

## Formulário de disciplina

1) **Nome Disciplina:** Novos horizontes em proteômica: da célula única a interactômica

2) **Coordenador:** Paulo Costa Carvalho, Bruno Dallagiovanna

3) **Professores:** Paulo Costa Carvalho  
Marlon Dias  
Tatiana Brasil

### Professores convidados:

Aline Martins (Universidade da California, San Diego)  
Alysson Muotri (Universidade da California, San Diego)  
Rosario Duran (Instituto Pasteur Montevideo)  
Giovana Lopes (Universidade da California, San Francisco / Unicamp)  
Fabio Gozzo (Unicamp, SP)

4) **Carga horária:** 1 crédito/15 horas: 30 horas

5) **Mestrado e Doutorado:** Ambas

6) **Pré-requisitos:** Nenhum

7) **Ementa:**

### 7.1 Objetivo(s)

a) Geral:

Capacitar os participantes a compreender os avanços da proteômica, passando pelo estado da arte e limites tecnológicos atuais e pelos desafios em análise de dados, e apresentar ferramentas que permitam explorar e interpretar experimentos de célula única, proteômica estrutural e interatômica.

b) Específico(s), quando pertinente:

- Discutir as barreiras tecnológicas e analíticas que moldam o campo da proteômica de célula única, estrutural e de interações.

- Apresentar estratégias computacionais e ferramentas de análise de dados aplicadas a esse tipo de experimento.
- Mostrar como integrar diferentes camadas de informação para compreender heterogeneidade celular, dinâmica estrutural e redes de interação proteica.
- Promover uma visão crítica sobre a evolução das tecnologias e suas aplicações biomédicas e biotecnológicas.
- Incentivar a aplicação prática das ferramentas apresentadas em estudos experimentais reais.

## 7.2 Abordagem metodológica para o desenvolvimento do curso:

O curso será desenvolvido com ênfase em duas dimensões complementares: (i) os desafios inerentes à geração de dados em proteômica de célula única, estrutural e de interações, assim como as metodologias estado-da-arte; e (ii) os desafios ainda mais críticos relacionados à análise desses dados por bioinformática. A estratégia didática adotada combinará exposições teóricas, que contextualizarão as principais inovações e limitações técnicas, espectrometria de massas, etc., com módulos práticos voltados à bioinformática, nos quais os participantes terão contato direto com ferramentas de análise e dados reais, gerados por professores do curso.

Durante as aulas práticas, serão utilizados tanto softwares desenvolvidos pelo próprio grupo, já validados em diferentes contextos de pesquisa e publicados em revistas de alto impacto como *Nature Methods* e *Nature Protocols*, quanto programas amplamente reconhecidos e utilizados. Essa combinação garantirá aos alunos a compreensão dos princípios por trás dos métodos de bioinformática, pois terão a oportunidade de interagir com os próprios desenvolvedores, ao mesmo tempo em que proporcionará experiência prática com pipelines aplicáveis em projetos reais.

O curso terá caráter teórico-prático, sendo que a prática será centrada em bioinformática, com atividades para explorar etapas críticas como pré-processamento, normalização, integração de dados, interpretação de resultados e visualização de dados de *single cell proteomics*, *structural Proteomics* e *interatomics por cross-linking mass spectrometry*. Essa abordagem permitirá que os alunos compreendam não apenas como operar as ferramentas, mas também como avaliar criticamente a qualidade e a relevância dos dados analisados.

Assim, a metodologia adotada assegura que os participantes não apenas adquiram conhecimento atualizado, mas também desenvolvam autonomia analítica, preparando-os para enfrentar os desafios concretos da proteômica de fronteira e aplicar esse conhecimento em suas próprias linhas de pesquisa. Não existe nenhum curso no Brasil adotando estes tópicos de fronteira.

### **7.3 Resultados esperados e impactos do curso para o fortalecimento da internacionalização dos Programas de Pós-graduação da Fiocruz;**

Espera-se que o curso reafirme a posição da Fiocruz Paraná como referência internacional em bioinformática aplicada à proteômica, área em que a instituição se destaca como a única no Brasil a manter um núcleo especializado. Ao oferecer formação em temas altamente inovadores, como proteômica de célula única, estrutural e de interações. O curso contribuirá para suprir o déficit de capacitação existente no país e formará uma massa crítica capaz de impulsionar a pesquisa em escala nacional. Essa formação ampliará a competitividade dos alunos de pós-graduação da Fiocruz em editais internacionais, estimulando colaborações com centros de excelência no exterior e fortalecendo redes já estabelecidas com instituições como Integrated Space Stem Cell Orbital Research da UCSD, assim como o núcleo de Proteômica do Institut Pasteur de Montevideo e parceiros estratégicos nacionais. Dessa forma, o curso se configura não apenas como uma atividade de ensino, mas como um instrumento estratégico de internacionalização, de geração de capital humano qualificado e de projeção científica da Fiocruz no cenário global.

### **7.4 Programa completo do curso/ Cronograma do curso:**

#### **Cronograma do Curso**

- **24 de novembro (segunda-feira)**
  - 9:00 – 10:00 (1h): *Do cosmos ao proteoma: fundamentos e aplicações da espectrometria de massas* (aula teórica) – Fabio Gozzo.
  - 10:00 – 10:30 (30min): Coffee break.
  - 10:30 – 12:00 (1h30): *Proteômica DDA e DIA: conceitos e aplicações* (aula teórica) – Paulo Carvalho.
- **25 de novembro (terça-feira)**
  - 9:00 – 10:00 (1h): *Proteômica de célula única: avanços, resultados e desafios* (aula teórica) – Aline Martins.
  - 10:30 – 11:00 (30min): Coffee break.
  - 11:00 – 12:00 (1h): *Resultados com proteômica de célula única* (aula teórica) – Aline Martins.
  - 13:30 – 16:30 (3h): *Análise de dados em DDA e DIA* (aula prática com PatternLab for Proteomics e DIA-NN) – Paulo Carvalho / Aline Martins.
- **26 de novembro (quarta-feira)**
  - 9:00 – 10:30 (1h30): *APEX em estudos de interactômica: conceitos fundamentais* (aula teórica) – Rosario Durán.
  - 10:30 – 11:00 (30min): Coffee break.



- 11:00 – 12:00 (1h): *Bioinformática aplicada ao APEX* (aula teórica) – Marlon Dias Mariano dos Santos.
- 13:30 – 14:30 (1h): *Biologia espacial: a Estação Espacial Internacional como acelerador de pesquisa em neurociências* (aula teórica) – Alysso Muotri.
- 14:30 – 16:30 (2h): *Análise de dados de APEX* (aula prática em bioinformática) – Marlon Dias Mariano dos Santos / Rosario Durán.
- **27 de novembro (quinta-feira)**
  - 9:00 – 10:30 (1h30): *Proteômica estrutural: princípios e estratégias experimentais* (aula teórica) – Tatiana Brasil.
  - 10:30 – 11:00 (30min): Coffee break.
  - 11:00 – 12:00 (1h): *Cross-linking mass spectrometry para aplicações estruturais* (aula teórica) – Fabio Gozzo.
  - 13:30 – 14:30 (1h): *Análise de dados em proteômica estrutural com SIM-XL* (aula prática) – Paulo Carvalho / Fabio Gozzo / Giovanna Lopes / Rosario Durán.
  - 14:30 – 16:00 (1h30): *Mesa-redonda com os professores: perspectivas e integração das áreas* – todos os docentes.
- **28 de novembro (sexta-feira)**
  - 9:00 – 10:30 (1h30): *Interactômica: fundamentos conceituais* (aula teórica) – Giovanna Lopes.
  - 10:30 – 11:30 (1h): *Resultados em interactômica: estudos de caso I* (aula teórica) – Rosario Durán.
  - 11:30 – 12:00 (30min): *Resultados em interactômica: estudos de caso II* (aula teórica) – Hulyana Brum.
  - 14:00 – 15:00 (1h): *Análise de dados em interactômica com Scout* (aula prática) – Paulo Carvalho / Fabio Gozzo / Giovanna Lopes / Hulyana Brum.
  - 15:00 – 16:00 (1h): *Avaliação final e sessão de dúvidas* – Paulo Carvalho / Marlon Dias Mariano dos Santos.

8) **Bibliografia:** NA

9) **Natureza:** Acadêmica

10) **Observações:** -

11) **Período:** 24-11-2025 até 28-11-2025



12) Número máximo de alunos: 20 vagas

13) Aceita alunos externos: Sim