb un target de captura de 5000-10000 cèl·lules/nuclis per mostra.

La seqüenciació del GEM-X Universal 3' Gene Expression v4es 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 1 llibreria (1 plex de 4 mostres individuals) de GEM-X Universal 3' Gene Expression v4, 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 X amb un target de captura de 5000 cèl·lules/nuclis per mostra.

La seqüenciació del GEM-X Universal 3' Gene Expression v4es realitzarà en un Illumina Novaseq 6000 (100 bp de paired end) a una profunditat de 800 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 Epi Multiome ATAC + 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 Multiome ATAC + Gene Expression a partir de cèl·lules o nuclis viables, amb un nombre inicial aproximat de 500.000 per mostra

Per a la captura i etiquetatge simultani de transcriptoma i accessibilitat cromatínica de cèl·lules/nuclis individuals s'utilitzarà el sistema Chromium X 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

Per a la llibreria d'ATAC: seqüenciació paired-end de 100 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

-Del Plec de Clàusules Administratives Particulars (PCAP) i de l'Annex 2.1 Oferta econòmica: Es modifica del Sublot 3 el nombre del servei quedant redactat de la manera següent:

3	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 (10xGenomics) - 5000 cells	Sample	10
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 (10xGenomics) - 10000 cells	Sample	4
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante GEM-X Universal 3' Gene Expression v4 4-plex Reagent Kits - 10x Genomics	Sample	4
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante Epi Multiome ATAC + Gene Expression (10xGenomics) - 5000 cells	Sample	6
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante Epi Multiome ATAC + Gene Expression (10xGenomics) - 10000 cells	Sample	2

Como Òrgan de contractació,

RESOLC

Primer.- Aprovar el Plec de Clàusules Administratives Particulars i de prescripcions tècniques esmenats de l'expedient pel de l'Acord marc de serveis de seqüenciació per a 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 la Fundació de Recerca Clínic Barcelona-Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, amb l'homologació d'un únic proveïdor, amb un valor estimat del contracte de 180.000 euros, IVA no inclòs, per a la Fundació de Recerca Clínic Barcelona – Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, així com els plecs de clàusules administratives particulars i de prescripcions tècniques que regiran l'esmentada contractació (Exp. F25.024CNAM).

Segon. - Aprovar la despesa corresponent a aquest contracte, a càrrec dels projectes subvencionats per l'Institut de Salut Carles III (ISCIII) mitjançant els projectes indicats en l'apartat III, per un pressupost de licitació de 150.000 euros, sense IVA, més 31.500 euros en concepte d'IVA, total 181.500 euros IVA inclòs, amb la plurianualitat especificada en l'expedient.

Aquesta contractació va càrrec dels projectes subvencionat per l'Institut de Salut Carlos III (ISCIII) mitjançant el projecte PI23/00997 "Enfermedades Vasculares Portosinusoidales: Identificación de nuevas dianas terapéuticas y estratificación del riesgo", i per la Unió Europea; el projecte AC23_2/00015 "PortoSinusoidal Vascular Disease: Risk stratification & Therapeutic Approaches"; PI23/01102 "Nuevas herramientas diagnósticas, pronósticas y de evaluación de la respuesta al tratamiento de pacientes con enfermedades vasculares del hígado" i per la Unió Europea. A l'efecte de publicitat, s'informa que els contractes basats podran finançar-se amb fons de diferent procedència, com l'Institut de Salut Carles III (ISCIII), del AEI, o amb fons europeus, o de la Generalitat de Catalunya.

Tercer. - Ordenar la publicació de la present resolució en el perfil de contractant de la FRCB-IDIBAPS, allotjat en la Plataforma de Serveis de Contractació de la Generalitat de Catalunya, i que la licitació sigui anunciada en la forma i pels mitjans que legalment procedeixin, respectant la normativa de publicitat pròpia del finançador, i es amplii el termini de presentació de les ofertes segons correspongui.

Així com comunicar aquesta designació als interessats a fi que quedin assabentats que pròximament se'ls comunicarà el dia i l'hora en què hauran de comparèixer per a constituir-se en Mesa de contractació.

En Barcelona

Susana Puig
Directora FRCB-IDIBAPS

David Badia
Gerent FRCB-IDIBAPS