

PD 074-18

FORMA NLP- 02- S

INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS MÉDICAS Y NUTRICIÓN SALVADOR ZUBIRÁN

FORMATO DE JUSTIFICACIÓN PARA CONTRATACIÓN DE SERVICIOS SIN PROCEDIMIENTO DE LICITACIÓN PÚBLICA POR ARTÍCULO 42 LEY DE ADQUISICIONES, ARRENDAMIENTOS Y SERVICIOS DEL SECTOR PÚBLICO

1.- Descripción del servicio a contratar:

El análisis del transcriptoma mediante el uso de herramientas computacionales por parte de un grupo de expertos bioinformáticos.

2.- Indicar el procedimiento de contratación propuesto con una X en el paréntesis correspondiente:

Invitación a cuando menos tres personas ( )

Adjudicación directa ( X )

3.- Fundamento legal artículo 42 de la Ley de Adquisiciones, Arrendamientos y Servicios del Sector Público:

"...las dependencias y entidades, bajo su responsabilidad, podrán contratar adquisiciones, arrendamientos y servicios, sin sujetarse al procedimiento de licitación pública, a través de los de invitación a cuando menos tres personas o de adjudicación directa, cuando el importe de cada operación no exceda los montos máximos que al efecto se establecerán en el Presupuesto de Egresos de la Federación, siempre que las operaciones no se fraccionen para quedar comprendidas en los supuestos de excepción a la licitación pública a que se refiere este artículo."

4.- Indicar los plazos y condiciones (anexo técnico) de la entrega de los bienes: Inmediata

4.2.-Condiciones (anexo técnico) Se entregara en el Departamento de Infectología

5.- Precio estimado sin IVA: \$93,000.00 (Noventa y tres mil pesos 00/100 M.N.)



## INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS MÉDICAS Y NUTRICIÓN SALVADOR ZUBIRÁN

FORMATO DE JUSTIFICACIÓN PARA CONTRATACIÓN DE SERVICIOS SIN PROCEDIMIENTO DE LICITACIÓN PÚBLICA POR ARTÍCULO 42 LEY DE ADQUISICIONES, ARRENDAMIENTOS Y SERVICIOS DEL SECTOR PÚBLICO

6.- Forma de pago propuesta: TRANSFERENCIA BANCARIA

7.- Anexar tres cotizaciones sin IVA:

1. OMICS Analysis	\$93,000.00
2. LC Sciences	\$108,780.00
3. CD Genomics	\$145,040.00

8.- Justificación:

El análisis del transcriptoma es una tarea compleja, que implica trabajo experimental y computacional por lo que el uso de herramientas computacionales es indispensable para analizar de forma eficiente el transcriptoma. Es fundamental que este análisis lo lleve a cabo un equipo de bioinformáticos con la experiencia necesaria para entender los mecanismos experimentales y los ligue al análisis informático. La compañía OMICS, cuenta con la experiencia como especialista en el área y se ha destacado como asesora en diferentes proyectos de este tipo. Es importante resaltar que los servicios de esta compañía incluyen además del análisis en sí, asistencia, por lo que el proyecto se verá enriquecido con su asesoría. Se seleccionó a esta compañía por sus servicios superiores que incluyen:

**Para la etapa de análisis de calidad y filtrado de datos**

Gráficas de calidad (Phred score) de archivos FastQ, por ciclo (flujo de secuenciación) y por lectura.

Gráficas y tabla de estadísticas de calidad de alineamiento.

Diagrama de dispersión (scatter plot) comparando los niveles de expresión en la escala log<sub>2</sub> RPM entre réplicas. Con el fin de observar la correlación entre réplicas.

Gráficas boxplots de los niveles de expresión sin normalizar y normalizados.

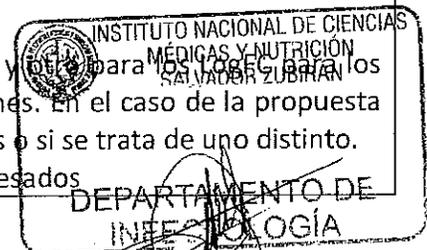
Gráficas de densidad de los niveles de expresión sin normalizar y normalizados.

Gráficas PCA o MDS para visualizar en 2 dimensiones la similitud entre muestras, con el fin de identificar muestras mal etiquetadas u outliers.

**Para el análisis de expresión diferencial**

2 gráficas de mapas de calor uno para los valores de expresión normalizados y otro para los valores de expresión de los genes cuyo cambio en la expresión resulte significativo en las 25 comparaciones. En el caso de la propuesta de Winter Genomics se incluye un mapa, no se especifica cuál de los anteriores o si se trata de uno distinto.

Para el Estudio de la clasificación funcional de los genes diferencialmente expresados



## INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS MÉDICAS Y NUTRICIÓN SALVADOR ZUBIRÁN

## FORMATO DE JUSTIFICACIÓN PARA CONTRATACIÓN DE SERVICIOS SIN PROCEDIMIENTO DE LICITACIÓN PÚBLICA POR ARTÍCULO 42 LEY DE ADQUISICIONES, ARRENDAMIENTOS Y SERVICIOS DEL SECTOR PÚBLICO

Gráficas de barras apiladas para la cantidad de genes por ruta, una para el total de genes estudiados y otra para los genes diferencialmente expresados. Aquí te entregamos 2 gráficas en lugar de un Piechart. En el caso de la propuesta de Winter Genomics no tenemos muy claro si el gráfico de pie que proponen corresponde al total de los genes o a los diferencialmente expresados.

Tabla con el análisis del enriquecimiento de rutas entre los genes diferencialmente expresados con respecto a los genes totales. Esto es muy importante pues permite tener un parámetro estadístico sobre si una función en particular está verdaderamente sobre-representada entre tus genes de interés.

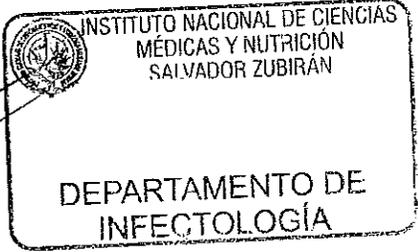
Imágenes de la posición de los genes diferencialmente expresados en los diagramas de las rutas más relevantes. Junto a cada gen diferencialmente expresado se colocarán mapas de calor que indiquen sus cambios de expresión (logFC) en distintas comparaciones. Esta visualización es una oferta especial de OMICS Analysis para tu proyecto (se diseñó con base en tus necesidades).

**Además de contar con otras características de valor:**

Incluye además 18 horas de consultoría presencial y remota, uso no solo de un pipeline pre-establecido, sino que evalúa cada proyecto para proponerte el paquete de servicios de asesoría y análisis que mejor se ajusta a los objetivos, así como la integración de los paquetes de consultoría y análisis de datos nos permiten apoyarte desde la planeación hasta la publicación de tus resultados, permitiendo evaluar continuamente los riesgos y nuevas posibilidades del proyecto.

Por lo que analizando las características de lo ofrecido y valorando el costo beneficio, la mejor oferta considerada es la de OMICS.

9.1



INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS  
MÉDICAS Y NUTRICIÓN  
SALVADOR ZUBIRÁN

DEPARTAMENTO DE  
INFECTOLOGÍA

DRA. LUZ ELENA CERVANTES  
JEFA DE LABORATORIO  
DEPARTAMENTO DE INFECTOLOGIA



# OMICS ANALYSIS

México D.F., 5 de abril de 2018  
Cotización 001-OMICS-4

**OMICS Analysis S. C.**  
1A Cerrada de Camino al Amalillo 4,  
Col. San Andrés Totoltepec, Tlalpan,  
Ciudad de México, C. P. 14400  
RFC: OAN170717EB6  
+52 55 45043528

**Enviado a:**  
**Dr. Gibrán Horemheb Rubio Quintanares**  
Departamento de Infectología  
INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS MÉDICAS Y  
NUTRICIÓN SALVADOR ZUBIRÁN

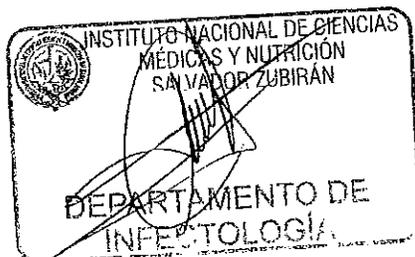
**Facturar a:**  
INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS MÉDICAS Y  
NUTRICIÓN SALVADOR ZUBIRÁN  
RFC: INC710101RH7  
Av. Vasco de Quiroga 15, Col. Belisario  
Domínguez Sección XVI, Tlalpan, Ciudad de  
México, C. P.: 14040

Por medio de la presente me permito entregarle la cotización de lo siguiente:

Catálogo	Descripción	Ctd.	Precio unitario	Precio por proyecto
			MXN	MXN

OMICS001	Servicios de consultoría y análisis de datos para la estima de los genes diferencialmente expresados y el análisis de su clasificación funcional a partir de datos de RNA-seq de individuos infectados con HIV y Pegivirus Humano (HPgV) genotipos 2 y 3 presente en cargas virales bajas o altas. Ver desglose de servicios abajo.	60	\$ 1,550.00	\$ 93,000.00
----------	---	----	-------------	--------------

Sub-total (MXN)	\$ 93,000.00
IVA 16% (MXN)	\$ 14,880.00
<b>Total (MXN)</b>	<b>\$ 107,880.00</b>



**CONDICIONES DE VENTA:**

Precio: En MXN (pesos mexicanos).  
Vigencia de cotización: 60 días.

**FORMA DE PAGO**

Pago por adelantado en una sola exhibición por transferencia bancaria a la siguiente cuenta:  
Nombre: BBVA Bancomer  
Titular: OMICS ANALYSIS SC.  
Número de cuenta: 0110905178  
CLABE: 012180001109051786



# QUOTATION

2575 W. Belfort St. Ste. 270  
 Houston, TX 77054-5029  
 Toll Free - 1-888-528-8818  
 Tel - 713-664-7087  
 Fax - 713-664-8181  
 www.lcsciences.com

Date	Quote No.
2/13/2018	8452

### Prepared For

Customer Name: Dr. Gibrán Horemheb Rubio  
 Company Name: Quintanares  
 Ship Address: Instituto Nacional de Ciencias Médicas  
 y Nutrición Salvador Zubirán  
 Vasco de Quiroga 15, Belisario  
 Domínguez Sección XVI

### Prepared By

Sales Person: Kyle Navel  
 Phone: 1-888-528-8818  
 FAX: 713-664-8181  
 Email: knavel@lcsciences.com

Phone:  
 FAX:  
 Email: castor.marxista@gmail.com

Quotation Valid For: 90 Days  
 Payment Terms: Net 30  
 Delivery Time: 30 Days after sample receipt

We wish to thank you for your inquiry and we are pleased to quote you on the following

Line	Part Number	Description	Price	Qty	Ext Price
1	RNS-1007	Advanced Bioinformatics Service, RNA-Seq (mRNA Sequencing) - De Novo Assembly (if applicable), Alignment of RNA-Seq reads to customer specified reference genome, Identification and construction of splice-junctions, Report of known transcripts with annotation and abundance, Report of novel transcript with abundance, Identification of alternate splicing and report of isoform abundance, Test for differential expression at gene level and transcript level, GO and KEGG annotation and enrichment analysis (optional)	\$100.00	60	\$6,000.00

Subtotal \$6000.00  
 Tax  
 Shipping  
 Total (USD) \$6000.00

**I. Estimated Price**

Description of Service	Unit Price	Qty	Subtotal
CircRNA data analysis	\$133.3	60	\$8,000
Cost for Project:			\$8,000
Cost Per Sample:			\$133.3

**II. Service Description**

Service Type	RNA-seq Data Analysis
Data Type	RNA sequencing data
Library Number	60
Estimated Data Output	~ 7-10 million of 200 bp reads/library
Turnaround Time	15-20 business days

**III. Notes:**

1. Client is responsible for all shipping costs (unless otherwise stated). We will not assume liability for any loss incurred during shipment of starting material, during project execution, or during shipment of deliverables.
2. All details of project will be kept strictly confidential and data security guaranteed.
3. The total project timeline will be dependent upon the receipt of a valid means of payment, but does not include communication delays.
4. The sequencing output data is 7-10 million reads per library
5. The data analysis includes at least:
  - 1) Data QC
  - 2) Alignment/mapping to reference genome
  - 3) Quantification of the number of alignments per transcript
  - 4) Differential expression estimation for 25 comparisons
  - 5) Function enrichment analysis (gene annotation of KEGG pathways) for the differentially expressed genes