

ESMENA DE L'ANUNCIO DE LA FUNDACIÓ DE RECERCA CLÍNICA BARCELONA – INSTITUT D'INVESTIGACIONS BIOMÈDIQUES AUGUST PI I SUNYER POR EL QUE SE HACE PÚBLICA LA LICITACIÓN PARA LA CONTRATACIÓN DE UN EI ACUERDO MARCO PARA LA CONTRATACIÓN DE LOS SERVICIOS DE SECUENCIACIÓN PARA APOYAR A LAS LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN DEL GRUPO “Regulación de la microcirculación hepática en la cirrosis y enfermedades vasculares hepáticas” DEL ÁREA DE HÍGADO, SISTEMA DIGESTIVO Y METABOLISMO DE LA FUNDACIÓ DE RECERCA CLÍNICA BARCELONA – INSTITUT D'INVESTIGACIONS BIOMÈDIQUES AUGUST PI I SUNYER, CON LA HOMOLOGACIÓN DE UN ÚNICO PROVEEDOR.

EXP. F25.024CNAM

De la licitació publicada el dia 9/07/2025 a la Plataforma de contractació s'esmena els següents documents:

-Plec de Prescripcions Tècniques (PPT)

On posava:

- 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)

Ha de posar:

- 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)

On posava:

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.

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

Ha de posar:

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.

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

Seqüenciació paired-end de 100bp a una profunditat de 25 Gb/mostra

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

On posava:

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).

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

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

Ha de posar:

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 v4 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 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 v4 es 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

-Plec de Clàusules administratives Particulars (PCAP) i Annex 2.1 Oferta econòmica:

On posava:

3	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante Chromium Single Cell 3' Gene Expression (10xGenomics) - 5000 cells	Sample	10
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante Chromium Single Cell 3' Gene Expression (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 Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics (10xGenomics) - 5000 cells	Sample	6
	Secuenciación de células o núcleos individuales mediante Chromium Single Cell 3' Gene Expression + ATACseq Multiomics (10xGenomics) - 10000 cells	Sample	2

Ha de posar:

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

-ANUNCI DE LICITACIÓ:

On posava:

Fecha límite de presentación de ofertas: 24/07/2025 a las 14:00 h.

Ha de posar:

Fecha límite de presentación de ofertas: 30/07/2025 a las 14:00 h.

En Barcelona, a 15 de julio de 2025.

Cristina Monsalve
 Técnico Unidad de Contratación Pública
 Fundació de Recerca Clínic Barcelona – Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer