PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS
LICITACIÓN DEL CONTRATO DE SUMINISTRO DE REACTIVOS PARA LA SECUENCIACIÓN NGS APROXIMACIÓN METAGENÓMICA POR PROCEDIMIENTO ABIERTO SUPERSIMPLIFICADO

FUNDACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN BIOSANITARIA DE ANDALUCÍA ORIENTAL (FIBAO)

Expediente: 011_2022

Título: Contrato de suministro de reactivos para la secuenciación NGS

Código CPV: 33696500-0 Reactivos de Laboratorio

44280097Z SARAH EILIS BIEL (R: G18374199)

Firmado digitalmente por: 44280097Z SARAH EILIS BIEL (R: G18374199)
ND: CN = 44280097Z SARAH EILIS BIEL (R: G18374199) C = ES O = FUND.ALEJANDRO OTERO FIBAO
Fecha: 2022.08.10 09:29:25 + 02'00'

1. Objeto.

Constituye el objeto del presente Pliego establecer las condiciones y características técnica del contrato de suministro de reactivos para la secuenciación NGS aproximación metagenómica, para la secuenciación de genomas completos de VIH-1

Este contrato de desarrolla en el marco y memoria del proyecto de investigación con código PI 18/00819 y título Vigilancia epidemiológica de la transmisión de resistencias a antiretovirales en España. Estudio Filogenético, Filodinámico y Filoétnico, financiado por el Instituto de Salud Carlos III y cofinanciado con fondos FEDER.

Para la delimitación del objeto del contrato dentro del vocabulario Común de Contratos (CPV), aprobado por el Reglamento (CE) nº 2195/2002 del Parlamento Europeo y del Consejo de 5 de noviembre de 2002, modificado por el Reglamento 213/2008, la referencia asignada es: 33696500-0 Reactivos de Laboratorio

2. Características técnicas.

Los reactivos deben incluir:

- Reactivos para la preparación de librerías genómicas que permitan la realización de todo el proceso en menos de 4 horas, aproximación metagenoma, similar o igual a CoVID-Seq.

- Reactivos para el revelado de las librerías con versatilidad para obtener diferentes rangos de output, entre 5 y 180 Gb.

Los reactivos deben permitir realizar los siguientes estudios:

- Secuenciación NGS mediante aproximación de metagenoma, para poder aplicar en secuecniación de genomas completos de VIH-1

- Generación de archivos en formato fastaq de las muestras procesadas