

Estudo Técnico Preliminar 28/2024

1. Informações Básicas

Número do processo: 25383.000065/2024-12

2. Descrição da necessidade

Estudo Técnico Preliminar tendo por objetivo a contratação de licenças de uso de software para processamento, análise e interpretação biomédica de dados transcriptômicos e genômicos, com o propósito de aprofundar o entendimento dos mecanismos fisiopatológicos envolvidos em doenças causadas por microorganismos patogênicos, processos oncogênicos e metabólicos.

3. Área requisitante

Área Requisitante	Responsável
Plataforma de Bioinformática	Ricardo Khouri Cunha

4. Necessidades de Negócio

O Instituto Gonçalo Moniz (IGM), ou Fiocruz Bahia, é uma unidade técnico-científica da Fundação Oswaldo Cruz situada em Salvador, no Estado da Bahia, que tem como missão promover a melhoria da qualidade de vida da população através da geração e difusão de conhecimentos científico e tecnológico no estado. Em uma área de aproximadamente 16.000 m2 e uma equipe de 154 profissionais, sendo 54 pesquisadores distribuídos em 12 laboratórios, a Fiocruz Bahia desenvolve diversas ações na área biomédica, de pesquisa, ensino, serviço de referência em saúde e formação de recursos humanos. Os diferentes projetos de pesquisa em execução na instituição distribuem-se pelos seguintes temas de pesquisa: Doenças Parasitárias, com ênfase nas leishmanioses, doença de Chagas e helmintíases; Vacina, Diagnóstico e Tratamento, Doenças Virais e Bacterianas, Doenças Crônico Degenerativas, Abordagens Transversais, Saúde Coletiva, Arboviroses e Doenças Genéticas. A instituição possui subunidades de apoio científico, dotadas de equipamentos importantes para a realização de pesquisa científica e desenvolvimento tecnológico na área da saúde. A Fiocruz Bahia possui ainda Serviços de Referência que atuam no apoio diagnóstico especializado, em parceria com alguns Hospitais do Sistema Único de Saúde (SUS).

As Plataformas Tecnológicas da Fiocruz Bahia também participam do Programa de Laboratórios Compartilhados da SECTI-BA, incluindo a plataforma para diagnóstico do COVID-19. A presente contratação faz parte das medidas de atualização de novas tecnologias para implementar novas funcionalidades e melhoria de desempenho das plataformas tecnológicas (Plataforma de Diagnóstico Molecular) do IGM para o enfrentamento das demandas de saúde pública. Para desenvolver suas atividades, o IGM necessita de um software voltado para a análise de grandes bancos de dados obtidos nos ensaios de alto rendimento (microarranjo, proteômica, genômica etc.), que forneça informações sobre sistemas biológicos e químicos. O

software deve ser capaz de identificar interações moleculares e químicas, fenótipos celulares e processos de doença presentes no seu banco de dados a partir de uma variedade de plataformas experimentais. O IGM já utilizou o software Ingenuity Pathway Analysis (IPA), amplamente utilizado por grandes universidades e grupos de pesquisas no mundo, e que já auxiliou na produção de diversos estudos de alto impacto científico, mas sua licença de uso expirou, o que motivou a atual contratação.

Mostra-se relevante a utilização de um software para esta finalidade para que haja continuidade dos projetos de diferentes grupos de pesquisa do IGM que estão em andamento. A identificação dos mecanismos fisiopatológicos (ex. resposta imune e metabolismo) envolvidos na evolução das formas clínicas graves e óbito durante a infecção pelo novo coronavírus, SARS-CoV-2, são fundamentais para a descoberta de biomarcadores de prognóstico, desenvolvimento de vacinas e reposicionamento de drogas mais eficazes. Através da geração de dados de alto rendimento como transcriptômica e genômica humana tem sido possível acelerar essas descobertas. Contudo, o processamento e interpretação biomédica desses grandes bancos de dados de transcriptômica e genômica humana publicados relacionados a COVID-19 é muito complexo, exigindo alto poder computacional e ferramentas robustas de bioinformática para explorar e gerar conhecimento. O software objeto desta contratação deve permitir analisar grandes bancos de dados obtidos nos ensaios de alto rendimento (RNAseq, microarranjo, proteômica, genômica etc.). Para reduzir a necessidade de investimento em infraestrutura computacional, o software deve disponibilizar a possibilidade de utilizar o poder de processamento de servidores em nuvem. Para minimizar a dependência e necessidade de contratação de profissionais da área de bioinformática, o software precisa oferecer uma interface fácil de usar. Estas capacidades são essenciais para realização das pesquisas em andamento e futuros estudos a serem realizados, atendendo ao interesse público no que diz respeito à mitigação dos impactos das doenças que ocorrem no País, conforme Art. 3º do Decreto nº 8.540, de 9 de outubro de 2015.

O software deve ser fornecido com licença de uso perpétua ou para um prazo não inferior a 4 (quatro) anos para reduzir o impacto da descontinuidade de uso. A licença deve também possibilitar a utilização por todos os laboratórios e plataformas do IGM. Trata-se de uma solução única de TIC que atenderá a todos os laboratórios e plataformas.

5. Necessidades Tecnológicas

O software objeto desta contratação deve ser fornecido com as seguintes características e funcionalidades:

- 1 – Possibilitar analisar dados de expressão gênica, permitindo identificar genes diferencialmente expressos e entender suas implicações biológicas;
- 2 – Possibilitar identificar e visualizar vias biológicas significativas associadas aos genes ou proteínas de interesse, permitindo compreender melhor os processos biológicos subjacentes;
- 3 – Integrar dados de diferentes tipos, como dados de expressão gênica, proteômica, metagenômica e outras fontes de dados biológicos;
- 4 – Permitir a construção e análise de redes de regulação molecular, incluindo redes de interações entre genes, proteínas e moléculas biológicas;
- 5 – Possibilitar identificar funções biológicas, processos e doenças associadas aos genes ou proteínas específicas;

- 6 – Oferecer recursos de visualização interativa para facilitar a interpretação dos resultados, incluindo gráficos de redes, mapas de vias e representações visuais;
- 7 – Suportar análise de interações de proteínas e informações de interações de proteínas conhecidas;
- 8 – Poder ser usado para correlacionar dados de expressão gênica com informações clínicas;
- 9 – Capacidade de lidar com dados de alto rendimento e grandes conjuntos de dados de alta dimensão gerados por tecnologias de sequenciamento de próxima geração e microarrays;
- 10 – Possuir uma base de dados extensa e continuamente atualizada e curada por especialistas para garantir precisão e confiabilidade;
- 11 – Oferecer suporte técnico do fabricante e atualizações regulares.

6. Demais requisitos necessários e suficientes à escolha da solução de TIC

A solução deverá oferecer atualizações frequentes e gratuitas para corrigir erros e implementar novas funcionalidades, bem como suporte gratuito, ambos oferecidos e prestados por quem disponibiliza ou fornece o software, por, no mínimo, o período de 4 (quatro) anos. O prazo de garantia deverá ser considerado a partir da data de emissão do TERMO DE RECEBIMENTO DEFINITIVO do produto. O serviço de assistência técnica de garantia deve cobrir todos os procedimentos técnicos destinados à instalação do produto e ao reparo de eventuais falhas no seu funcionamento.

A solução deverá poder ser utilizada por todos os laboratórios e plataformas do IGM e deverá ser compatível com sistemas operacionais e navegadores disponíveis no mercado, incluindo Microsoft Windows 10, Microsoft Windows 11, Microsoft Windows Server 2012, Google Chrome, Microsoft Edge e Mozilla Firefox.

Todos os itens que compõe a solução deverão ser entregues em horário comercial ao Instituto Gonçalo Moniz, localizado na Rua Waldemar Falcão, 121, Candeal, Salvador, Bahia. CEP: 40296-710.

7. Estimativa da demanda - quantidade de bens e serviços

A licença de uso deverá permitir que o software possa ser instalado em pelo menos três computadores, e que possa ser utilizado por todos os laboratórios e plataformas do IGM nesses três computadores, de forma que somente um usuário possa utilizá-lo por vez. O escalonamento de uso e a escolha dos computadores onde serão instalados ficarão a critério do IGM.

8. Levantamento de soluções

O software é classificado como solução de TIC, conforme Art. 2º, Inciso VII da IN SGD/ME 94, de 2022, e tem o objetivo de possibilitar e ampliar a capacidade de análise de dados ômicos, incluindo expressão gênica, proteínas, metabolitos e variantes de DNA, para realização das atividades de pesquisa no IGM.

Foram identificadas diferentes soluções de TIC que, em primeira análise, podem ser utilizadas para processamento, análise e interpretação biomédica de dados transcriptômicos e genômicos:

Database for Annotation, Visualization, and Integrated Discovery (DAVID), que pode ser utilizada para análise funcional de genes e proteínas, que possibilita identificar termos biológicos relevantes, anotar genes e conduzir análises de enriquecimento de vias.

Metascape, que permite análise funcional e interpretação de dados de expressão gênica, que oferece recursos para análise de vias, ontologia de genes e integração de dados de diferentes fontes.

Enrichr, ferramenta de análise de enriquecimento de genes que fornece acesso a uma coleção de bancos de dados de anotação e permite a análise de genes e proteínas em relação a várias vias e termos biológicos.

Reactome, um banco de dados de vias biológicas que oferece ferramentas de análise e visualização e que pode ser usado para explorar vias biológicas e interações de proteínas.

Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins (STRING), ferramenta que permite a análise de interações de proteínas e redes de proteínas e que ajuda a compreensão das relações entre proteínas e na identificação de possíveis interações funcionais.

Gene Set Enrichment Analysis (GSEA), para análise de enriquecimento de genes que ajuda a identificar vias biológicas ou funções celulares associadas aos dados de expressão gênica.

Cytoscape, que permite a construção e análise de redes complexas, incluindo redes de interações de proteínas e vias biológicas.

Ingenuity Pathway Analysis (IPA), ferramenta de análise de dados ômicos que já foi utilizado pelo IGM e que oferece integração de dados, uma base de dados ampla e atualizada, e com curadoria.

9. Análise comparativa de soluções

A análise comparativa de soluções, realizada pelo requisitante, levou em consideração os seguintes indicadores: integração de dados; atualização e curadoria da base de dados; possibilidade de análise e visualização dos dados; suporte e treinamento do fabricante; possibilidade de colaboração e compartilhamento de resultados; personalização e escalabilidade da base de dados.

9.1. Integração de Dados:

A integração de diferentes tipos de dados ômicos só é mencionada na documentação do IPA, que cita a integração de diferentes tipos de dados ômicos, permitindo que os usuários analisem conjuntamente dados de expressão gênica, proteômica, metabolômica e variantes de DNA. Metascape e Enrichr fazem integração de dados, mas em um escopo limitado, enquanto as outras ferramentas não oferecem integração de dados.

9.2. Atualização e Curadoria da Base de Dados:

O IPA oferece curadoria de uma extensa base de dados, que é atualizada regularmente, o que assegura sua precisão e relevância. As outras ferramentas não oferecem o mesmo nível de atualização ou não oferecem curadoria dos dados.

9.3. Análise e Visualização:

Todas as ferramentas apresentam capacidades de análise e visualização que permitem explorar dados complexos e apresentar resultados de forma gráfica e intuitiva.

9.4. Suporte e Treinamento:

As ferramentas que podem ser utilizadas gratuitamente (DAVID, Metascape, Cytoscape e Enrichr) não oferecem suporte gratuito para os usuários, enquanto as soluções pagas (Reactome, IPA, STRING e GSEA) oferecem suporte como garantia e mediante contratação. Foi identificado que Cytoscape, Enrichr, Reactome e IPA têm cursos ofertados pelo fornecedor ou outras organizações.

9.5. Colaboração e Compartilhamento:

As ferramentas identificadas não oferecem possibilidades de compartilhamento de resultados e colaboração, com exceção do Cytoscape, que permite exportar dados para um arquivo que pode ser enviado para fins de compartilhamento, e IPA, que permite fazer isso pelo aplicativo, sem necessidade de enviar o arquivo fisicamente.

9.6. Personalização e Escalabilidade:

Dentre as ferramentas analisadas, apenas IPA cita em sua documentação as possibilidades de personalização e escalabilidade do banco de dados, permitindo operar com grandes conjuntos de dados.

10. Registro de soluções consideradas inviáveis

O IPA se destaca dentre as demais ferramentas analisadas por oferecer funcionalidades que atendem a todos os indicadores utilizados para compará-las, com destaque para integração de dados, atualização e curadoria de dados, colaboração e compartilhamento de dados e resultados, e personalização e escalabilidade da base de dados. Como nenhuma das demais ferramentas atende a todos esses requisitos, são consideradas inviáveis.

11. Análise comparativa de custos (TCO)

A aquisição dos itens demandados está alinhada às normas de contratação e aquisições de tecnologia da informação, inclusive à IN SGD/ME nº 94/2022.

A empresa QIAGEN Biotecnologia Brasil é única e exclusiva distribuidora dos produtos da empresa QIAGEN NV, fabricante do software Ingenuity Pathway Analysis (IPA), o que impossibilita a realização de cotações com outros fornecedores.

Os valores cotados mostram o custo do licenciamento do produto em três cenários: licença para 1 usuário por 1 ano; licença para 1 usuário por 4 anos; e licença institucional por 1 ano.

Conforme informado pelo representante exclusivo da QIAGEN, não são comercializadas licenças de uso por demanda ou em outra modalidade que seja diferente da anual ou por período maior.

ITEM	LICENÇA 1 ANO (cotação 230803BR01680630LB)	LICENÇA 4 ANOS (cotação 230919BR01696571LB)	LICENÇA INSTITUCIONAL 1 ANO (cotação 230322BR01631458LB)
Ingenuity Pathway Analysis (IPA)	R\$ 89.604,00	R\$ 301.069,44	R\$ 588.933,00

A contratação por 4 anos para um usuário por vez atende às necessidades do IGM e mostra-se menos onerosa para a organização, além de garantir a continuidade do serviço pelo período de vigência.

12. Descrição da solução de TIC a ser contratada

O programa Ingenuity Pathway Analysis (IPA) destaca-se como uma ferramenta utilizado por renomadas universidades e grupos de pesquisa globalmente, contribuindo para análises em inúmeros artigos científicos de grande relevância. O IPA é capaz de processar grandes volumes de dados gerados por técnicas de alto rendimento (como RNAseq, microarranjo, proteômica e genômica, entre outras), através de um sistema de servidores em nuvem, com uma interface prática e intuitiva. Isso elimina a necessidade de investimentos em infraestrutura local e reduz consideravelmente a necessidade de contratação de especialistas em bioinformática com domínio em linguagens computacionais avançadas. Com uma ampla gama de plataformas experimentais in silico e um vasto repositório de dados curados por especialistas, o IPA possibilita a identificação de interações moleculares e químicas, fenótipos celulares e processos de doenças a partir de informações públicas disponíveis. Esta capacidade é essencial para descobrir novos alvos terapêuticos, prognósticos e compreender mecanismos de respostas imunológicas, permitindo avanços na prevenção e tratamento de uma variedade de condições de saúde.

O QIAGEN IPA é um software alimentado pela QIAGEN Knowledge Base, a grande base de dados que potencializa o conteúdo oferecido pelas soluções de bioinformática da QIAGEN. Com mais de 21 anos de curadoria especializada de dados, a Knowledge Base continua a ser enriquecida diariamente com a combinação de inteligência artificial e humana, trazendo informações atualizadas e de confiança. Todo e qualquer dado que é adicionado à base de conhecimento passa por uma curadoria de mais de 200 profissionais dedicados a contextualizar as informações e apresentá-las de maneira fácil ao cliente que acessa os softwares da QIAGEN.

Dessa forma, o QIAGEN IPA é uma solução que está em constante atualização, apresentando dados confiáveis e recentes. Não existem planos de substituição do software e/ou torná-lo obsoleto, pelo contrário, cada vez mais são elaborados novos planos para tornar o IPA a ferramenta mais completa possível.

13. Estimativa de custo total da contratação

Valor (R\$): 301.069,44

Trezentos e um mil sessenta e nove reais e quarenta e quatro centavos.

14. Justificativa técnica da escolha da solução

O software IPA será utilizado por toda a instituição, com escalonamento de uso da única licença para os diferentes laboratórios e plataformas do IGM pelo período de vigência da licença. Com isto, haverá continuidade do uso do software, que é a solução que se apresentou mais adequada em comparação com as demais.

15. Justificativa econômica da escolha da solução

Com o licenciamento por 4 anos, busca-se garantir a continuidade do uso do software IPA, que já foi utilizado em outra oportunidade, reduzindo a necessidade de treinamento. Essa forma de licenciamento de uso garante ainda a atualização do software pelo período de vigência, atendendo às necessidades do IGM de utilizar um software atualizado por um período maior, atendendo às necessidades de projetos mais longos e a de novos projetos que venham a surgir no período de vigência. A opção por licença única reduz o custo da solução, visto que é possível escalar o uso da licença entre os diferentes laboratórios sem prejudicar a realização das atividades de pesquisa.

Não foi identificada ata de registro de preços vigente para contratação do IPA, bem como não há previsão para realização de licitação centralizada da solução pela FIOCRUZ.

16. Benefícios a serem alcançados com a contratação

Ao utilizar um programa avançado como o Ingenuity Pathway Analysis (IPA) para analisar dados transcriptômicos e genômicos, há uma série de resultados e benefícios potenciais a serem alcançados:

16.1. Compreensão Aprofundada de Doenças e Processos Fisiopatológicos:

Revelação de mecanismos moleculares subjacentes que conduzem a formas graves de doenças.

Identificação de respostas imunes e metabolicamente relevantes para a patogênese.

16.2. Descoberta de Biomarcadores de Prognóstico:

Identificação de moléculas ou conjuntos de moléculas que podem ser usadas para prever a progressão da doença ou a resposta ao tratamento.

16.3. Desenvolvimento e Reposicionamento de Terapêuticas:

Revelação de alvos moleculares para o desenvolvimento de novos medicamentos.

Identificação de drogas existentes que podem ser reutilizadas para tratar doenças específicas, acelerando a disponibilidade de tratamentos.

16.4. Desenvolvimento de Vacinas:

Identificação de mecanismos de respostas vacinais protetoras, o que pode acelerar o desenvolvimento de vacinas mais eficazes.

16.5. Redução de Custos e Tempo na Pesquisa:

A capacidade do IPA de processar rapidamente grandes volumes de dados pode reduzir significativamente o tempo necessário para analisar e interpretar resultados experimentais.

Ao evitar a necessidade de aquisição de computadores caros e contratação de bioinformatas especializados, os custos associados à pesquisa são minimizados.

16.6. Fortalecimento da Pesquisa Nacional:

Com uma ferramenta tão robusta quanto o IPA em mãos, os grupos de pesquisa brasileiros podem estar em pé de igualdade com grandes universidades e grupos de pesquisa internacionais, fortalecendo a ciência e a pesquisa no país.

17. Providências a serem Adotadas

Depois de adquirida a ferramenta, será necessária a instalação e disponibilização de um computador, no qual será instalada a ferramenta, que poderá ser acessada pelos usuários, conforme escala definida pelo setor ou plataforma responsável. O computador precisará de sistema operacional Windows Server 2019, no qual poderá ser configurado acesso remoto.

18. Declaração de Viabilidade

Esta equipe de planejamento declara **viável** esta contratação.

18.1. Justificativa da Viabilidade

O presente Estudo Técnico Preliminar, elaborado pelos integrantes Técnicos e Requisitantes em harmonia com o disposto no art. 11 da Instrução Normativa nº 94/2022 /SGD-ME, ao constatar que os requisitos definidos atendem adequadamente às demandas apresentadas pela área requisitante, os custos previstos são compatíveis com os valores praticados pelo mercado e o cumprimento dos demais aspectos normativos, conclui pela VIABILIDADE DA CONTRATAÇÃO.

19. Responsáveis

Todas as assinaturas eletrônicas seguem o horário oficial de Brasília e fundamentam-se no §3º do Art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).

ANTONIO EDUARDO DE ALBUQUERQUE JUNIOR

Integrante Técnico

EDUARDO FIALHO SILVA

Integrante Administrativo

ANTONIO RICARDO KHOURI CUNHA

Integrante Requisitante