

ACORDO DE COOPERAÇÃO INSTITUCIONAL

Acordo de Cooperação Institucional que celebram a Universidade Federal de São Carlos - UFSCar e a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico – FAI•UFSCar.

Pelo presente instrumento, de um lado, a **UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS**, fundação pública federal, com sede na Rodovia Washington Luiz, Km 235, São Carlos, SP, inscrita no CNPJ sob o nº. 45.358.058/0001-40, neste ato representada por sua Magnífica Reitora, a Profa. Dra. Ana Beatriz de Oliveira, inscrita no CPF nº 214.458.668-38, doravante denominada **UFSCar**, e, de outro lado, a **FUNDAÇÃO DE APOIO INSTITUCIONAL AO DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO**, entidade de direito privado, sem fins lucrativos, inscrita no CNPJ-MF sob o nº. 66.991.647/0001-30, com sede na Rodovia Washington Luís, Km 235 - São Carlos, SP, neste ato representada na forma de seu Estatuto por seu representante legal que abaixo assina, ou aquele que vier a substituí-lo, doravante denominada **FAI•UFSCar**, em conformidade com o processo administrativo UFSCar nº 23112.011632/2025-01;

CONSIDERANDO os objetivos comuns e os interesses convergentes da UFSCar e da FAI•UFSCar, em suas diversas áreas de atuação no âmbito do ensino, da pesquisa e da extensão;

CONSIDERANDO que o intercâmbio de experiências e a conjugação de esforços propiciam o desenvolvimento potencial da capacidade de realizar atividades de ensino, pesquisa e extensão, para o progresso e o bem-estar da coletividade;

CONSIDERANDO o interesse convergente da UFSCar e da FAI•UFSCar no desenvolvimento do projeto de extensão denominado “Especialização em Epidemiologia Molecular”, sob a coordenação do(a) Prof.(a) Dr.(a) Caio Cesar de Melo Freire, do Departamento de Genética e Evolução da UFSCar;

CONSIDERANDO que a FAI•UFSCar é uma fundação de direito privado sem finalidade lucrativa, devidamente credenciada perante os Ministérios da Educação e da Ciência e Tecnologia como instituição de apoio às atividades de ensino, pesquisa, extensão e de desenvolvimento institucional da UFSCar;

CONSIDERANDO que o Convênio de Cooperação Institucional nº 01/2020, celebrado entre a FAI•UFSCar e a UFSCar em 09 de junho de 2020 estabelece as normas, as diretrizes e a metodologia a serem observadas pela FAI•UFSCar para prestação de

apoio aos programas, projetos e atividades de ensino, pesquisa e extensão, e de desenvolvimento institucional da UFSCar, na forma da Lei nº 8.958, de 20 de dezembro de 1994, regulamentada pelo Decreto nº 7.423, de 31 de dezembro de 2010;

CONSIDERANDO a Resolução do ConsUni nº 816, de 26 de junho de 2015, que dispõe sobre as normas para regulamentar o relacionamento entre a UFSCar e a FAI•UFSCar;

CONSIDERANDO o Regimento Geral de Cursos de Pós-Graduação *Lato Sensu* da UFSCar vigente, disponível em: <https://www.proex.ufscar.br/documentos>;

CONSIDERANDO a aprovação do presente ajuste e dos planos de trabalho anexos pelo Conselho de Extensão da UFSCar;

RESOLVEM celebrar o presente Acordo de Cooperação Institucional, nos termos e condições seguintes:

Cláusula Primeira - DO OBJETIVO

I.1- Constitui objetivo deste Acordo o estabelecimento de relações estáveis entre a UFSCar e a FAI•UFSCar que propiciem o desenvolvimento da cooperação técnico-científica nas áreas de ensino, pesquisa e extensão, em especial, a congregação de esforços visando à estruturação e oferecimento do Curso “Especialização em Epidemiologia Molecular”, a ser ministrado pela UFSCar com o apoio e gerenciamento administrativo e financeiro da FAI•UFSCar, conforme o processo administrativo UFSCar nº 23112.011632/2025-01, doravante denominado Projeto de Extensão, o Plano de Trabalho UFSCar e o Plano de Trabalho FAI•UFSCar anexos, os quais são partes integrantes e indissociáveis do presente termo.

Cláusula Segunda – DA NATUREZA E DA EXECUÇÃO

II.1- O curso “Especialização em Epidemiologia Molecular”, em nível de pós-graduação *lato sensu*, aberto a candidatos diplomados em curso superior, reconhecido pelo Ministério da Educação, nas áreas de conhecimento que preencham os requisitos para inscrição e acompanhamento do Curso, conforme definido no projeto pedagógico (PPC) aprovado e constante do Projeto de Extensão, objetivando proporcionar a complementação da formação profissional do aluno participante, observadas a legislação aplicável e os regimentos internos da UFSCar.

II.2- O Curso será desenvolvido por meio das atividades, disciplinas, carga horária, critérios de avaliação e requisitos de aprovação, conforme definidos no projeto pedagógico (PPC) aprovado e constante do Projeto de Extensão.

II.3- O Curso será ministrado pelos meios, período e instalações conforme aprovado no Projeto de Extensão.

II.4- O Coordenador designado pela UFSCar indicará no projeto pedagógico (PPC) os docentes que ministrarão as disciplinas do Curso, podendo ser convidados docentes de instituições de ensino superior que não da UFSCar, os regimentos internos desta Universidade.

II.5- A UFSCar emitirá certificado de conclusão do curso “Especialização em Epidemiologia Molecular”, em nível de pós-graduação *lato sensu*, ao aluno que atender aos critérios de aprovação definidos no projeto pedagógico (PPC).

II.6- Ao aluno que não alcançar aprovação em quaisquer disciplinas ministradas ou que não apresentar ou obter aprovação nos termos do plano pedagógico (PPC) proposto e aprovado na UFSCar terá direito apenas a um certificado de curso de extensão universitária.

Cláusula Terceira – DA COORDENAÇÃO E FISCALIZAÇÃO

III.1- A coordenação e supervisão das atividades pertinentes ao presente acordo serão de responsabilidade do(a) servidor(a) da UFSCar, indicado no Plano de Trabalho UFSCar, doravante denominado Coordenador.

III.1.1- Ao Coordenador das atividades competirá elaborar relatório de execução do objeto deste termo, o qual integrará o relatório de prestação de contas da FAI•UFSCar, a serem apresentados à Pró-Reitoria de Extensão da UFSCar.

III.2- A fiscalização das atividades e da execução financeira pertinentes ao presente acordo serão de responsabilidade do servidor designado pelo Conselho do Departamento ou da Unidade Multidisciplinar de Ensino, Pesquisa e Extensão da UFSCar, que não seja o Coordenador ou membro da equipe executora da atividade de Extensão, doravante denominado Fiscal.

III.2.1- Ao Fiscal competirá fiscalizar, analisar e emitir parecer sobre a execução das atividades e o relatório de execução deste termo, bem como sobre o relatório de prestação de contas a ser elaborado pela FAI•UFSCar, e apresentados à Pró-Reitoria de Extensão da UFSCar.

Cláusula Quarta - DAS OBRIGAÇÕES

IV.1- São Obrigações da UFSCar:

IV.1.1- Executar todas as atividades sob sua responsabilidade para a consecução do objeto deste acordo, por meio do Coordenador e sua equipe designada, de modo diligente e eficiente, em conformidade com o previsto no Projeto de Extensão;

IV.1.2- Autorizar a participação do Coordenador e de outros docentes designados nas atividades pertinentes ao Projeto de Extensão “Especialização em Epidemiologia Molecular”, conforme a programação estabelecida no projeto pedagógico (PPC), aos quais competirá:

a) Responsabilizar-se pela elaboração do material didático, requisições de material de apoio didático e textos adicionais necessários ao oferecimento do Curso;

b) Responsabilizar-se pela seleção dos candidatos à participação no Curso;

c) Ministrar as disciplinas e orientar trabalhos e/ou avaliações pertinentes;

d) Assegurar a avaliação criteriosa nas disciplinas e no Trabalho Final, quando este fizer parte da proposta pedagógica do Curso, que habilite os alunos à obtenção do certificado de conclusão do Curso, conforme definido no projeto pedagógico (PPC).

IV.1.3- Emitir os certificados de conclusão de Curso aos alunos que atenderem aos requisitos estabelecidos no projeto pedagógico (PPC);

IV.1.4- Prestar orientação técnica à FAI•UFSCar para as atividades de apoio e gerenciamento financeiro do presente acordo;

IV.1.5- Informar à FAI•UFSCar todas as alterações ocorridas após a assinatura do presente acordo, relacionadas ao período de vigência, planilha de orçamento ou mudança no escopo do Projeto de Extensão;

Parágrafo único – Em razão do caráter estimado de receitas e despesas previstas no Plano de trabalho UFSCar, integram o presente ajuste, independente de transcrição, as alterações que sobrevierem ao Plano de Trabalho UFSCar anexo, quando expressamente aprovadas pelas instâncias competentes da UFSCar, desde que estas não impliquem na necessidade de modificações das disposições deste acordo, hipótese em que tal alteração deverá ser formalizada por meio de termo aditivo.

IV.1.6- Supervisionar, acompanhar e fiscalizar a execução do Projeto de Extensão e a gestão financeira do presente acordo pela FAI•UFSCar, através da Pró-Reitoria de Extensão;

IV.1.7- Designar um servidor para o exercício da fiscalização das atividades e da execução financeira pertinentes ao presente acordo, nos termos da cláusula III.2;

IV.1.8- Estabelecer os valores a serem pagos pela **FAI•UFSCar** à **UFSCar** a título de **retribuição** pelo uso de seu patrimônio, tangível ou intangível, nome e imagem, redes de tecnologia de informação, conhecimento e documentação acadêmicos e **ressarcimento** pela utilização da infraestrutura, laboratórios, salas de

aula, recursos humanos, materiais de apoio e de escritório, conforme definido na Cláusula Quinta;

IV.1.9- Definir a destinação do saldo de recursos do Projeto eventualmente apurado, para outro projeto de extensão, **ou** recolhimento à Conta Única do Tesouro Nacional em nome da UFSCar, mediante deliberação expressa do Conselho de Extensão da UFSCar;

IV.1.10- Submeter à análise e aprovação do Conselho de Extensão da UFSCar, o relatório de execução do Projeto de Extensão, elaborado pelo Coordenador, e o relatório de prestação de contas, elaborado pela FAI•UFSCar, acompanhados do parecer final de avaliação da execução do objeto do presente acordo elaborado pela Pró-Reitoria de Extensão;

IV.1.11- Incorporar ao seu patrimônio, no final da execução deste acordo, os eventuais bens adquiridos com recursos provenientes deste ajuste;

IV.1.12- Divulgar em seu sítio na Internet informações sobre este acordo, os relatórios de execução físico-financeira e as respectivas prestações de contas;

IV.1.13- Outras previstas neste instrumento.

IV.2- São Obrigações da FAI•UFSCar:

IV.2.1- Executar todas as atividades sob sua responsabilidade para a consecução do objeto deste acordo, de modo diligente e eficiente, com rigorosa observância dos padrões técnicos vigentes e conforme previsto no Projeto de Extensão;

IV.2.2- Captar os recursos financeiros pertinentes ao presente termo advindos dos participantes do Curso, gerenciá-los e aplicá-los exclusivamente na execução de seu objeto, observando a planilha orçamentária e a classificação das despesas, conforme aprovadas pelo Conselho de Extensão da UFSCar, inclusive recolhendo os tributos eventualmente devidos;

IV.2.3- Os recursos financeiros recebidos para execução deste acordo serão movimentados exclusivamente por meio eletrônico, mediante crédito em conta corrente de titularidade dos fornecedores e prestadores de serviços devidamente identificados, observadas as exceções do § 1º do art. 4ºD da Lei nº 8.958, de 20 de dezembro de 1994;

IV.2.4- Desenvolver as atividades necessárias ao gerenciamento deste acordo exclusivamente com pessoal próprio ou contratado, observando estritamente os seus termos, a legislação pertinente, as normas editadas pela UFSCar e as instruções da Pró-Reitoria de Extensão;

IV.2.5- Responsabilizar-se pela divulgação do Curso através dos meios de comunicação disponíveis, observadas as diretrizes da UFSCar;

IV.2.6- Responder pelas obrigações fiscais, trabalhistas e previdenciárias incidentes sobre os bens e serviços, fornecidos ou prestados por pessoas físicas ou jurídicas, quando necessários à execução das atividades previstas neste acordo;

IV.2.7- Não utilizar pessoal contratado para a prestação de serviços ou atendimento às necessidades de caráter permanente da UFSCar;

IV.2.8- Garantir o controle contábil/financeiro específicos dos recursos geridos no âmbito deste acordo, mantendo os registros acessíveis e disponíveis para o controle da UFSCar, pelo prazo legal;

IV.2.9- Apresentar à UFSCar relatório de prestação de contas e de execução, referentes à utilização dos recursos geridos no âmbito deste acordo, compreendendo aspectos contábeis, de legalidade, efetividade e economicidade, conforme estabelecido na Cláusula Sexta;

IV.2.10- Manter à disposição da UFSCar e dos órgãos de controle interno e externo, pelo prazo de 5 (cinco) anos, contados da data de aprovação da prestação de contas pela UFSCar, os documentos comprobatórios e registros contábeis das despesas realizadas na execução do presente acordo;

IV.2.11- Efetuar o pagamento à UFSCar, em **até 30 (trinta) dias contados do término do presente Acordo** e mediante recolhimento à Conta Única do Tesouro, dos valores devidos a título de **retribuição** pelo uso de seu patrimônio, tangível ou intangível, nome e imagem, redes de tecnologia de informação, conhecimento e documentação acadêmicos e **ressarcimento** pela utilização da infraestrutura, laboratórios, salas de aula, recursos humanos, materiais de apoio e de escritório, conforme definido na Cláusula Quinta e especificado na planilha orçamentária do Projeto aprovado pelo Conselho de Extensão da UFSCar.

IV.2.12- Permitir aos representantes da UFSCar o livre acesso e as inspeções cabíveis e necessárias aos bens, serviços e aos documentos relacionados com o presente acordo, apresentando todas as informações sobre a gestão financeira deste acordo que a UFSCar solicitar;

IV.2.13- Informar à UFSCar, ao final deste acordo, a aquisição dos bens e equipamentos com recursos deste acordo, encaminhando ao Setor de Patrimônio da UFSCar a documentação pertinente para a devida incorporação ao seu patrimônio;

IV.2.14- Divulgar em seu sítio na Internet informações sobre este instrumento, nos termos do art. 4ºA da Lei nº 8.958, de 20 de dezembro de 1994.

IV.2.15- Colaborar administrativamente, de todas as maneiras a seu alcance, para a consecução das atividades objeto deste acordo;

IV.2.16- Outras previstas neste instrumento.

Cláusula Quinta – DOS RECURSOS FINANCEIROS

V.1- Os recursos financeiros necessários à realização do Projeto de Extensão objeto deste acordo, estimados em R\$ 286.772,62 (duzentos e oitenta e seis mil, setecentos e setenta e dois reais e sessenta e dois centavos), serão advindos das inscrições e mensalidades dos alunos participantes do Curso e serão aportados à FAI•UFSCar, conforme previsto na subcláusula IV.2.2 deste acordo.

V.2- A FAI•UFSCar gerenciará os recursos financeiros recebidos no âmbito deste acordo, garantindo o controle contábil/financeiro específico destes recursos, conforme estabelecido no Projeto de Extensão.

V.3- Do valor total estimado na subcláusula V.1 acima, a FAI•UFSCar deverá destinar os recursos financeiros, conforme especificado na planilha orçamentária do Projeto aprovado pelo Conselho de Extensão da UFSCar da seguinte forma:

V.3.1- A importância estimada de R\$ 209.860,20 (duzentos e nove mil, oitocentos e sessenta reais e vinte centavos) para cobertura das despesas relativas à execução do Projeto de Extensão;

V.3.2- A importância estimada a título de ressarcimento das Despesas Operacionais Administrativas (DOA) da FAI•UFSCar, será paga conforme disposto no Plano de Despesas Operacionais e Administrativas aprovado pelo Conselho de Extensão;

V.3.3- As importâncias estimadas como retribuição pelo uso de seu patrimônio, tangível ou intangível, nome e imagem, redes de tecnologia de informação, conhecimento e documentação acadêmicos, a ser incorporada ao Fundo de Apoio das Atividades de Extensão – FAEX, gerido pela Pró-Reitoria de Extensão da UFSCar, e como ressarcimento pela utilização da infraestrutura, laboratórios, salas de aula, recursos humanos, materiais de apoio e de escritório, a ser incorporada ao Fundo de Apoio às Atividades de Extensão do Departamento ou Unidade Executora – FAED, gerido pela Pró-Reitoria de Administração da UFSCar, serão recolhidas à Conta Única do Tesouro Nacional, em nome da UFSCar; conforme percentual aprovado pelo Conselho de Extensão.

V.3.3.1. Em sendo de interesse da coordenação do Projeto a implementação da Reserva Técnica Institucional – RTI, a mesma deverá ser promovida nos moldes da Resolução CoEx n.º 006, de 21 de setembro de 2017.

Cláusula Sexta – DA PRESTAÇÃO DE CONTAS

VI.1- A FAI•UFSCar deverá contabilizar a utilização dos recursos e os dispêndios correspondentes, mantendo os registros e comprovantes acessíveis e disponíveis para a UFSCar e para os órgãos de controle interno e externo, pelo prazo legal.

VI.2- A FAI•UFSCar deverá apresentar à UFSCar relatório de prestação de contas referentes à utilização dos recursos recebidos no âmbito deste acordo, dentro do prazo estabelecido e composto dos seguintes documentos:

a) relatório de execução do Projeto de Extensão, a ser elaborado pelo Coordenador do Projeto e deste acordo;

b) demonstrativo de controle contábil/financeiro específico, discriminando as receitas e despesas;

c) relação de pagamentos realizados;

d) relação de bens adquiridos, produzidos ou construídos;

e) Comprovante de destinação de saldo eventualmente apurado, para outro projeto de extensão, **ou** comprovante de recolhimento do saldo de recursos à Conta Única do Tesouro Nacional em nome da UFSCar, conforme deliberação do Conselho de Extensão da UFSCar.

VI.3- A FAI•UFSCar deverá manter os documentos fiscais originais ou equivalentes, relativos as despesas realizadas, pelo prazo de 5 (cinco) anos, contados da aprovação da prestação de contas da UFSCar, na forma prevista na cláusula IV.2.10.

VI.4- A prestação de contas deve ser apresentada à Pró-Reitoria de Extensão da UFSCar, no prazo de 60 (sessenta) dias a contar do término do prazo de vigência deste acordo.

VI.5- Competirá à Pró-Reitoria de Extensão da UFSCar analisar e emitir parecer sobre o relatório de execução, a ser apreciado juntamente do relatório de prestação de contas, pelo Conselho de Extensão da UFSCar, no prazo de 60 (sessenta) dias.

Cláusula Sétima – DAS DISPOSIÇÕES GERAIS

VII.1- As atividades desenvolvidas no âmbito deste acordo, inerentes à carreira do magistério superior, não geram quaisquer vínculos de natureza laboral ou empregatícia entre o pessoal de uma parte e da outra.

VII.2- O não exercício por qualquer das partes de direito a ela conferido pelo presente acordo ou tolerância em impor estritamente seus direitos, incluída a eventual aceitação de uma das partes, do atraso ou não cumprimento de quaisquer das obrigações da outra parte, serão considerados como mera liberalidade não implicando em novação, renúncia ou perda dos direitos oriundos desse inadimplemento.

VII.3- Observado o disposto no parágrafo único da cláusula IV.1.5, as alterações das disposições presentes neste instrumento deverão ser obrigatoriamente descritas em termo aditivo assinado entre as partes.

VII.4- Este instrumento vincula as partes e seus sucessores a qualquer título, os quais não terão direito de transferir o mesmo ou quaisquer de seus poderes, funções ou obrigações sem o consentimento prévio, por escrito, da outra parte.

VII.5- O presente instrumento, devidamente rubricado em todas as laudas e assinado ao final, constitui um único documento, contendo o acordo integral entre as partes e substituirá todo e qualquer entendimento feito anteriormente.

VII.6- Se qualquer disposição do presente acordo for considerada inválida, inexecutável, nula ou sem efeito por qualquer órgão administrativo ou judicial competente, ou se, por força da legislação aplicável, qualquer disposição se tornar inválida, inexecutável, nula ou sem efeito, as demais disposições permanecerão válidas, em pleno vigor e efeito, e as partes deverão substituir a disposição inválida, inexecutável ou nula por outra válida e executável que corresponda, tanto quanto possível, ao espírito e objetivo da disposição substituída.

VII.7- Na hipótese de utilização de pessoal de qualquer uma das partes, estas se obrigam a assumir a responsabilidade por todos os encargos previdenciários e obrigações sociais previstos na legislação social e trabalhista em vigor, obrigando-se a saldá-los na época própria, vez que não haverá nenhum vínculo empregatício com a outra parte, bem como assumir, também, a responsabilidade por todas as providências e obrigações estabelecidas na legislação específica de acidentes do trabalho, quando, em ocorrência da espécie, forem vítimas os seus empregados durante a eventual prestação de serviços ou em conexão com eles e assumir todos os encargos de possível demanda trabalhista, cível ou penal, relacionadas a esse compromisso.

VII.8- As partes respondem pelos danos porventura causados, dolosa ou culposamente, por seus docentes, funcionários ou prepostos, ao patrimônio uma da outra, bem como a terceiros, em consequência da execução deste acordo,

ressalvadas as hipóteses de caso fortuito e força maior, devidamente caracterizadas e comprovadas.

VII.9- A divulgação, o material didático, os certificados, a publicação de resultados, bem como qualquer outro meio de registro das atividades desenvolvidas no âmbito deste devem conter referência expressa à UFSCar.

VII.10- Este instrumento será assinado por meio eletrônico. Para tanto, desde já as Partes e testemunhas reconhecem a validade deste documento e das respectivas assinaturas eletrônicas, nos termos do artigo 10º, § 2º, da Medida Provisória nº 2200-2/2001.

Cláusula Oitava – DA VIGÊNCIA, DA DENÚNCIA E DA RESCISÃO

VIII.1- Este acordo vigorará a partir da data de sua assinatura até **31 de outubro de 2026**, retroagindo os seus efeitos a 18/07/2025, podendo a sua vigência ser prorrogada, mediante termo aditivo, conforme necessidade de prorrogação do Projeto de Extensão, observadas as normativas internas que regulam as atividades de extensão na UFSCar.

VIII.2- Este acordo poderá ser denunciado por qualquer das partes mediante notificação escrita, com aviso de recebimento, com antecedência mínima de 60 (sessenta) dias, sendo assegurada a continuidade e conclusão das atividades porventura em desenvolvimento.

VIII.3- Este acordo poderá ser rescindido pela parte prejudicada, na hipótese de inadimplemento de quaisquer das obrigações assumidas ou infração de suas disposições, mediante notificação escrita, com aviso de recebimento, que terá efeito a partir da data do recebimento da notificação.

VIII.4- A parte que der causa à rescisão por inadimplência de obrigações ou infração de disposições deste acordo responderá pela indenização das perdas e danos decorrentes da rescisão, ressalvadas as hipóteses de caso fortuito e força maior, devidamente caracterizadas e comprovadas.

Cláusula Nona – DA PROTEÇÃO DE DADOS

IX.1 Pelo presente termo, as partes declaram que cumprem e seguirão cumprindo com todas as obrigações oriundas da legislação vigente que trate da privacidade e da proteção de dados relativos à pessoa física identificada ou identificável (“Dados Pessoais”), em especial, a Lei nº 13.709/2018 (Lei Geral de Proteção de Dados - LGPD) com a redação dada pela Lei nº 13.583/2019, a Lei nº 12.965/2014 (Marco Civil da Internet), o Decreto Federal nº 8.771/2016 e demais leis e regulamentos aplicáveis, bem como as determinações de órgãos reguladores/fiscalizadores sobre a matéria.

IX.1.1 As partes, compreendendo os seus servidores, prepostos, colaboradores, empregados e/ou contratados envolvidos na execução deste acordo, obrigam-se a tratar todos os Dados Pessoais a que tiverem acesso em estrito cumprimento de sua finalidade específica e observância aos termos da LGPD, ainda que este acordo venha a ser resolvido e independentemente dos motivos que derem causa ao seu término ou resolução.

IX.1.2 Cada uma das partes deverá, por seus próprios meios, adotar medidas e instrumentos de proteção dos Dados Pessoais junto aos seus servidores, prepostos, colaboradores, empregados e/ou contratados envolvidos, de forma a preservar o sigilo dos Dados Pessoais relacionados à outra parte, assim como de quaisquer Dados Pessoais a que tiverem acesso em função do presente acordo.

IX.1.3 Cada uma das partes se obriga a manter registro das operações de tratamento de Dados Pessoais que realizar no âmbito deste acordo, bem como a implementar medidas técnicas e organizativas necessárias para proteger os dados contra a destruição total, acidental ou ilícita, a perda, a alteração, a difusão ou o acesso não autorizado, garantindo que os ambientes (sejam eles físicos ou lógicos) utilizados para o tratamento de Dados Pessoais são e permanecerão estruturados de forma a atender aos requisitos de segurança, aos padrões de boas práticas e aos princípios gerais previstos em Lei e às demais normas regulamentares aplicáveis.

IX.1.4 As partes se obrigam a notificar uma à outra, no prazo determinado em regulamento da Autoridade Nacional, ou em sua falta, em até 48h (quarenta e oito horas) da ciência, sobre a ocorrência de qualquer não cumprimento das disposições legais ou contratuais relacionadas aos Dados Pessoais que afete a outra parte, assim como de qualquer violação de Dados Pessoais a que teve acesso em função do presente acordo.

IX.1.5 Em cumprimento aos requisitos da Lei nº 13.709/18 (LGPD), os **signatários** presentes, individualmente, **autorizam** as partes para o tratamento de seus Dados Pessoais disponibilizados no âmbito deste acordo, para fins exclusivos do cumprimento de seu objeto, declarando-se **cientes** de que, a qualquer momento, cada um poderá revogar este consentimento, optar pela anonimização, bloqueio, retificação ou eliminação de dados desnecessários, excessivos ou tratados em desconformidade com a LGPD.

Cláusula Décima – DO FORO E DO REGIME LEGAL

X.1- Fica eleito o Foro da Justiça Federal, Seção Judiciária de São Carlos - SP, com exclusão de qualquer outro, para dirimir as questões oriundas deste acordo, o qual é celebrado sob a égide da Lei nº 8.958, de 20 de dezembro de 1994 e ainda pelos regimentos e regulamentos próprios de cada uma das partes.

E POR ESTAREM ASSIM JUSTAS E ACORDADAS, as partes assinam eletronicamente o presente termo, na presença das testemunhas abaixo identificadas.

São Carlos, assinado e datado eletronicamente.

Ana Beatriz de Oliveira
Reitora - UFSCar

Targino de Araújo Filho
Diretor Executivo - FAI•UFSCar

Ciente e de Acordo:

Caio Cesar de Melo Freire
Coordenador(a)

Testemunhas:

1- _____
Nome: Eike Matheus Campanini
CPF: 405.949.298-14

2- _____
Nome: Luan Ariel de Oliveira
CPF: 360.063.238-85



FUNDAÇÃO UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA E EVOLUÇÃO - DGE/CCBS/R

Rod. Washington Luís km 235 - SP-310, s/n - Bairro Monjolinho, São Carlos/SP, CEP 13565-905

Telefone: (16) 33518377 - <http://www.ufscar.br>



EXT-PTA nº 4/2025/DGE/CCBS/R

Plano de Trabalho Acadêmico Para Cursos de Especialização ou de Aperfeiçoamento Oferecidos Pela UFSCar

Orientações Gerais

- Este Plano de Trabalho Acadêmico (PTA) é parte do processo de submissão de novos cursos de especialização ou de aperfeiçoamento oferecidos pela UFSCar;
- Este PTA serve de base suficiente para as informações a serem submetidas em uma Proposta de Curso de Especialização ou de Curso de Aperfeiçoamento, contemplando o Projeto Pedagógico do Curso e o Plano de Trabalho para a execução da Atividade de Extensão. Tais documentos são exigências regimentais para a oferta destes cursos no âmbito da Universidade;
- As informações solicitadas neste PTA incluem e complementam aquelas solicitadas nos campos próprios do sistema ProExWeb. Portanto, as informações que já foram incluídas nos campos pertinentes existentes no ProExWeb devem ser as mesmas inseridas nos campos idênticos existentes neste PTA;
- Este plano deve ser preenchido, salvo em PDF e anexado na aba "Detalhamento" existente no sistema ProExWeb, previamente ao envio da proposta. A seguir, o processo SEI contendo este PTA poderá ser encerrado no SEI-UFSCar. Caso, durante o desenvolvimento do Curso, seja necessário empreender alguma alteração neste PTA, o processo SEI contendo a primeira versão deste documento deverá ser reaberto, um novo PTA deverá ser preenchido, salvo em PDF e encaminhado à ProEx, no sistema ProExWeb, por meio do recurso de "Alterações", para apreciação e deliberação. O processo SEI, então, poderá ser novamente encerrado no SEI-UFSCar.

1. Nome do Curso (idêntico ao nome da Atividade de Extensão no ProExWeb e que será o mesmo a ser lançado no certificado de conclusão)

Especialização em Epidemiologia Molecular

2. Resumo (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

O presente curso objetiva formar profissionais de diversas áreas da ciências biológicas e da saúde no campo da epidemiologia molecular. O curso será ofertado em 360 horas, sendo oito horas/aula por semana. A epidemiologia molecular é uma ramo da ciência que se dedica ao estudo das linhagens de patógenos, tanto emergentes quanto já bem estabelecidos, utilizando técnicas moleculares laboratoriais, computacionais e estatísticas. Diante disto propomos um curso interdisciplinar cujos assuntos abordados pertencerão a estas três áreas aplicadas ao tema em questão.

3. Apresentação do Curso: Definição, Justificativa e Relevância (idênticos aos registrados no sistema ProExWeb)

Definição: o curso de Especialização em Epidemiologia Molecular será ofertado em 360 horas com atividades à distância. Os módulos do curso serão interdisciplinares, considerando a natureza da área de Epidemiologia Molecular que se dedica a estudar as características das linhagens evolutivas de patógenos e suas malhas de transmissão. Nessa versão do curso, adotaremos vírus como principal modelo de patógenos. Justificativa: Diante da emergência de variantes pandêmicas, e.g., SARS2-Covid-19, e outras faz-se necessário a formação de profissionais nas áreas biológicas e da saúde, tanto humana como animal, na área de Epidemiologia Molecular. Recentemente, o advento de plataformas de sequenciamento de alta cobertura possibilitou o aumento do uso dessas técnicas em laboratórios clínicos, portanto o presente curso tem como foco profissionais que almejem obter formação nessa área e compreender de maneira mais aprofundada os dados gerados por estas técnicas, assim como interpretar informação obtida destes dados. Relevância: considerando que no nosso conhecimento não existe nenhum curso deste tipo no Brasil, acreditamos que esta é uma oportunidade de formar profissionais nesta área.

4. Público Alvo (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

Formados em Ciências Biológicas, Biomedicina, Medicina, Enfermagem, Fisioterapia, Educação Física, Biotecnologia, Farmácia-Bioquímica, Odontologia, Medicina Veterinária etc.

5. Concepção, Finalidades e Objetivos (idênticos aos registrados no sistema ProExWeb)

Concepção: o curso de Especialização em Epidemiologia Molecular foi pensado para preencher uma lacuna de formação em uma área emergente que surgiu após o advento das plataformas de sequenciamento que baratearam os custos para se obter informação sobre o material genético dos patógenos e estudar mais aprofundadamente sobre suas malhas de transmissão com estas técnicas. Finalidades: o curso tem como fim formar profissionais com expertise em nível de uma pós-graduação lato sensu na área de Epidemiologia Molecular. Objetivos: 1. Formar profissionais das áreas Biológicas e da Saúde na área de Epidemiologia Molecular; 2. Instruir estes profissionais sobre agentes patológicos tanto emergentes quanto os já estabelecidos; 3. Estudar malhas de transmissão de agentes patológicos; 4. Aprofundar o conhecimento em técnicas moleculares; 5. Aprofundar o conhecimento em modelos epidemiológicos; 6. Correlacionar as áreas interdisciplinares da Epidemiologia Molecular.

6. Perfil Profissional Pretendido (Egresso) (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

O perfil profissional pretendido do egresso do curso de Especialização em Epidemiologia Molecular é de um profissional capaz de compreender e relacionar as diferentes áreas cujas aplicações utilizam técnicas moleculares, computacionais e epidemiológicas

7. Cronograma de Execução do Projeto (inserir novas linhas conforme necessário)

Fase/Etapa	Início de Realização (Mês/Ano)	Término de Realização (Mês/Ano)
Execução da Atividade de Extensão:	Abril/2026	Junho/2027
Divulgação:	Maio/2025	Maio/2026
Inscrição dos Alunos (*):	Agosto/2025	Maio/2026
Oferta das Disciplinas (Aulas):	Abril/2026	Abril/2027
Orientação de TCC:	Outubro/2026	Abril/2027
Apresentação de TCC:	Abril/2027	Abril/2027
Elaboração de Relatório e Prestação de Contas (**):	Abril/2027	Junho/2027
Prazo Previsto Para a Emissão dos Certificados (***):	Maio/2027	Junho/2027

(*) Os dados e documentos dos alunos matriculados devem ser inseridos no sistema ProExWeb até 30 dias após início das aulas (Art. 14, §2º do Regimento Geral de Cursos de Pós-Graduação Lato Sensu da UFSCar). Em relação aos documentos dos estudantes, destaca-se que no caso de estrangeiros sem o CPF/RNE é possível o uso do passaporte como documento de cadastro.

(**) O relatório e os documentos pertinentes devem ser inseridos no sistema ProExWeb até 60 dias após o encerramento do curso (Art. 14, §3º do Regimento Geral de Cursos de Pós-Graduação Lato Sensu da UFSCar e Ato Administrativo CoEx n.º 40/2023).

(***) Deve considerar o prazo de análise e aprovação do relatório da Atividade de Extensão pelo Conselho de Extensão (CoEx).

8. Equipe de Trabalho (idêntica à equipe inserida no sistema ProExWeb)

8.1. Membros INTERNOS à UFSCar (inserir novas linhas conforme necessário)

Nome	Maior Titulação (Especialista, Mestre ou Doutor)	Vinculação (Docente/TA/Discente e Departamento/Unidade)	SIAPE/Nº de Registro	Link para Currículo Lattes	Atividades a Serem Realizadas/ Função no Projeto (*)	Carga Horária Total no Período de Vigência da Atividade de Extensão	Quantidade de Bolsas	Valor Unitário (em R\$) (**)	Valor Total (em R\$)
Caio César de Melo Freire	Doutor	Docente Departamento de Genética e Evolução	2273796	http://lattes.cnpq.br/6594298373448536	Coordenador e docente dos módulos sobre biologia molecular, epidemiologia e bioinformática	200	12	R\$8479,20	R\$101750,40
Francis de Moraes Franco Nunes	Doutor	Docente Departamento de Genética e Evolução	1984473	http://lattes.cnpq.br/1974857490729279	Docente responsável pelo conteúdo de técnicas de Biologia Molecular	60	3	R\$8479,20	R\$25437,60
Lorenzo Bettin		Discente	815430	http://lattes.cnpq.br/2402236117254991	Discente que ajudará em atividades administrativas de acompanhamento da turma à distância	80	12	R\$800,10	R\$9601,20
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$

(*) Neste campo espera-se que seja informada a atividade específica a ser desempenhada pelo membro da equipe. Por exemplo: docente da disciplina “X”, orientações de estudantes, elaboração de material didático, coordenação do curso, mentoria/tutoria, etc.

(**) Outras observações importantes em relação ao item:

1. Atentar para os valores padronizados de bolsas PIDICT conforme Resolução CoEx n.º 02/2023, de 11 de maio de 2023 (Documento SEI n.º 1039802);
2. Lembramos que em conformidade com as normas da UFSCar não são admitidos pagamentos de mais uma bolsa por mês a um mesmo beneficiário, assim a listagem de bolsistas e períodos apresentados acima serão objeto de verificação pela FAI•UFSCar e pela UFSCar com base em outros projetos em que o beneficiário figure como membro da equipe executora (independente do vínculo), de modo a verificar a viabilidade técnica/jurídica acerca da previsão orçamentária;
3. No caso de cursos de especialização, a inclusão de estudantes de graduação, de mestrands e de servidores técnico-administrativos se constituirá em caráter excepcional. Para cada membro nesta condição, deve-se incluir, como anexo a este PTA, um plano de trabalho de até duas páginas, contendo objetivos e justificativas da pertinência da participação, detalhamento das atividades a serem desenvolvidas (não devem se vincular a atividades administrativas) e cronograma de execução. No caso de servidores TAs, o plano de trabalho deve explicitar os requisitos cumulativos do Parecer n.º 00121/2022/CONS/PFFUFSCAR/PGF/AGU da Procuradoria Federal (Documento SEI n.º 0960944), a saber:
 - 3.1. seja a atividade de extensão realizada fora do horário de jornada regular do servidor;
 - 3.2. haja pedido do servidor interessado;
 - 3.3. o tipo de atividade a ser desempenhada esteja relacionado à especialidade do servidor ou quando sua participação for do interesse da universidade e;
 - 3.4. haja anuência da chefia.

8.2. Membros EXTERNOS à UFSCar (inserir novas linhas conforme necessário)								
8.2.1. Autônomos								
Nome	CPF	Maior Titulação (Especialista, Mestre ou Doutor)	Link para Currículo Lattes	Atividades a Serem Realizadas/ Função no Projeto (*)	Carga Horária Total na Atividade de Extensão	Quantidade de Pagamentos	Valor Unitário Bruto (em R\$) (*)	Valor Total Bruto (em R\$) (*)
Daniel Ferreira de Lima Neto	18606824801	Doutor	http://lattes.cnpq.br/1728785912077604	Docente dos módulos referentes a epidemiologia molecular	100	12	R\$8333,33	R\$100000,00
							R\$	R\$
							R\$	R\$
							R\$	R\$
							R\$	R\$

(*) Para a contratação de autônomos, utilizar a calculadora: Formulário de Pagamento Autônomo - FAIWeb e certificar-se com a FAI•UFSCar da elegibilidade de contratação do profissional quanto a adequação da função em relação à natureza da atividade autônoma e para garantir a não caracterização de vínculo empregatício com a Fundação, e evitar indeferimento posterior.

8.2. Membros EXTERNOS à UFSCar (inserir novas linhas conforme necessário)									
8.2.2. CLT's e/ou Estagiários (*)									
Nome	CPF	Maior Titulação (Especialista, Mestre ou Doutor)	Link para Currículo Lattes	Atividades a Serem Realizadas/Função no Projeto	Período (**)		Carga Horária Total na Atividade de Extensão	Valor Unitário Bruto (em R\$) (***)	Valor Total Bruto (em R\$)
					Data Inicial	Data Final			
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$
								R\$	R\$

(*) Para a contratação de CLTs e/ou de estagiários, consultar os custos diretamente junto ao setor de Gestão de Pessoas da FAI•UFSCar (contatos disponíveis em: <https://sistemas.fai.ufscar.br/colaborador/listacontatos>).

(**) Neste campo deverá ser considerado o período em que o CLT e/ou o estagiário atuará no respectivo projeto, incluindo-se o período de desligamento, quando for o caso (com aviso prévio trabalhado – 30 dias antes do término/com aviso prévio indenizado – imediatamente).

(***) Valor resultante do Cálculo de RPA da FAI•UFSCar (disponível em: <https://sistemas.fai.ufscar.br/Coordenadores/PagamentoAutonomo/Formulario>).

9. Currículo Pleno Adotado: Carga Horária Total, Ciclos de Estudo e Fundamentação Teórica (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb).

Inserir informações resumidas listando os módulos e/ou as disciplinas que serão ofertados(as), contendo seus nomes, carga horária, período de oferecimento e docentes responsáveis.

Epidemiologia Molecular

13 módulos

Neste curso de Epidemiologia molecular adotaremos os vírus como modelos

Módulo 1: Fundamentos em Epidemiologia Viral - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto 27h

Revisão dos conceitos básicos em epidemiologia viral (6,75 horas)

1. História e evolução da epidemiologia viral

- Análise das primeiras observações de doenças virais em populações humanas e animais, e como a ciência evoluiu para definir e estudar os vírus em relação à sua distribuição, dinâmica e controle.

2. Mecanismos de transmissão viral

- Discussão sobre os principais modos de transmissão viral (vetorial, contato direto, aerossóis, fômites, etc.), com exemplos de patógenos virais e os fatores que influenciam a eficiência de transmissão.

3. Fatores determinantes da propagação viral

- Revisão de como fatores ecológicos, demográficos, comportamentais e socioeconômicos influenciam a disseminação de vírus em diferentes contextos geográficos e populacionais.

4. Dinâmica de infecção e o conceito de R0 (número básico de reprodução)

- Explicação sobre o cálculo do número básico de reprodução e sua importância na avaliação do potencial de disseminação de um vírus dentro de uma população.

5. Modelagem epidemiológica em virologia

- Introdução aos principais modelos matemáticos e computacionais usados para prever surtos, epidemias e pandemias, como os modelos SIR, SEIR e outras variações.

6. Estratégias de vigilância epidemiológica para vírus emergentes

- Análise de métodos de monitoramento, detecção e resposta a surtos virais, com foco na importância da vigilância ativa e passiva para prevenir epidemias.

7. Imunidade de rebanho e controle de epidemias

- Discussão sobre o conceito de imunidade coletiva, a importância da vacinação, e os desafios no controle da disseminação de vírus em populações humanas e animais.

8. Impacto das mutações virais e variantes

- Revisão sobre como a evolução e mutação dos vírus, como a ocorrência de variantes e cepas, afetam a epidemiologia viral e as estratégias de controle.

9. Respostas de saúde pública a epidemias virais

- Estudo de estratégias de saúde pública para mitigar e controlar surtos virais, incluindo quarentena, isolamento, vacinação, e comunicação de risco.

10. O papel da vigilância genômica na epidemiologia viral

- Exploração de como a análise de sequências virais contribui para o monitoramento de surtos, a identificação de novas variantes, e a compreensão da evolução e dispersão de patógenos virais.

Análise crítica de estudos epidemiológicos em doenças virais (6,75 horas)

1. Metodologias de estudo em epidemiologia viral

- Comparação das diferentes abordagens metodológicas usadas em estudos epidemiológicos (coortes, casos-controle, estudos transversais), suas vantagens e limitações na pesquisa de doenças virais.

2. Qualidade dos dados em estudos epidemiológicos virais

- Discussão sobre a qualidade dos dados usados em estudos epidemiológicos, incluindo coleta de dados, viés de informação, subnotificação e a importância da padronização para comparações globais.

3. A importância dos estudos de coorte em surtos virais

- Avaliação do uso de estudos de coorte para investigar a propagação de vírus, acompanhar indivíduos expostos e entender a progressão de doenças virais em diferentes populações.

4. Desafios na avaliação da causalidade em doenças virais

- Análise crítica dos critérios de causalidade em estudos epidemiológicos virais, com foco nos desafios de provar a relação entre exposição a um vírus e o desenvolvimento de uma doença específica.

5. Uso de estudos de casos-controle para investigar surtos de vírus emergentes

- Revisão da aplicabilidade e das limitações dos estudos de casos-controle na identificação de fatores de risco durante epidemias e pandemias virais.

6. Interpretação de riscos relativos e odds ratio em estudos virais

- Análise sobre como os riscos relativos e odds ratio são calculados e interpretados em estudos epidemiológicos virais, e a importância desses indicadores para determinar fatores de risco.

7. Viés e confusão em estudos de doenças virais

- Exploração dos principais tipos de vieses (seleção, informação, aferição) e fatores de confusão em estudos epidemiológicos, e como eles podem distorcer os resultados de pesquisas sobre infecções virais.

8. O papel das análises temporais em epidemias virais

- Avaliação crítica da importância de estudos longitudinais e análises temporais para entender a dinâmica de transmissão e a evolução de surtos virais ao longo do tempo.

9. Estudos de intervenção e sua eficácia no controle de surtos virais

- Análise da estrutura e dos resultados de estudos que testam intervenções (vacinas, terapias antivirais, medidas de controle) durante surtos virais e como medir sua eficácia.

10. O impacto de fatores ambientais e sociodemográficos na epidemiologia viral

- Discussão sobre como variáveis ambientais (clima, densidade populacional) e sociodemográficas (idade, gênero, status socioeconômico) são consideradas em

estudos epidemiológicos e influenciam os resultados.

11. Desafios na extrapolação de resultados epidemiológicos para diferentes populações virais

- Avaliação das limitações ao tentar generalizar resultados de estudos epidemiológicos virais realizados em populações específicas para outras regiões ou grupos populacionais.

12. A importância da revisão sistemática e meta-análise na epidemiologia viral

- Análise da relevância de revisões sistemáticas e meta-análises na consolidação de evidências epidemiológicas e na redução de incertezas em relação ao impacto de doenças virais.

13. Uso de estudos de modelagem em previsões epidemiológicas virais

- Avaliação crítica do uso de modelos matemáticos em estudos epidemiológicos, incluindo a adequação dos parâmetros usados e os desafios de prever a evolução de surtos virais com precisão.

14. O papel dos determinantes sociais na disseminação de doenças virais

- Análise crítica de como estudos epidemiológicos abordam ou deixam de abordar os determinantes sociais da saúde, como desigualdades econômicas e acesso à saúde, na disseminação de doenças virais.

15. Ética em estudos epidemiológicos sobre vírus

- Discussão dos desafios éticos envolvidos na condução de estudos epidemiológicos de surtos virais, incluindo o uso de dados pessoais, consentimento informado e o manejo de informações sensíveis durante emergências de saúde pública.

Métodos avançados de vigilância epidemiológica para doenças virais (6,75 horas)

1. Vigilância genômica e sequenciamento em tempo real

- Análise do uso de tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS) e nanopore para monitorar a evolução e disseminação de vírus em tempo real durante surtos, permitindo a detecção de mutações e novas variantes.

2. Monitoramento ambiental de vírus em águas residuais

- Estudo de métodos de vigilância de vírus em águas residuais (wastewater surveillance) para a detecção precoce de surtos comunitários de doenças virais, como poliomielite e COVID-19.

3. Uso de big data e inteligência artificial na vigilância viral

- Discussão sobre como o uso de big data, machine learning e inteligência artificial está revolucionando a vigilância epidemiológica, com a integração de grandes volumes de dados clínicos, ambientais e genômicos para prever e detectar surtos.

4. Vigilância digital e epidemiologia participativa

- Avaliação de plataformas digitais e métodos participativos, como sistemas baseados em mídias sociais, aplicativos de saúde e autodeclaração de sintomas, para vigilância viral em tempo real.

5. Sistemas de alerta precoce baseados em dados de satélite

- Exploração do uso de dados de sensoriamento remoto para monitorar condições ambientais e climáticas que afetam a transmissão de doenças virais, como dengue e febre amarela, para criar sistemas de alerta precoce.

6. Vigilância sindrômica em tempo real

- Análise crítica da vigilância sindrômica, que usa dados clínicos em tempo real para identificar padrões de sintomas compatíveis com doenças virais antes da confirmação laboratorial, como uma ferramenta para detecção precoce de epidemias.

7. Detecção de vírus zoonóticos em populações animais e ecossistemas

- Estudo de métodos avançados para vigilância de vírus zoonóticos em populações animais e em ecossistemas naturais, focando na detecção precoce de vírus com potencial de "spillover" para humanos.

8. Vigilância viral em vetores

- Análise de métodos de vigilância que monitoram a presença de vírus em vetores, como mosquitos e carrapatos, utilizando armadilhas entomológicas e análise molecular, para prever surtos de doenças transmitidas por vetores.

9. Plataformas de vigilância global interconectadas

- Discussão sobre a importância da integração de sistemas globais de vigilância epidemiológica, como a GISAID e o WHO's Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS), para o compartilhamento rápido de dados sobre vírus emergentes.

10. Vigilância com base em biomarcadores e amostras de biorrepositórios

- Exploração do uso de biomarcadores virais e biorrepositórios de amostras biológicas para vigilância de doenças virais, permitindo uma abordagem retrospectiva e prospectiva na identificação de patógenos.

11. Detecção de surtos virais através de vigilância de saúde animal

- Avaliação do papel da vigilância em saúde animal para detectar surtos virais em rebanhos e populações de animais selvagens que possam ter implicações para a saúde humana e a biossegurança.

12. Monitoramento de redes de transporte e mobilidade para vigilância viral

- Discussão sobre como o monitoramento de padrões de mobilidade humana (dados de viagens, transporte público, e fluxos migratórios) pode ser integrado em sistemas de vigilância epidemiológica para prever a disseminação de doenças virais.

13. Vigilância com base em amostras respiratórias comunitárias

- Estudo de programas de vigilância que coletam amostras respiratórias de indivíduos ou grupos populacionais para rastrear a disseminação de vírus respiratórios, como o influenza e o SARS-CoV-2.

14. Vigilância de vírus em alimentos e cadeias produtivas

- Discussão sobre o monitoramento de vírus em produtos alimentícios e cadeias produtivas globais (por exemplo, norovírus em alimentos) para prevenir a disseminação de patógenos através da cadeia alimentar.

15. Uso de tecnologias portáteis para vigilância viral

- Análise do uso de dispositivos portáteis de diagnóstico, como biossensores, wearables e dispositivos de PCR em campo, que permitem a detecção rápida e acessível de patógenos virais em tempo real.

16. Vigilância genômica de populações vulneráveis e de alto risco

- Investigação dos métodos usados para realizar vigilância genômica direcionada em populações vulneráveis (imunocomprometidos, trabalhadores de saúde, comunidades indígenas) para detecção de doenças virais emergentes.

17. Integração de redes sociais e dados epidemiológicos na vigilância de vírus

- Discussão sobre o uso de dados de redes sociais em combinação com dados epidemiológicos para detectar tendências de surtos virais em diferentes regiões e contextos socioculturais.

Abordagens de modelagem em epidemiologia viral (6,75 horas)

1. Modelagem baseada em agentes (Agent-Based Models - ABM) em epidemiologia viral

- Discussão sobre como a modelagem baseada em agentes simula interações individuais entre hospedeiros e agentes patogênicos para prever a disseminação de vírus, incorporando comportamentos humanos e variabilidade individual.
- 2. Modelos compartimentais estocásticos para doenças virais
 - Análise dos modelos compartimentais estocásticos (como o SIR estocástico), que incorporam a aleatoriedade nos processos de infecção e recuperação, e são usados para capturar flutuações em surtos virais, especialmente em pequenas populações.
- 3. Modelagem por redes de contato para a propagação de vírus
 - Exploração de modelos baseados em redes de contato social, que representam indivíduos como nós e suas interações como arestas, permitindo o estudo da disseminação de vírus em redes heterogêneas e a identificação de superpropagadores.
- 4. Modelagem metapopulacional de transmissão viral
 - Discussão sobre modelos metapopulacionais que simulam a dinâmica de transmissão viral em várias subpopulações conectadas, como cidades ou regiões, permitindo a análise da disseminação geográfica e os efeitos de barreiras ou facilidades de migração.
- 5. Modelos de co-infecção e competição entre vírus
 - Análise de modelos matemáticos que lidam com a co-infecção (infecção simultânea por múltiplos vírus) e competição entre patógenos virais dentro de uma população hospedeira, examinando suas implicações na prevalência e evolução viral.
- 6. Modelagem de imunidade parcial e reinfeções
 - Exploração de abordagens que incorporam imunidade parcial e a possibilidade de reinfeções por variantes do mesmo vírus, e como essas dinâmicas afetam a trajetória de surtos e a resposta imunológica coletiva.
- 7. Modelagem dinâmica de vacinas e imunidade de rebanho
 - Análise dos modelos que simulam o impacto de diferentes estratégias de vacinação na imunidade de rebanho, explorando a relação entre cobertura vacinal, eficácia da vacina e a evolução de surtos virais.
- 8. Modelagem da interação vírus-hospedeiro baseada em dinâmica de sistemas
 - Discussão sobre como modelos de dinâmica de sistemas podem capturar a interação complexa entre o vírus e o sistema imunológico do hospedeiro, prevendo desfechos de doenças com base em parâmetros imunológicos e virais.
- 9. Modelagem bayesiana para inferência epidemiológica em virologia
 - Análise de abordagens de modelagem bayesiana, que permitem a incorporação de incertezas e informações prévias na inferência de parâmetros epidemiológicos e na previsão de surtos, especialmente úteis em contextos de dados limitados.
- 10. Modelagem baseada em dados para epidemias virais
 - Exploração de modelos de machine learning e deep learning que são treinados diretamente em grandes conjuntos de dados epidemiológicos, permitindo previsões sobre surtos virais com base em padrões históricos e dados em tempo real.
- 11. Modelos de predição espaço-temporal para surtos virais
 - Análise de modelos espaço-temporais que preveem a evolução geográfica e temporal de surtos virais, levando em consideração fatores como mobilidade populacional, densidade demográfica e variações climáticas.
- 12. Modelos acoplados de clima e epidemiologia viral
 - Discussão sobre modelos que integram dados climatológicos (como temperatura, umidade e sazonalidade) para prever como mudanças climáticas influenciam a propagação de vírus transmitidos por vetores, como a dengue e a zika.
- 13. Modelagem genética de populações virais durante surtos
 - Estudo de modelos que combinam dados genéticos de populações virais com parâmetros epidemiológicos para rastrear a evolução e dispersão de variantes durante epidemias, usando métodos como filodinâmica.
- 14. Modelagem de impacto de intervenções não farmacológicas (INFs) em epidemias virais
 - Análise de modelos que simulam o efeito de intervenções não farmacológicas, como distanciamento social, uso de máscaras e quarentena, na contenção de surtos virais e como essas estratégias afetam a dinâmica de transmissão.
- 15. Modelagem de transmissão zoonótica e "spillover"
 - Discussão sobre modelos que analisam a transmissão zoonótica, com foco no processo de "spillover", em que um vírus passa de uma população animal para humanos, e como fatores ecológicos e evolutivos afetam esse processo.
- 16. Modelagem da evolução viral sob pressão seletiva
 - Exploração de modelos que simulam a evolução de vírus sob diferentes pressões seletivas, como o uso de antivirais, mudanças no hospedeiro ou intervenções imunológicas, e como isso afeta a emergência de variantes resistentes.
- 17. Modelagem do impacto econômico de surtos virais
 - Estudo de abordagens que integram modelos epidemiológicos com modelos econômicos para prever o impacto econômico de epidemias virais, considerando custos de saúde, perda de produtividade e efeitos a longo prazo.
- 18. Modelagem comportamental integrada à epidemiologia viral
 - Discussão sobre modelos que incorporam variáveis comportamentais humanas, como adesão a medidas de prevenção, percepção de risco e mudanças nos hábitos sociais, para prever como esses fatores influenciam a dinâmica de surtos virais.
- 19. Modelos híbridos de aprendizado de máquina e dinâmica epidemiológica
 - Análise de modelos híbridos que combinam abordagens tradicionais de modelagem epidemiológica com algoritmos de aprendizado de máquina para melhorar a precisão das previsões e a adaptação a novos dados.
- 20. Modelagem da resposta imunológica em diferentes populações
 - Estudo de modelos que levam em conta variações na resposta imunológica entre diferentes grupos populacionais (idade, comorbidades, histórico de vacinação) para prever o curso de epidemias virais em diferentes cenários populacionais.

Módulo 2: Modelagem de Doenças Infecciosas - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 27h

Princípios da modelagem matemática em epidemiologia de doenças infecciosas

1. Fundamentos dos modelos compartimentais (SIR, SEIR, etc.)
 - Explicação dos princípios básicos dos modelos compartimentais como SIR (Susceptível-Infetado-Recuperado) e SEIR (Susceptível-Exposto-Infetado-Recuperado), descrevendo como esses modelos dividem a população em compartimentos e as equações diferenciais que governam a transição entre eles.
2. Taxas de transmissão e recuperação em modelos matemáticos
 - Discussão sobre como as taxas de transmissão (β) e recuperação (γ) são representadas em modelos matemáticos e como elas influenciam a dinâmica de surtos de doenças infecciosas.
3. Número básico de reprodução (R_0) e sua interpretação epidemiológica
 - Estudo do conceito de R_0 , o número básico de reprodução, e sua importância na previsão da disseminação de uma doença infecciosa, bem como como ele é calculado a partir dos parâmetros do modelo.

4. Equações diferenciais ordinárias (ODEs) em modelagem epidemiológica

- Análise de como equações diferenciais ordinárias são usadas para descrever a mudança nas proporções de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo, formando a base dos modelos matemáticos.

5. Modelo de crescimento exponencial versus crescimento logístico em surtos

- Comparação entre o crescimento exponencial de novos casos em surtos iniciais e o crescimento logístico, que incorpora a limitação de recursos e fatores de contenção, ajustando a taxa de crescimento ao longo do tempo.

6. Dinâmica de equilíbrio endêmico em modelos epidemiológicos

- Explicação de como os modelos matemáticos podem prever o estado de equilíbrio endêmico, onde a doença persiste na população com uma incidência estável, e quais parâmetros determinam esse ponto de equilíbrio.

7. Modelagem de cadeia de transmissão: Tempo de geração e intervalo serial

- Discussão sobre a importância do tempo de geração (tempo entre infecções sucessivas) e do intervalo serial (tempo entre o início dos sintomas em casos primários e secundários) na modelagem da propagação de doenças infecciosas.

8. Introdução ao conceito de "herd immunity" (imunidade de rebanho)

- Explicação de como a imunidade de rebanho é representada em modelos matemáticos e a fórmula que define o limiar de imunidade populacional necessário para prevenir a propagação de uma doença.

9. Efeitos de diferentes períodos de incubação em modelos SEIR

- Análise do impacto de diferentes períodos de incubação na dinâmica da transmissão de doenças, destacando como o modelo SEIR inclui uma fase "exposta" para representar o atraso entre a infecção e a capacidade de transmissão.

10. Modelagem de intervenções não farmacológicas (NPIs) em modelos simples

- Discussão sobre como intervenções não farmacológicas, como distanciamento social e quarentena, podem ser incorporadas em modelos compartimentais simples, ajustando parâmetros de transmissão e de contato.

11. Modelos determinísticos versus modelos estocásticos

- Comparação entre modelos determinísticos, que assumem resultados fixos baseados em equações diferenciais, e modelos estocásticos, que incorporam incertezas e variabilidade aleatória, especialmente importantes em pequenas populações.

12. Taxas de mortalidade e letalidade em modelos epidemiológicos

- Explicação sobre como as taxas de mortalidade (mortes por infecção) e letalidade (proporção de mortes entre infectados) são incluídas em modelos e seu impacto na previsão de surtos e na formulação de políticas de saúde.

13. Modelagem de imunidade adquirida e perda de imunidade

- Discussão sobre como a imunidade adquirida e sua potencial perda (imunidade temporária) são representadas em modelos matemáticos, como o SIRS, que inclui a transição de recuperado de volta para suscetível.

14. Efeitos de heterogeneidade populacional em modelos epidemiológicos

- Análise de como a heterogeneidade nas características populacionais (idade, comportamento, imunidade) pode ser incorporada em modelos matemáticos para fornecer previsões mais precisas de surtos.

15. Modelos de transmissão dependentes da densidade versus transmissão dependente da frequência

- Comparação entre modelos que assumem que a taxa de contato (e, portanto, a transmissão) depende da densidade populacional versus aqueles que consideram a transmissão dependente da frequência de interações, relevantes para doenças com modos diferentes de disseminação.

16. Modelagem da sazonalidade em epidemias virais

- Exploração de como fatores sazonais, como variações de temperatura e umidade, são incorporados em modelos matemáticos para explicar padrões sazonais de surtos, como os de influenza e dengue.

17. Tempo de latência e sua incorporação em modelos

- Discussão sobre como o tempo de latência (o período entre a exposição e o início da infecciosidade) é modelado e como isso afeta as previsões de surtos e o controle de doenças infecciosas.

18. Análise de sensibilidade em modelos epidemiológicos

- Estudo sobre a importância da análise de sensibilidade, que testa a influência de diferentes parâmetros nos resultados de um modelo, permitindo identificar os fatores mais críticos que determinam a propagação de uma doença.

19. Modelagem da evolução da resistência a medicamentos

- Discussão sobre como a emergência de resistência a medicamentos pode ser incorporada em modelos epidemiológicos, simulando a dinâmica de propagação de cepas resistentes e as implicações para o tratamento.

20. Estimativas de parâmetros através de ajuste de modelos (fitting)

- Explicação dos métodos de ajuste de modelos matemáticos aos dados observados, como a minimização de erro quadrático ou a maximização de verossimilhança, para estimar parâmetros críticos como R_0 e taxas de recuperação.

Modelos SIR (Susceptível-Infectado-Recuperado) e suas variantes

1. Introdução ao modelo SIR clássico

- Explicação do modelo SIR básico, que divide a população em três compartimentos (suscetíveis, infectados e recuperados), e como ele descreve a dinâmica de infecções e a recuperação ao longo do tempo.

2. Extensão do modelo SIR para incluir mortalidade (SIRD)

- Análise do modelo SIRD, que adiciona um compartimento para mortes, permitindo estudar o impacto de doenças com alta letalidade e como o número de mortes altera a dinâmica da epidemia.

3. Modelo SEIR: Incorporação do período de incubação

- Discussão sobre o modelo SEIR, que introduz um compartimento "exposto" para representar o período de incubação antes que os indivíduos infectados se tornem infecciosos, crucial para modelar doenças como a COVID-19.

4. Modelo SIRS: Imunidade temporária e reinfecções

- Exploração do modelo SIRS, que inclui um ciclo de volta ao estado de suscetível após a recuperação, simulando a perda de imunidade ao longo do tempo e permitindo a reinfecção, relevante para doenças com imunidade temporária.

5. Modelo SIS: Ausência de imunidade permanente

- Explicação do modelo SIS, onde indivíduos recuperados voltam diretamente ao estado de suscetível, sem aquisição de imunidade, utilizado para modelar doenças como a gonorréia, onde não há imunidade de longo prazo.

6. Modelo SIR com vacinação

- Análise de uma variante do SIR que inclui vacinação, incorporando a dinâmica de indivíduos vacinados e imunizados diretamente no modelo, para prever o impacto de campanhas de vacinação na disseminação de doenças infecciosas.

7. Modelos SIR heterogêneos: Variabilidade na suscetibilidade e contato

- Discussão sobre variantes do SIR que incorporam a heterogeneidade na população, como diferentes níveis de suscetibilidade ou padrões de contato, refletindo

cenários mais realistas de interações sociais.

8. Modelo SIR com tempo de recuperação variável

- Exploração de uma variante do SIR que permite tempos de recuperação variáveis entre indivíduos, em vez de assumir uma taxa de recuperação constante, aumentando a precisão em cenários com tratamentos ou variação imunológica.

9. Modelos SIR acoplados a redes de transporte

- Análise de modelos SIR que incorporam redes de transporte (como aeroportos ou rodovias), simulando a propagação geográfica de uma doença e a importância da mobilidade humana na disseminação de surtos.

10. Modelo SIR com superpropagadores (heterogeneidade de transmissão)

- Discussão de variantes do SIR que levam em consideração a existência de superpropagadores, indivíduos responsáveis por um número desproporcionalmente alto de infecções, ajustando as taxas de transmissão para refletir essa variabilidade.

11. Modelo SIR com co-infecção e múltiplos patógenos

- Exploração de modelos SIR que permitem a co-infecção por múltiplos patógenos, analisando como a presença de uma doença pode alterar a suscetibilidade ou progressão de outra, relevante para doenças virais concomitantes.

12. Modelo SAIR: Suscetível, Assintomático, Infectado, Recuperado

- Análise do modelo SAIR, que adiciona um compartimento "assintomático" para representar indivíduos que estão infectados, mas não apresentam sintomas, permitindo uma simulação mais precisa de doenças com alta proporção de assintomáticos, como a COVID-19.

13. Modelo SIR com intervenção adaptativa

- Discussão sobre modelos SIR que incluem intervenções adaptativas, onde as políticas de saúde pública (como quarentenas ou distanciamento social) mudam com base na dinâmica da epidemia, alterando as taxas de transmissão ao longo do tempo.

14. Modelo SIR com sazonalidade

- Exploração de variantes do SIR que incorporam sazonalidade nas taxas de transmissão, simulando o aumento ou diminuição de infecções com as estações do ano, relevante para doenças como a gripe.

15. Modelo SIR multi-estratificado por idade

- Discussão de modelos SIR que estratificam a população por faixa etária, permitindo o estudo de como diferentes grupos de idade têm diferentes suscetibilidades, taxas de transmissão e impactos, como visto na dinâmica de infecções pediátricas e geriátricas.

16. Modelo SIR com mobilidade espacial (difusão)

- Análise de modelos SIR que incorporam mobilidade espacial, usando equações de difusão para simular o movimento de indivíduos entre regiões geográficas e como isso afeta a propagação de uma doença.

17. Modelo SIR com vacinação dinâmica e reforço

- Exploração de variantes do SIR que incorporam campanhas de vacinação periódicas ou doses de reforço, analisando como essas intervenções afetam a imunidade de rebanho e a sustentabilidade da proteção a longo prazo.

18. Modelo SIR com estrutura social complexa

- Discussão sobre variantes do SIR que modelam a estrutura social complexa, levando em consideração hierarquias sociais, grupos de risco e padrões de interação, relevantes para epidemias em populações com desigualdades de saúde.

19. Modelo SIR com competição entre variantes virais

- Análise de modelos SIR que permitem a coexistência e competição entre diferentes variantes de um vírus, como variantes de COVID-19, examinando como a transmissão de uma variante pode impactar a disseminação de outra.

20. Modelos SIR com tratamento e resistência a medicamentos

- Exploração de variantes do SIR que incorporam a administração de tratamentos durante surtos e a potencial evolução da resistência a medicamentos, relevante para doenças infecciosas tratáveis, como HIV e tuberculose.

Módulo 3: Imunologia Viral Avançada - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 27h

Resposta imune adaptativa e inata contra vírus

1. Diferenças fundamentais entre a imunidade inata e adaptativa

- Explicação sobre as principais distinções entre os sistemas imunológicos inato e adaptativo, com foco nos tempos de resposta, especificidade e memória imunológica.

2. Reconhecimento de padrões moleculares pelo sistema imune inato

- Discussão sobre como o sistema imunológico inato utiliza receptores de reconhecimento de padrões (PRRs), como os receptores Toll-like (TLRs), para identificar padrões moleculares associados a patógenos (PAMPs) em vírus.

3. Interferons de tipo I e sua função antiviral na resposta inata

- Estudo detalhado sobre o papel dos interferons de tipo I ($\text{IFN-}\alpha$ e $\text{IFN-}\beta$) na resposta imune inata contra infecções virais, incluindo a ativação de vias de sinalização antiviral e a indução de proteínas antivirais.

4. Células Natural Killer (NK) na resposta contra vírus

- Análise da função das células NK no reconhecimento e destruição de células infectadas por vírus, focando em seus receptores ativadores e inibitórios e seu papel na mediação da imunidade inata.

5. Macrófagos e células dendríticas na imunidade inata antiviral

- Discussão sobre o papel dos macrófagos e células dendríticas no reconhecimento inicial de vírus, fagocitose, e na apresentação de antígenos às células T, ligando a imunidade inata à adaptativa.

6. Células T CD8+ citotóxicas na resposta imune adaptativa antiviral

- Exploração da função das células T citotóxicas (CD8+) na resposta imune adaptativa, incluindo seu papel na destruição de células infectadas por vírus e o reconhecimento de peptídeos virais apresentados pelo MHC classe I.

7. Ativação e expansão clonal das células T CD4+

- Estudo sobre como as células T auxiliares (CD4+) são ativadas por células apresentadoras de antígeno (APCs) e como elas coordenam a resposta imune antiviral, auxiliando na ativação de células B e T citotóxicas.

8. Resposta humoral: Produção de anticorpos contra vírus

- Discussão sobre como a resposta imune humoral, mediada por células B, gera anticorpos específicos contra proteínas virais, neutralizando o vírus e prevenindo a sua entrada nas células.

9. Memória imunológica: Células B de memória e T de memória

- Análise de como a resposta imune adaptativa gera células B e T de memória após uma infecção viral, garantindo uma resposta mais rápida e eficiente em futuras exposições ao mesmo patógeno.

10. Apresentação cruzada de antígenos virais

- Exploração do mecanismo de apresentação cruzada, pelo qual células dendríticas apresentam antígenos virais via MHC classe I para células T CD8+, permitindo a ativação de uma resposta imune contra vírus que infectam células não dendríticas.

11. Papel do sistema complemento na resposta antiviral inata

- Discussão sobre o envolvimento do sistema complemento na resposta contra vírus, incluindo sua ativação por vias clássicas e alternativas e como ele facilita a opsonização e a destruição de partículas virais.

12. Papel dos linfócitos B e T na vacinação contra vírus

- Análise de como a vacinação induz uma resposta imune adaptativa, ativando linfócitos B e T para gerar imunidade de longo prazo contra infecções virais, com ênfase na formação de células de memória.

13. Evasão viral da resposta imune inata

- Discussão sobre os mecanismos usados por vírus para evadir a resposta imune inata, como a inibição da produção de interferons e o bloqueio da ativação de células NK e fagócitos.

14. Mecanismos de evasão da resposta imune adaptativa por vírus

- Exploração de como os vírus evoluíram para escapar da resposta adaptativa, incluindo a variação antigênica, modificação de epítopos apresentados pelo MHC e a interferência na sinalização das células T.

15. Sinergia entre a resposta imune inata e adaptativa

- Análise de como a resposta imune inata prepara e amplifica a resposta adaptativa, destacando a importância das interações entre macrófagos, células dendríticas, células NK e linfócitos.

16. Resposta imune inata contra vírus de RNA e DNA: Diferenças chave

- Discussão sobre as diferenças na resposta imune inata contra vírus de RNA e DNA, destacando como diferentes PRRs, como RIG-I e cGAS-STING, detectam esses vírus e iniciam respostas antivirais específicas.

17. Resposta imune contra vírus persistentes e crônicos

- Análise da resposta imune contra vírus que causam infecções crônicas, como o HIV e o vírus da hepatite C, e como a exaustão das células T e a evasão viral desafiam o controle da infecção a longo prazo.

18. Inflamação e a resposta imune inata em infecções virais

- Estudo do papel da inflamação como uma resposta inicial à infecção viral e como citocinas pró-inflamatórias (como IL-6, TNF- α) são críticas para o controle do vírus, mas também podem causar dano tecidual.

19. Ativação do inflamassoma em resposta a infecções virais

- Discussão sobre como a ativação do inflamassoma em células infectadas por vírus leva à produção de citocinas inflamatórias e piroptose, uma forma de morte celular programada que combate infecções virais.

20. Efeito das citocinas antivirais no controle da infecção viral

- Exploração do papel de citocinas-chave, como IL-12, IFN- γ e TNF- α , na coordenação da resposta antiviral, promovendo a ativação de células NK, T CD8+ e a produção de anticorpos.

Imunopatologia em doenças virais

1. Conceito de imunopatologia viral: Resposta imune danosa ao hospedeiro

- Introdução ao conceito de imunopatologia, destacando como a resposta imune desencadeada por uma infecção viral pode, em alguns casos, causar danos ao hospedeiro, exacerbando a doença.

2. Tempestade de citocinas em infecções virais graves

- Discussão sobre a "tempestade de citocinas", uma resposta inflamatória excessiva e descontrolada, que pode ocorrer em doenças virais como COVID-19 e gripe, levando à disfunção de múltiplos órgãos e morte.

3. Lesão pulmonar associada à resposta imune em infecções respiratórias virais

- Análise de como infecções virais respiratórias, como o vírus sincicial respiratório (RSV) ou o SARS-CoV-2, podem causar inflamação pulmonar grave e dano tecidual devido a respostas imunológicas excessivas.

4. Imunopatologia no fígado: Hepatite viral e danos imunomediados

- Discussão sobre como a resposta imune a infecções por hepatite B e C pode causar lesão hepática crônica, fibrose e cirrose, devido à destruição contínua de hepatócitos infectados por células T citotóxicas.

5. Papel dos linfócitos T na imunopatologia de infecções virais

- Exploração de como a ativação excessiva e a exaustão das células T durante infecções virais podem contribuir para danos teciduais, incluindo exemplos de infecções por HIV e hepatites virais.

6. Autoimunidade induzida por infecções virais

- Estudo sobre como infecções virais podem desencadear doenças autoimunes, devido à ativação de células B e T contra antígenos virais que mimetizam proteínas do próprio corpo (mimetismo molecular).

7. Imunopatologia na pele: Erupções e exantemas virais

- Discussão sobre como infecções virais como sarampo, varicela e dengue podem levar à formação de exantemas, erupções cutâneas mediadas pela resposta imune, e os mecanismos subjacentes.

8. Imunopatologia no sistema nervoso central: Encefalites virais

- Análise dos mecanismos pelos quais a resposta imune a vírus neurotrópicos, como o vírus do Nilo Ocidental ou o HSV, pode causar inflamação e dano ao tecido cerebral, levando à encefalite e outras complicações neurológicas.

9. Dano tecidual causado por inflamação crônica em infecções virais persistentes

- Discussão sobre infecções virais crônicas, como HIV ou hepatite C, e como a inflamação crônica e de baixa intensidade pode causar lesões de longo prazo nos tecidos, contribuindo para doenças como câncer e fibrose.

10. Papel dos anticorpos na imunopatologia: Reações de hipersensibilidade

- Exploração de como anticorpos podem mediar imunopatologia em infecções virais, como na dengue, onde a amplificação dependente de anticorpos (ADE) piora a infecção ao facilitar a entrada viral em células imunes.

11. Imunopatologia em doenças virais hemorrágicas

- Análise dos mecanismos imunopatológicos envolvidos em doenças virais hemorrágicas, como Ebola e febre amarela, onde a resposta imune exagerada contribui para a disfunção vascular e hemorragias.

12. Disfunção do endotélio em infecções virais e imunopatologia vascular

- Discussão sobre como a infecção viral, associada à resposta imune, pode causar disfunção endotelial, contribuindo para a imunopatologia vascular e aumentando o risco de trombose e edema, como observado em COVID-19.

13. Impacto das células NK na imunopatologia viral

- Estudo sobre o papel das células NK (natural killers) em infecções virais, e como sua ativação excessiva ou inadequada pode contribuir para o dano tecidual em vez de proteger o hospedeiro.

14. Imunopatologia em coinfeções virais

- Exploração de como a presença de múltiplas infecções virais simultâneas pode exacerbar a imunopatologia, através de interações entre respostas imunes, como em casos de coinfeção por HIV e hepatite.

15. Papel dos neutrófilos na imunopatologia de infecções virais

- Análise de como os neutrófilos, embora essenciais para a resposta imune, podem contribuir para a imunopatologia ao liberar enzimas proteolíticas e espécies reativas de oxigênio, exacerbando o dano tecidual durante infecções virais.

16. Imunopatologia na dengue: Amplificação dependente de anticorpos (ADE)

- Discussão detalhada sobre o ADE, uma característica imunopatológica importante na dengue, onde a presença de anticorpos de uma infecção prévia pode facilitar a entrada do vírus e piorar a resposta inflamatória.

17. Resposta inflamatória sistêmica e falência de múltiplos órgãos em infecções virais

- Estudo sobre a imunopatologia em infecções virais graves que resultam em inflamação sistêmica e falência de múltiplos órgãos, como no caso da gripe pandêmica ou do vírus Ebola.

18. Exaustão de células T e sua relação com imunopatologia em infecções virais crônicas

- Análise de como a exaustão das células T em infecções virais crônicas, como HIV e hepatite C, leva a uma disfunção imunológica contínua, incapaz de eliminar o vírus e, ao mesmo tempo, causando danos contínuos aos tecidos.

19. Imunopatologia associada à vacinação contra vírus

- Discussão sobre casos raros em que a vacinação pode desencadear respostas imunopatológicas, como em casos de vacinas que causam reações hiperinflamatórias ou hipersensibilidade em indivíduos predispostos.

20. Imunopatologia mediada por células B e produção anômala de anticorpos

- Exploração de como células B desreguladas podem produzir anticorpos patogênicos que contribuem para a imunopatologia viral, como em infecções por Epstein-Barr, onde a resposta imune pode resultar em linfoproliferação ou doenças autoimunes.

Papel da memória imunológica na proteção contra infecções virais

1. Formação de células de memória após infecção viral

- Explicação sobre como a resposta imune adaptativa gera células T e B de memória após uma infecção viral, permitindo uma resposta mais rápida e eficiente em futuras exposições ao mesmo vírus.

2. Duração da memória imunológica em infecções virais

- Discussão sobre a longevidade das células de memória T e B após diferentes infecções virais, como varíola, sarampo e COVID-19, e fatores que influenciam a duração dessa imunidade.

3. Papel das células B de memória na produção de anticorpos neutralizantes

- Estudo sobre como as células B de memória são reativadas durante uma nova exposição ao vírus, produzindo anticorpos altamente específicos que neutralizam o patógeno e evitam a reinfecção.

4. Células T de memória e a imunidade mediada por células

- Análise do papel das células T CD4+ e CD8+ de memória na resposta imunológica contra vírus, com foco na sua capacidade de reconhecer e eliminar células infectadas rapidamente após uma reexposição.

5. Memória imunológica em vacinas contra vírus

- Exploração de como as vacinas induzem memória imunológica de longo prazo, simulando uma infecção viral natural sem causar doença, garantindo proteção contra futuros contatos com o patógeno.

6. Resposta rápida de células T de memória residentes nos tecidos (TRM)

- Discussão sobre as células T de memória residentes em tecidos específicos (como pulmões e mucosas), que permanecem no local da infecção e fornecem uma defesa imediata contra reinfecções virais.

7. Reativação da memória imunológica por vírus latentes

- Estudo sobre como a memória imunológica pode ser reativada por vírus latentes, como o herpes simplex ou o citomegalovírus, quando há uma reativação do vírus

latente no hospedeiro.

8. Evolução viral e impacto na memória imunológica

- Análise de como mutações virais e a evolução de novas variantes podem escapar da memória imunológica, exemplificado por vírus como o influenza e o SARS-CoV-2.

9. Memória imunológica de curto prazo versus longo prazo

- Discussão sobre as diferenças entre memória imunológica de curto prazo, com anticorpos circulantes, e memória de longo prazo, mediada por células de memória que podem durar décadas.

10. Impacto da idade na eficácia da memória imunológica

- Exploração de como o envelhecimento afeta a resposta da memória imunológica, com enfoque na imunossenescência e na diminuição da eficácia das células de memória em idosos, o que pode aumentar a suscetibilidade a infecções virais.

11. Memória imunológica e infecções virais recorrentes

- Análise de como a memória imunológica previne ou atenua infecções virais recorrentes, como no caso do herpes, onde a memória imune pode controlar mas não eliminar completamente o vírus.

12. Memória imunológica cruzada entre vírus relacionados

- Discussão sobre a memória imunológica cruzada, onde a exposição a um vírus pode conferir proteção parcial contra outros vírus relacionados, como observado entre diferentes cepas de coronavírus.

13. Vacinação de reforço e amplificação da memória imunológica

- Estudo sobre o efeito de doses de reforço em vacinas virais, como no caso da vacina contra o tétano ou COVID-19, para amplificar e manter a resposta da memória imunológica.

14. Memória imunológica contra vírus de RNA versus vírus de DNA

- Comparação entre a formação e durabilidade da memória imunológica em resposta a vírus de RNA (como o influenza) versus vírus de DNA (como o herpesvírus), destacando as diferenças na resposta adaptativa.

15. Papel da memória imunológica na erradicação de doenças virais

- Discussão sobre como a memória imunológica foi crucial para a erradicação de doenças virais, como a varíola, e o papel que ela desempenha em campanhas de erradicação de outras doenças, como o sarampo.

16. Influência da infecção viral anterior na resposta a novas infecções virais

- Estudo de como uma infecção viral anterior pode afetar a resposta imune a infecções subsequentes, seja por interferência ou por memória imunológica cruzada, como observado em coinfeções por diferentes vírus respiratórios.

17. Falhas da memória imunológica em infecções crônicas

- Análise de como a memória imunológica pode ser ineficaz ou se esgotar em infecções crônicas, como no HIV, onde o vírus escapa da resposta imune e causa exaustão das células T de memória.

18. Impacto das variantes virais na eficácia da memória imunológica

- Discussão sobre como a emergência de variantes virais, especialmente em patógenos com alta taxa de mutação, pode reduzir a eficácia da memória imunológica, exigindo novos esforços de vacinação ou imunização.

19. Memória imunológica em transplantes de órgãos e infecções virais

- Estudo sobre como pacientes transplantados, com memória imunológica alterada devido à imunossupressão, respondem a infecções virais e à necessidade de vacinas específicas para esses indivíduos.

20. Memória imunológica e resposta a terapias antivirais

- Exploração de como a presença de memória imunológica influencia a eficácia de tratamentos antivirais e imunoterapias, incluindo terapias baseadas em anticorpos monoclonais e antivirais direcionados.

Estratégias de imunomodulação para controlar doenças virais

1. Uso de imunomoduladores para reduzir a inflamação em infecções virais graves

- Discussão sobre o papel de imunomoduladores, como corticosteroides, na redução da inflamação exacerbada em infecções virais graves, como COVID-19 e influenza, e os benefícios e riscos desse tratamento.

2. Interferons como imunomoduladores em infecções virais

- Análise do uso de interferons, proteínas antivirais naturais, como agentes imunomoduladores no tratamento de doenças virais como hepatite B e C, destacando seu impacto na resposta imune inata.

3. Anticorpos monoclonais como estratégia imunomoduladora

- Estudo sobre o uso de anticorpos monoclonais que modulam a resposta imune em infecções virais, como os tratamentos usados em COVID-19 para bloquear a tempestade de citocinas e neutralizar o vírus.

4. Modulação da resposta de células T para combater infecções virais crônicas

- Discussão sobre como imunoterapias que reativam células T exaustas podem melhorar o controle de infecções virais crônicas, como HIV e hepatite C, promovendo uma resposta imune mais eficaz.

5. Bloqueadores de citocinas para imunomodulação em doenças virais

- Estudo sobre o uso de inibidores de citocinas, como o tocilizumabe (bloqueador de IL-6), para controlar respostas imunológicas excessivas durante infecções virais graves e evitar danos imunopatológicos.

6. Vacinas terapêuticas como imunomoduladores em infecções virais crônicas

- Análise das vacinas terapêuticas que visam modular a resposta imune em infecções crônicas, como as vacinas experimentais contra o HIV e hepatite C, que tentam estimular uma resposta celular mais robusta.

7. Papel dos agonistas de receptores toll-like (TLR) na imunomodulação antiviral

- Discussão sobre o uso de agonistas de TLR, que ativam a resposta imune inata, para promover uma defesa rápida contra infecções virais, com exemplos como o uso de TLR7 para combater infecções por HIV.

8. Imunomodulação com moduladores de checkpoint imunológicos

- Estudo sobre como os inibidores de checkpoint imunológico (como anti-PD-1) são usados para reativar a resposta imune antiviral, especialmente em infecções virais crônicas, onde as células T ficam exaustas.

9. Uso de probióticos para imunomodulação em infecções virais

- Exploração do papel dos probióticos na modulação da microbiota intestinal para reforçar a imunidade antiviral, destacando estudos que mostram a redução da gravidade de infecções virais intestinais.

10. Terapias baseadas em citocinas para imunomodulação antiviral

- Discussão sobre o uso terapêutico de citocinas, como IL-2 e IL-7, para aumentar a proliferação e a função das células T em infecções virais crônicas e melhorar a resposta imunológica.

11. Modulação da imunidade inata com inibidores de JAK-STAT em infecções virais

- Estudo sobre o uso de inibidores da via JAK-STAT para modular a resposta inflamatória durante infecções virais, controlando a inflamação desregulada sem suprimir completamente a imunidade.

12. Uso de imunossuppressores seletivos em coinfeções virais

- Discussão sobre o uso cuidadoso de imunossuppressores seletivos para controlar a inflamação sem prejudicar a defesa antiviral em casos de coinfeções virais, como em pacientes com HIV e tuberculose.

13. Modulação do sistema imunológico com terapias de células CAR-T para infecções virais

- Análise das terapias celulares baseadas em células CAR-T, originalmente usadas em câncer, sendo aplicadas para infecções virais persistentes, reprogramando linfócitos para reconhecer e eliminar células infectadas.

14. Uso de imunoglobulinas intravenosas (IVIG) na imunomodulação em doenças virais

- Estudo sobre como IVIG pode ser usada para neutralizar vírus e modular a resposta imune em infecções virais graves, como no tratamento da síndrome inflamatória multissistêmica pediátrica associada à COVID-19.

15. Inibição seletiva de inflamasomas para controlar a imunopatologia viral

- Exploração de como inibidores de inflamasomas (como NLRP3) podem ser usados para modular a resposta inflamatória exacerbada em infecções virais, prevenindo danos teciduais causados pela ativação excessiva de inflamação.

16. Modulação da resposta imune com hormônios esteroidais em infecções virais

- Discussão sobre o papel dos esteroides no controle da inflamação associada a infecções virais graves, como no uso de dexametasona para reduzir a mortalidade em pacientes com COVID-19.

17. Terapias antivirais combinadas com imunomodulação para infecções virais crônicas

- Estudo de abordagens combinadas que integram terapias antivirais e imunomoduladoras, especialmente em infecções virais de longa duração, como o uso de antirretrovirais e imunomoduladores em pacientes com HIV.

18. Modulação da resposta imune inata com compostos naturais antivirais

- Análise de compostos naturais, como extratos de plantas e peptídeos antivirais, que atuam como imunomoduladores, promovendo uma resposta imune antiviral equilibrada e protegendo contra danos excessivos.

19. Terapias baseadas em RNA como moduladores do sistema imunológico antiviral

- Discussão sobre o uso de terapias baseadas em RNA, como mRNA e RNAi, para modular a resposta imune contra vírus, interferindo na replicação viral ou reprogramando a resposta imunológica.

20. Terapias baseadas em células dendríticas para imunomodulação antiviral

- Estudo sobre o uso de vacinas baseadas em células dendríticas, que são modificadas para apresentar antígenos virais e estimular uma resposta imunológica específica, ajudando a controlar infecções virais persistentes.

Módulo 4: Virologia Clássica e Molecular Avançada - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto e Francis Nunes - 27h

Isolamento, cultivo e caracterização avançada de vírus

1. Técnicas de isolamento viral

- Métodos de coleta de amostras e isolamento de vírus de diferentes hospedeiros e ambientes, incluindo técnicas baseadas em cultura celular, ovos embrionados e amostras clínicas.

2. Cultivo de vírus em diferentes sistemas biológicos

- Exploração dos principais sistemas de cultivo viral, como linhas celulares, ovos embrionados e modelos animais, abordando vantagens, limitações e especificidades de cada sistema.

3. Purificação de vírus

- Métodos físicos e químicos para purificação viral, como ultracentrifugação em gradiente de densidade, cromatografia e precipitação, visando a obtenção de partículas virais homogêneas para análise.

4. Quantificação de partículas virais

- Técnicas de quantificação de vírus, como plaque assay, titulação de dose infecciosa (TCID₅₀), qPCR, e espectrometria de massa, para avaliar a carga viral em amostras biológicas.

5. Caracterização morfológica de vírus

- Utilização de microscopia eletrônica de transmissão (TEM), varredura (SEM) e outras técnicas avançadas para descrever a estrutura morfológica de partículas virais.

6. Análise do ciclo replicativo viral

- Estudo das fases de entrada, replicação, montagem e liberação de vírus nas células hospedeiras, com enfoque em como esse ciclo varia entre diferentes tipos de vírus.

7. Avaliação de tropismo viral

- Discussão sobre o tropismo de diferentes vírus, ou seja, a especificidade de infecção por diferentes tipos celulares, tecidos e espécies, e as técnicas usadas para sua investigação.

8. Análise proteômica e genômica de vírus

- Ferramentas avançadas, como proteômica baseada em espectrometria de massa e sequenciamento de genomas virais, para entender as proteínas virais e o material genético envolvido na patogenidade e replicação.

9. Abordagens de bioinformática para caracterização viral

- Aplicação de ferramentas bioinformáticas para a anotação de genomas virais, identificação de genes virais funcionais e predição de interações vírus-hospedeiro.

10. Testes de infectividade viral

- Desenvolvimento e aplicação de ensaios para medir a infectividade viral em culturas celulares e organismos modelos, incluindo estudos de neutralização e resistência antiviral.

11. Estudos de interação vírus-hospedeiro

- Abordagem molecular das interações entre vírus e células hospedeiras, focando nos mecanismos de evasão do sistema imunológico, controle da expressão gênica do hospedeiro e modulação celular.

12. Uso de CRISPR/Cas para o estudo de vírus

- Exploração do uso da tecnologia CRISPR/Cas para edição genética, para investigar os mecanismos de infecção e replicação viral, além de desenvolver novas abordagens antivirais.

13. Ensaios de susceptibilidade antiviral

- Estudo de ensaios in vitro para avaliar a eficácia de compostos antivirais, incluindo a determinação de concentração inibitória e mecanismos de resistência adquirida por vírus.

Genética de populações virais e evolução molecular

1. Diversidade genética em populações virais

- Estudo da variabilidade genética em populações de vírus, incluindo a origem e manutenção de diversidade intra-hospedeiro e entre diferentes hospedeiros, com ênfase em vírus de RNA e DNA.

2. Deriva genética e efeito fundador em vírus

- Explicação dos processos de deriva genética e efeito fundador em populações virais, incluindo como eventos estocásticos podem impactar a diversidade genética e a adaptação em novos hospedeiros.

3. Pressão seletiva e adaptação viral

- Investigação das forças seletivas que atuam sobre populações virais, como a pressão do sistema imunológico, uso de antivirais, e mudanças no ambiente, e como isso dirige a adaptação e evolução dos vírus.

4. Evolução quasispecies em vírus de RNA

- Estudo do conceito de quasispecies em populações virais, abordando como a alta taxa de mutação dos vírus de RNA gera nuvens de mutações e afeta a fitness viral.

5. Recombinação genética em vírus

- Análise de como a recombinação genética, tanto intra como interespecífica, contribui para a diversidade genética e a emergência de novas variantes virais, com exemplos de vírus como HIV e Coronavírus.

6. Evolução convergente e paralela em vírus

- Estudo dos padrões de evolução convergente e paralela em diferentes linhagens virais, com exemplos de como diferentes vírus podem evoluir características similares em resposta a pressões seletivas comuns.

7. Troca gênica entre vírus e hospedeiros

- Discussão sobre os mecanismos de troca gênica entre vírus e seus hospedeiros, como transferência horizontal de genes, e seu impacto na evolução viral e na coevolução vírus-hospedeiro.

8. Hotspots de mutação e evolução rápida em genomas virais

- Identificação e estudo de regiões genômicas de alta taxa de mutação, conhecidas como hotspots, que aceleram a evolução viral e permitem rápida adaptação a novos ambientes ou hospedeiros.

9. Evolução de resistência a antivirais

- Exploração dos mecanismos pelos quais os vírus evoluem resistência a tratamentos antivirais, e como a evolução da resistência pode ser prevenida ou minimizada por estratégias terapêuticas.

10. Seleção positiva e negativa em genes virais

- Análise dos sinais de seleção positiva e negativa em genes virais, e como esses processos evolutivos moldam a função e a patogenidade das proteínas virais ao longo do tempo.

11. Giro genético e dinâmica de variantes

- Estudo da rotatividade genética (genetic drift) em populações virais e a dinâmica de variantes virais, incluindo como diferentes cepas surgem e competem dentro de uma população.

12. Métodos de filogenia molecular em virologia

- Aplicação de ferramentas de filogenia molecular para traçar as relações evolutivas entre diferentes vírus, determinar suas origens, e mapear eventos evolutivos como especiação e transferência entre hospedeiros.

13. Coalescência e tempo do mais recente ancestral comum (TMRCA)

- Discussão sobre a coalescência genética e o cálculo do TMRCA para estimar a idade das linhagens virais, com foco em sua aplicação em estudos evolutivos de surtos virais e pandemias.

Aplicações avançadas de biologia molecular na virologia

1. Técnicas avançadas de PCR em virologia

- Exploração de técnicas de PCR, como qPCR e digital PCR, para a quantificação precisa de genomas virais, detecção de variantes e monitoramento da carga viral em tempo real.
- 2. Sequenciamento de nova geração (NGS) em virologia
 - Uso de plataformas de sequenciamento de alta capacidade para a identificação de genomas virais completos, análise de mutações, e vigilância genômica em tempo real de vírus emergentes e variantes.
- 3. CRISPR/Cas9 e edição genética de vírus
 - Aplicação da tecnologia CRISPR/Cas9 para a edição de genomas virais, com foco na modificação de genes virais para estudo funcional, controle de infecções e desenvolvimento de novas terapias antivirais.
- 4. RNA interference (RNAi) na supressão de vírus
 - Uso da interferência de RNA como uma abordagem terapêutica para silenciar genes virais essenciais e inibir a replicação de vírus em células hospedeiras.
- 5. Métodos de clonagem molecular de genomas virais
 - Técnicas de clonagem de genomas virais para a criação de vírus recombinantes, estudo da função genética e desenvolvimento de vacinas baseadas em vetores virais atenuados.
- 6. Tecnologia de vetores virais para terapia gênica
 - Exploração do uso de vetores virais, como adenovírus e lentivírus, em terapias gênicas e no desenvolvimento de vacinas, com foco na manipulação de genomas virais para entrega genética segura e eficaz.
- 7. Técnicas de transcriptômica aplicadas a vírus
 - Aplicação de RNA-Seq e outras abordagens transcriptômicas para estudar os perfis de expressão gênica durante a infecção viral, identificando como os vírus modulam o transcriptoma das células hospedeiras.
- 8. Proteômica viral avançada
 - Uso de espectrometria de massa e outras técnicas proteômicas para mapear a composição de proteínas virais, estudar interações proteína-proteína e identificar alvos terapêuticos para novas abordagens antivirais.
- 9. Tecnologias de recombinação viral
 - Desenvolvimento de vírus recombinantes para fins de estudo, incluindo a geração de vírus quiméricos para investigar patogenicidade e evolução, e o uso em plataformas vacinais.
- 10. Estudos de metagenômica viral
 - Aplicação de técnicas de metagenômica para o estudo de comunidades virais em amostras ambientais e clínicas, visando a identificação de novos vírus e a compreensão do viroma em diferentes ecossistemas.
- 11. Análise epigenética de vírus
 - Exploração de como modificações epigenéticas, como metilação de DNA e modificações de histonas, afetam a replicação e a persistência de vírus em células hospedeiras.
- 12. Técnicas de pull-down e identificação de interações vírus-hospedeiro
 - Métodos avançados de pull-down para estudar interações entre proteínas virais e proteínas celulares, com o objetivo de mapear redes de interação que influenciam a replicação viral e a resposta imune.
- 13. Desenvolvimento de vacinas baseadas em RNA mensageiro (mRNA)
 - Aplicação de tecnologia de mRNA para o desenvolvimento de vacinas virais, destacando a criação de vacinas de mRNA, como aquelas para COVID-19, e sua aplicação futura para outros patógenos virais.

Modelagem molecular de proteínas virais e seus complexos

- 1. Simulações de dinâmica molecular de proteínas virais
 - Aplicação de simulações de dinâmica molecular para estudar o comportamento de proteínas virais em diferentes condições, como interações com ligantes, mudanças conformacionais e estabilidade estrutural.
- 2. Modelagem de homologia de proteínas virais
 - Uso de técnicas de modelagem por homologia para prever a estrutura tridimensional de proteínas virais, com base em proteínas homólogas conhecidas, e seu papel na função viral.
- 3. Docking molecular para complexos proteína-proteína virais
 - Aplicação de docking molecular para prever e analisar as interações entre proteínas virais e proteínas do hospedeiro, ou entre subunidades virais, focando em como essas interações modulam a replicação e a patogenicidade viral.
- 4. Previsão de estruturas secundárias e terciárias de proteínas virais
 - Técnicas para prever estruturas secundárias e terciárias de proteínas virais, como previsões baseadas em redes neurais e algoritmos de aprendizado de máquina aplicados a dados estruturais de proteínas.
- 5. Estudos de dinâmica conformacional de proteínas de envelope viral
 - Exploração da dinâmica conformacional de proteínas de envelope, como a glicoproteína spike de coronavírus, usando modelagem molecular para entender como essas mudanças afetam a entrada viral e a resposta imune.
- 6. Modelagem de proteínas virais usando inteligência artificial
 - Aplicação de inteligência artificial e ferramentas de aprendizado profundo, como AlphaFold, para prever estruturas de proteínas virais de alta precisão e estudar suas funções em processos infecciosos.
- 7. Modelagem de interações proteína-ligante em alvos virais
 - Uso de modelagem molecular para estudar a interação entre proteínas virais e ligantes, como inibidores de proteases e outras pequenas moléculas, com implicações no design de antivirais.
- 8. Estudos de interface proteína-membrana em vírus envelopados
 - Simulação e modelagem das interações entre proteínas virais e membranas lipídicas em vírus envelopados, com foco na fusão viral, montagem de partículas virais e processos de saída celular.
- 9. Análise de mutações estruturais e suas implicações funcionais em proteínas virais
 - Modelagem e simulação dos efeitos de mutações em proteínas virais, particularmente aquelas que impactam a função de proteínas-chave como polimerases virais, proteases e proteínas de fusão.
- 10. Modelagem de complexos ribonucleoproteicos virais
 - Estudo de como proteínas virais interagem com RNA viral em complexos ribonucleoproteicos, utilizando ferramentas de modelagem molecular para investigar o processo de replicação viral e montagem do vírus.
- 11. Modelagem de antígenos virais para design de vacinas
 - Aplicação de modelagem molecular para prever epitopos imunogênicos em proteínas virais, auxiliando no design de vacinas, com foco em epitopos conformacionais que induzem respostas imunes robustas.
- 12. Modelagem estrutural de proteínas virais multifuncionais

- Estudo de proteínas virais que desempenham múltiplas funções no ciclo de vida viral, como proteínas que interagem com o sistema imune ou são envolvidas na replicação, usando modelagem molecular para explorar essas funções combinadas.

13. Integração de modelagem molecular com dados experimentais de RMN e cristalografia

- Combinação de técnicas de modelagem molecular com dados experimentais, como aqueles obtidos por RMN e cristalografia de raios-X, para refinar modelos de proteínas virais e melhorar a acurácia das predições estruturais.

Módulo 5: Estrutura Viral e Interações Hospedeiro-Vírus - Docentes Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Análise estrutural de proteínas virais e sua importância funcional

1. Princípios básicos de estrutura proteica viral

- Revisão da organização estrutural das proteínas virais, incluindo estruturas primária, secundária, terciária e quaternária, com ênfase na relação entre estrutura e função.

2. Técnicas experimentais de determinação estrutural

- Exploração de métodos como cristalografia de raios-X, espectroscopia de ressonância magnética nuclear (RMN), e microscopia crioeletrônica (cryo-EM) aplicados à determinação da estrutura tridimensional de proteínas virais.

3. Relação entre estrutura e função em proteínas virais

- Discussão de como a conformação estrutural influencia a função de proteínas virais, com exemplos de proteínas-chave como polimerases, proteases, proteínas de envelope e glicoproteínas.

4. Estruturas de proteínas envolvidas na entrada viral

- Análise estrutural de proteínas de fusão e entrada, como glicoproteínas de envelope e proteínas de cápside, que são essenciais para a ligação ao receptor e fusão com a célula hospedeira.

5. Regiões conservadas e variáveis em proteínas virais

- Identificação de regiões conservadas e variáveis nas proteínas virais, com foco na sua importância para a função viral, evasão imune e a criação de alvos terapêuticos.

6. Papel das proteínas de superfície na evasão do sistema imune

- Estudo das estruturas de proteínas de superfície viral que desempenham um papel na modulação e evasão da resposta imune, como proteínas que mascaram epítomos imunogênicos ou interferem com a resposta do hospedeiro.

7. Impacto das mutações estruturais nas proteínas virais

- Investigação de como mutações nas sequências de proteínas virais podem afetar sua estrutura e função, com implicações na virulência, resistência a antivirais e resposta vacinal.

8. Estudo de complexos proteína-proteína virais

- Análise de interações entre proteínas virais e a formação de complexos supramoleculares durante a montagem viral, com ênfase em como essas interações regulam processos como replicação e montagem do vírus.

9. Estruturas de proteínas envolvidas na replicação viral

- Revisão das estruturas de proteínas virais diretamente envolvidas na replicação, como RNA e DNA polimerases virais, helicases, e proteínas associadas ao genoma.

10. Mapeamento de interações proteína-ligante em alvos virais

- Estudo da interação estrutural entre proteínas virais e ligantes, incluindo pequenos inibidores e anticorpos, com foco na identificação de alvos terapêuticos potenciais.

11. Estruturas de proteínas virais como alvos terapêuticos

- Discussão sobre como a análise estrutural de proteínas virais contribui para o desenvolvimento de novos antivirais, incluindo a identificação de sítios ativos e regiões susceptíveis à inibição.

12. Modelagem estrutural preditiva de proteínas virais

- Aplicação de técnicas de modelagem preditiva, como homologia e dinâmica molecular, para explorar estruturas de proteínas virais ainda não resolvidas experimentalmente e prever suas funções.

13. Estudos de estabilidade estrutural de proteínas virais em diferentes ambientes

- Exploração de como diferentes condições ambientais (pH, temperatura, salinidade) influenciam a estabilidade e função das proteínas virais, e o impacto disso na infectividade e transmissibilidade.

14. Função de proteínas virais multifuncionais

- Estudo de proteínas virais que desempenham múltiplas funções ao longo do ciclo de vida do vírus, como proteínas envolvidas tanto na modulação da resposta imune quanto na replicação.

15. Complexos proteína-ácido nucleico em vírus

- Análise estrutural de proteínas que interagem com o RNA ou DNA viral, como nucleoproteínas e proteínas de cápside, e como essas interações afetam o empacotamento do genoma viral e a replicação.

Interação entre vírus e células hospedeiras

1. Mecanismos de entrada viral nas células hospedeiras

- Estudo dos processos moleculares que permitem a entrada de vírus em células hospedeiras, incluindo ligação a receptores específicos, fusão de membrana, endocitose e translocação de proteínas virais através de membranas celulares.

2. Receptores celulares e tropismo viral

- Identificação de receptores celulares utilizados por diferentes tipos de vírus para infecção, como ACE2 para SARS-CoV-2, e como o reconhecimento desses receptores define o tropismo viral, ou seja, a especificidade de infecção por tecidos e células.

3. Fusão e internalização viral

- Análise dos mecanismos de fusão de membranas em vírus envelopados e não envelopados, explorando a função de proteínas virais que mediam a fusão e a endocitose, como proteínas spike, glicoproteínas e proteínas de cápside.

4. Transporte intracelular de vírus e componentes virais

- Exploração do tráfego intracelular de vírus e seus componentes (genomas virais, proteínas, partículas virais), abordando como os vírus utilizam as vias de transporte celular, como o citoesqueleto e vesículas intracelulares, para alcançar organelas específicas e o núcleo celular.

5. Modulação da maquinaria celular para replicação viral

- Estudo de como os vírus reprogramam a maquinaria da célula hospedeira para favorecer a replicação viral, incluindo o sequestro de ribossomos, a inibição de mecanismos de defesa celular e a modificação de vias de sinalização.

6. Mecanismos de evasão de respostas imunológicas pelo vírus

- Investigação de como os vírus desenvolvem estratégias para evitar a detecção e eliminação pelo sistema imunológico do hospedeiro, como a inibição da resposta interferônica, regulação de proteínas MHC e bloqueio de vias apoptóticas.
- 7. Modificação da expressão gênica do hospedeiro por vírus
 - Estudo dos mecanismos pelos quais os vírus alteram a expressão gênica do hospedeiro para maximizar sua replicação, interferindo em processos celulares críticos como a transcrição, tradução e processamento de RNA.
- 8. Interações proteína-proteína entre vírus e hospedeiro
 - Análise das interações diretas entre proteínas virais e proteínas da célula hospedeira, explorando como essas interações afetam funções celulares como a replicação do DNA/RNA, síntese proteica, e metabolismo.
- 9. Alterações morfológicas induzidas por infecção viral
 - Exploração das mudanças morfológicas nas células hospedeiras induzidas por infecções virais, incluindo a formação de corpos de inclusão, rearranjos de membranas e indução de sincícios, e sua relevância para a patogenicidade viral.
- 10. Mecanismos de montagem e liberação de novos vírus
 - Estudo dos processos pelos quais os vírus montam suas partículas virais nas células hospedeiras, com foco na montagem de proteínas virais, empacotamento do genoma, e liberação de novos vírions por lise celular, brotamento ou exocitose.
- 11. Ciclo de vida de vírus DNA e RNA
 - Revisão detalhada das diferenças nos ciclos de vida de vírus de DNA e RNA, com foco nos mecanismos de replicação, transcrição e montagem de novos vírions em células hospedeiras.
- 12. Mecanismos de latência e persistência viral
 - Investigação dos processos que permitem que certos vírus, como herpesvírus e HIV, entrem em estados de latência ou persistência no hospedeiro, evitando a eliminação e permitindo infecções de longo prazo.
- 13. Implicações da morte celular induzida por vírus
 - Discussão sobre os efeitos de infecções virais na viabilidade celular, explorando mecanismos como apoptose, necrose e piroptose induzidos por vírus, e as consequências para a disseminação viral e a resposta do hospedeiro.
- 14. Impacto da resposta imune celular nas interações vírus-hospedeiro
 - Estudo das respostas imunes celulares, como a ativação de células T citotóxicas e NK, e como essas células identificam e eliminam células infectadas, além das estratégias dos vírus para evitar essa resposta.
- 15. Autofagia e infecções virais
 - Exploração de como a autofagia, um processo de degradação celular, pode ser tanto uma resposta defensiva do hospedeiro quanto manipulada por vírus para favorecer sua replicação.

Estratégias virais de evasão do sistema imunológico

1. Visão geral das respostas imunológicas inata e adaptativa
 - Revisão das principais respostas imunológicas do hospedeiro, incluindo as fases inata e adaptativa, com foco nos mecanismos que os vírus têm de enfrentar para estabelecer infecções.
2. Inibição da resposta interferônica
 - Estudo detalhado de como os vírus suprimem a produção e a sinalização de interferons (IFN), que são cruciais na resposta imunológica inata, impedindo a ativação de genes antivirais no hospedeiro.
3. Alteração de vias de detecção de padrões moleculares associados a patógenos (PAMPs)
 - Exploração das estratégias que os vírus utilizam para evitar a detecção por receptores de reconhecimento de padrões (PRRs), como TLRs, RIG-I, e cGAS-STING, que detectam PAMPs virais e iniciam respostas antivirais.
4. Evasão da apresentação antigênica
 - Discussão sobre como os vírus interferem na apresentação de antígenos pelo MHC classe I e II, através da modulação de moléculas do MHC ou degradação de proteínas associadas, para evitar a ativação de linfócitos T citotóxicos e auxiliares.
5. Subversão das células natural killer (NK)
 - Análise de como certos vírus modulam a expressão de ligantes ativadores ou inibidores de células NK, a fim de evitar sua eliminação por essas células que atuam na defesa imunológica inata.
6. Modulação de citocinas e quimiocinas
 - Investigação de como os vírus manipulam a produção de citocinas e quimiocinas, muitas vezes induzindo a produção de citocinas imunossupressoras ou bloqueando citocinas pró-inflamatórias, para criar um ambiente favorável à replicação viral.
7. Inibição da apoptose celular
 - Estudo das estratégias virais para bloquear a apoptose, um mecanismo de defesa celular que induz a morte da célula infectada, incluindo a regulação de proteínas antiapoptóticas, como Bcl-2, ou inibição de caspases.
8. Escapando da detecção por anticorpos
 - Revisão das formas pelas quais os vírus evitam a neutralização por anticorpos, como a variabilidade antigênica (mutações em epítopos), glicanos de cobertura que mascaram sítios antigênicos, e o uso de compartimentos celulares protegidos.
9. Latência viral e evasão imunológica
 - Discussão sobre como os vírus latentes, como o herpesvírus e o HIV, entram em estados dormentes dentro das células hospedeiras, evitando a detecção pelo sistema imunológico até serem reativados.
10. Variação antigênica e escape imunológico
 - Análise dos mecanismos de variação antigênica, como a deriva genética e a recombinação, que permitem que os vírus, especialmente vírus de RNA como influenza e HIV, escapem da resposta imune adaptativa ao longo do tempo.
11. Imunossupressão induzida por vírus
 - Estudo de como alguns vírus induzem um estado de imunossupressão no hospedeiro, inibindo globalmente a resposta imune, como ocorre em infecções por HIV e certos vírus oncolíticos, que comprometem tanto a imunidade inata quanto adaptativa.
12. Produção de proteínas virais imitadoras (miméticos) de moléculas do hospedeiro
 - Investigação de como os vírus produzem proteínas que imitam moléculas do hospedeiro, como receptores solúveis de citocinas ou quimiocinas, para interferir na sinalização imune e evitar a ativação de respostas antivirais eficazes.
13. Escape da resposta mediada por linfócitos T
 - Exploração de como os vírus evitam a detecção e destruição por linfócitos T citotóxicos e auxiliares, incluindo a supressão de moléculas de MHC, a expressão de proteínas virais que modulam a ativação de TCR, ou o esgotamento de linfócitos T.
14. Formação de compartimentos virais protegidos
 - Estudo sobre como alguns vírus formam "compartimentos protegidos" dentro da célula hospedeira, como replicossomos e corpos de inclusão, que servem como ambientes seguros para a replicação viral, escondendo os componentes virais da detecção imune.

15. Efeitos da imunossenescência nas estratégias virais de evasão

- Investigação de como o envelhecimento do sistema imunológico (imunossenescência) afeta a eficácia das estratégias de evasão viral, e como alguns vírus são mais prevalentes em indivíduos com sistemas imunológicos enfraquecidos.

16. Vírus e autoimunidade: evasão ou exacerbação?

- Discussão sobre como certos vírus podem desencadear ou suprimir respostas autoimunes, explorando a relação entre infecções virais e o desenvolvimento de doenças autoimunes como resultado de mimetismo molecular.

17. Impacto da glicobiologia viral na evasão imunológica

- Estudo do papel dos glicanos nas proteínas virais e sua função na evasão do reconhecimento imunológico, explorando como as modificações pós-traducionais nas proteínas de superfície viral contribuem para evitar a neutralização por anticorpos.

18. Infecção de células imunológicas como estratégia de evasão

- Análise de como certos vírus, como o HIV, o EBV e o citomegalovírus, infectam diretamente células do sistema imune (linfócitos, macrófagos), usando essas células como reservatórios para escapar da resposta imune e se replicar de forma eficaz.

Desenvolvimento de terapias direcionadas à estrutura viral

1. Identificação de alvos terapêuticos nas proteínas virais

- Exploração dos componentes estruturais de vírus, como proteínas de superfície e proteínas de replicação, que servem como alvos principais para o desenvolvimento de antivirais e vacinas.

2. Inibição de proteínas essenciais para a entrada viral

- Estudo de terapias que visam bloquear proteínas envolvidas na entrada do vírus na célula hospedeira, como o bloqueio de glicoproteínas de envelope (ex.: proteína spike do SARS-CoV-2) ou receptores de superfície celular.

3. Inibidores de proteases virais

- Revisão do desenvolvimento de inibidores de proteases virais, que são fundamentais para o processamento de poliproteínas virais, com exemplos como os inibidores usados em terapias para HIV e hepatite C.

4. Terapias baseadas em inibição da replicação viral

- Estudo de inibidores da replicação viral, como agentes que interferem com a RNA ou DNA polimerase viral, bloqueando a capacidade do vírus de replicar seu material genético.

5. Estratégias antivirais contra proteínas de montagem e liberação de vírus

- Discussão sobre o desenvolvimento de compostos que bloqueiam as etapas finais da montagem e liberação de partículas virais, impedindo a disseminação do vírus para novas células.

6. Inibição de proteínas virais envolvidas na evitação do sistema imunológico

- Revisão de estratégias terapêuticas que inibem proteínas virais que modulam ou suprimem a resposta imunológica, restaurando a capacidade do sistema imunológico de combater a infecção.

7. Desenvolvimento de anticorpos monoclonais direcionados a epítopos virais

- Estudo sobre o desenvolvimento de anticorpos monoclonais que visam epítopos específicos nas proteínas virais de superfície, como os utilizados no tratamento de COVID-19 e ebola.

8. Antivirais de amplo espectro direcionados à estrutura viral

- Análise de antivirais de amplo espectro que podem atuar contra múltiplos vírus, através do direcionamento de estruturas virais comuns, como a inibição de proteínas de fusão ou polimerases virais conservadas entre diferentes famílias virais.

9. Terapias direcionadas a complexos proteicos virais

- Exploração de estratégias terapêuticas que atuam contra complexos proteicos virais, como os complexos de replicação, montagem e processamento de proteínas, fundamentais para a biologia viral.

10. Interferência em processos de dobramento e montagem de proteínas virais

- Investigação de terapias que interferem no dobramento correto e na montagem das proteínas virais, como o uso de chaperones moleculares ou pequenas moléculas que induzem o enovelamento incorreto.

11. Evolução de resistência viral a terapias direcionadas

- Discussão sobre os mecanismos de evolução de resistência viral a medicamentos, como mutações em proteínas virais que alteram o sítio de ligação dos antivirais, e como contornar esses desafios no desenvolvimento de novos tratamentos.

12. Desenho racional de antivirais baseados na estrutura viral

- Estudo sobre o uso de técnicas de modelagem estrutural, como cristalografia de raios-X e criomicroscopia eletrônica, para desenhar novos antivirais que se ligam especificamente a estruturas virais, como enzimas ou proteínas de capsídeo.

13. Uso de plataformas de edição de genes (CRISPR/Cas) para direcionar genomas virais

- Investigação do potencial uso da tecnologia CRISPR/Cas para desativar ou modificar diretamente o genoma viral, bloqueando a replicação viral ou destruindo seu material genético.

14. Vacinas baseadas em proteínas estruturais virais

- Discussão sobre o desenvolvimento de vacinas que utilizam proteínas virais estruturais (ex.: capsídeo, envelope) como antígenos, incluindo tecnologias como vacinas de subunidade proteica e vacinas de RNA mensageiro.

15. Nanotecnologia no desenvolvimento de terapias antivirais

- Estudo das abordagens baseadas em nanotecnologia para desenvolver novas formas de administração de antivirais direcionados à estrutura viral, incluindo nanopartículas que entregam inibidores diretamente aos alvos virais.

16. Peptídeos inibidores de fusão viral

- Revisão de terapias baseadas em peptídeos que imitam regiões de fusão de proteínas virais, bloqueando a fusão do envelope viral com a membrana da célula hospedeira, como visto em terapias contra HIV.

17. Imunoterapia baseada na estrutura viral

- Análise do uso de imunoterapias baseadas na modulação da resposta imune direcionada a proteínas estruturais virais, incluindo o uso de vacinas terapêuticas que estimulam uma resposta imune robusta contra componentes virais.

18. Biologia estrutural aplicada ao desenvolvimento de terapias antivirais

- Exploração das técnicas avançadas de biologia estrutural para entender a conformação tridimensional das proteínas virais, o que possibilita o desenvolvimento de terapias que interferem diretamente na função dessas proteínas.

19. Terapias combinadas que visam diferentes componentes estruturais virais

- Discussão sobre a eficácia de terapias combinadas que direcionam múltiplas etapas do ciclo de vida do vírus ou diferentes estruturas virais ao mesmo tempo, reduzindo a probabilidade de resistência viral.

20. Estudo da estabilidade estrutural de vírus como alvo terapêutico

- Investigação de terapias que desestabilizam a estrutura do capsídeo viral ou do envelope, levando à inativação do vírus, explorando exemplos de compostos que induzem a ruptura do capsídeo.

Módulo 6: Modelagem Molecular e Estrutural - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Introdução à modelagem molecular de proteínas

1. Princípios básicos da modelagem molecular

- Introdução aos conceitos fundamentais de modelagem molecular, como representação de proteínas, ligações covalentes e interações não covalentes, com foco em proteínas virais.

2. Tipos de modelos moleculares: ab initio, homologia e threading

- Explicação sobre diferentes abordagens de modelagem molecular, incluindo métodos ab initio (de novo), modelagem por homologia e threading, e como essas técnicas são aplicadas a proteínas virais.

3. Banco de dados de estruturas proteicas virais

- Exploração de bancos de dados como o Protein Data Bank (PDB) e o ViralZone para obtenção de estruturas tridimensionais de proteínas virais já resolvidas, e como essas informações servem de base para modelagem molecular.

4. Ferramentas de modelagem molecular aplicadas à virologia

- Introdução a softwares e ferramentas de modelagem molecular amplamente usados para proteínas virais, como Modeller, Rosetta, e AlphaFold, com foco na construção de modelos tridimensionais de proteínas virais.

5. Análise de qualidade de modelos de proteínas virais

- Estudo de métodos para avaliar a qualidade de modelos de proteínas gerados, como Ramachandran plots, fatores de desvio (RMSD), e análise de energia molecular, para garantir a precisão do modelo.

6. Simulação de dinâmica molecular para proteínas virais

- Introdução ao uso de simulação de dinâmica molecular (MD) para estudar a movimentação e flexibilidade das proteínas virais ao longo do tempo, utilizando ferramentas como GROMACS e AMBER.

7. Preparação de estruturas virais para estudos de interação proteína-ligante

- Processos de preparação de modelos de proteínas virais para estudos de docking molecular, como a limpeza de estruturas, adição de hidrogênios, e minimização de energia.

8. Estudos de docking molecular para proteínas virais

- Revisão de técnicas de docking molecular para investigar interações entre proteínas virais e ligantes, fármacos ou outras moléculas, explorando programas como AutoDock e Vina.

9. Modelagem de interações proteína-proteína em vírus

- Investigação das interações entre proteínas virais e entre proteínas virais e hospedeiras, utilizando modelagem de complexos macromoleculares e estudos de docking proteína-proteína.

10. Modelagem de proteínas de membrana viral

- Abordagem da modelagem molecular específica para proteínas de membrana virais, como glicoproteínas de envelope, e os desafios e técnicas específicas para a modelagem de proteínas embebidas em membranas.

11. Modelagem de mutações virais e suas implicações estruturais

- Estudo do impacto de mutações nas proteínas virais sobre sua estrutura tridimensional e função, e como modelagem molecular pode prever alterações conformacionais decorrentes de mutações.

12. Modelagem de proteínas virais com regiões não estruturadas

- Discussão sobre a modelagem de proteínas virais que contêm regiões não estruturadas ou desordenadas, e o uso de técnicas especiais para abordar essas partes flexíveis da proteína.

13. Modelagem de conformações alternativas de proteínas virais

- Exploração de como as proteínas virais podem adotar múltiplas conformações, e como técnicas de modelagem molecular podem ser usadas para estudar transições conformacionais entre estados ativos e inativos.

14. Integração de dados experimentais com modelagem molecular

- Uso de dados experimentais, como cristalografia de raios-X, espectroscopia de RMN e criomicroscopia eletrônica, para guiar e validar modelos moleculares de proteínas virais.

15. Modelagem de complexos multimericos virais

- Estudo da modelagem de complexos proteicos multimericos em vírus, como capsídeos virais ou nucleoproteínas, e as abordagens necessárias para modelar corretamente essas grandes estruturas.

16. Modelagem de proteínas virais em interação com ácidos nucleicos

- Análise de proteínas virais que interagem com DNA ou RNA, como as proteínas da replicação viral, e as técnicas de modelagem molecular aplicadas para estudar essas interações.

17. Uso de supercomputadores e clusters para modelagem viral

- Introdução ao uso de recursos computacionais avançados, como supercomputadores e clusters de computação, para modelar proteínas virais em grandes escalas ou para realizar simulações de longa duração.

18. Casos de estudo de modelagem molecular aplicada a vírus

- Discussão de casos de estudo de modelagem molecular aplicada a proteínas virais de relevância, como a modelagem da proteína spike do SARS-CoV-2 e da protease do HIV.

19. Modelagem molecular em estudos de evolução estrutural viral

- Uso de modelagem molecular para estudar como as proteínas virais evoluem em diferentes variantes, e como essas mudanças estruturais podem influenciar a infectividade e resistência a tratamentos.

20. Perspectivas futuras na modelagem molecular de proteínas virais

- Discussão sobre os avanços recentes e as futuras aplicações da modelagem molecular para estudar a estrutura e função de proteínas virais, incluindo o impacto de inteligência artificial e aprendizado de máquina na predição estrutural.

Simulação de dinâmica molecular de interações proteína-proteína

1. Fundamentos da dinâmica molecular (MD) em interações proteína-proteína

- Introdução aos princípios básicos da simulação de dinâmica molecular aplicada a complexos proteína-proteína, com ênfase nas interações entre proteínas virais e hospedeiras.

2. Potenciais de força em simulações de dinâmica molecular

- Estudo dos campos de força usados em MD, como AMBER, CHARMM e OPLS, e sua aplicação para descrever as interações proteína-proteína em sistemas virais.

3. Preparação de sistemas proteína-proteína para simulação

- Passos detalhados para a preparação de complexos proteína-proteína virais, incluindo solvatação, adição de íons, e minimização de energia, garantindo que o sistema esteja pronto para a simulação.

4. Equilíbrio e fases da simulação de dinâmica molecular

- Explicação das fases de equilíbrio e produção nas simulações de dinâmica molecular, e como monitorar a estabilidade do complexo proteína-proteína durante a simulação.

5. Estudo de complexos proteína-proteína virais em diferentes condições ambientais

- Análise de como fatores como temperatura, pH, e concentração de íons podem afetar a estabilidade das interações proteína-proteína em vírus durante simulações de MD.

6. Exploração de trajetórias em dinâmica molecular

- Ferramentas e técnicas para analisar as trajetórias de simulações MD de complexos proteína-proteína virais, com foco em calcular propriedades como distâncias intermoleculares, ângulos e flutuações.

7. Análise de estabilidade de complexos proteína-proteína virais

- Métodos para avaliar a estabilidade de interações proteína-proteína ao longo do tempo, como a análise de deslocamento quadrático médio (RMSD), raio de giro, e flutuações de raiz média quadrática (RMSF).

8. Energia de ligação e afinidade em interações proteína-proteína virais

- Cálculo da energia de interação entre proteínas virais e suas contrapartes hospedeiras utilizando métodos como MM-PBSA (Molecular Mechanics Poisson-Boltzmann Surface Area) ou MM-GBSA.

9. Identificação de hotspots em interações proteína-proteína virais

- Técnicas de análise estrutural para identificar hotspots de ligação e áreas críticas nas interfaces proteína-proteína que são chave para a estabilidade do complexo, com potencial para intervenções terapêuticas.

10. Simulação de mutações nas interfaces proteína-proteína

- Investigação do impacto de mutações em proteínas virais e como essas alterações afetam a interação com proteínas hospedeiras durante simulações de dinâmica molecular.

11. Simulações de interações entre múltiplos domínios proteicos virais

- Estudo de como domínios diferentes dentro de uma proteína viral interagem entre si e com proteínas hospedeiras, usando dinâmica molecular para explorar essas interações complexas.

12. Simulação de interações proteína-proteína em sistemas de membrana

- Aplicação da dinâmica molecular para estudar interações proteína-proteína de proteínas virais que estão ancoradas ou embebidas em membranas lipídicas, como glicoproteínas virais de envelope.

13. Duração da simulação e análise de eventos conformacionais lentos

- Discussão sobre a importância de simulações de longa duração para capturar eventos conformacionais importantes nas interações proteína-proteína em vírus, e métodos para acelerar simulações.

14. Alosteria e efeitos de longo alcance nas interações proteína-proteína virais

- Exploração de como alterações em uma região da proteína viral podem afetar a interface de interação com outra proteína, e como simulações podem revelar efeitos alostéricos em complexos virais.

15. Simulação de dissociação de complexos proteína-proteína virais

- Métodos para simular a dissociação de complexos proteína-proteína virais e compreender os fatores que promovem a separação ou destabilização do complexo durante a infecção viral.

16. Exploração de diferentes estados conformacionais em complexos virais

- Uso de simulação de dinâmica molecular para estudar os múltiplos estados conformacionais adotados por proteínas virais durante interações proteína-proteína, investigando transições entre estados ativos e inativos.

17. Dinâmica de interação entre proteínas virais e hospedeiras em superfícies virais

- Estudo das interações de proteínas virais expostas na superfície do virion com receptores celulares, utilizando simulação de dinâmica molecular para entender como essas interações afetam a entrada viral.
- 18. Uso de técnicas de análise de trajetória como PCA (análise de componentes principais)
 - Aplicação de métodos de redução de dimensionalidade, como PCA, para identificar os modos principais de movimento em simulações de interações proteína-proteína, especialmente em complexos virais.
- 19. Integração de simulações de dinâmica molecular com dados experimentais
 - Discussão sobre como combinar dados de técnicas experimentais, como cristalografia e criomicroscopia, com simulações de dinâmica molecular para validar e melhorar modelos de interações proteína-proteína virais.
- 20. Estudos de caso em simulação de interações proteína-proteína virais
 - Análise de estudos de caso relevantes, como simulações da interação entre a proteína spike do SARS-CoV-2 e o receptor ACE2, ou de proteínas de capsídeo de outros vírus com componentes celulares.
- 21. Simulação de complexos multimericos virais
 - Exploração das interações entre múltiplas subunidades proteicas virais, como em capsídeos virais ou nucleoproteínas, utilizando simulação de dinâmica molecular para compreender o assembly e a estabilidade desses complexos.
- 22. Simulação de inibidores de interações proteína-proteína em vírus
 - Uso de simulação de dinâmica molecular para estudar como pequenas moléculas ou anticorpos podem inibir as interações proteína-proteína em vírus, com potencial para o desenvolvimento de antivirais.
- 23. Análise de interfaces proteína-proteína virais com inteligência artificial
 - Exploração do uso de inteligência artificial e machine learning para prever e analisar interfaces proteína-proteína virais em simulações de dinâmica molecular.
- 24. Simulação de dinâmica molecular em estados de pré-fusão e pós-fusão de proteínas virais
 - Estudo dos estados conformacionais de proteínas virais antes e após a fusão com a célula hospedeira, utilizando dinâmica molecular para entender o processo de entrada viral.
- 25. Futuro da dinâmica molecular aplicada a interações proteína-proteína virais
 - Discussão sobre as novas tendências e tecnologias emergentes na simulação de dinâmica molecular, como técnicas de aceleração de simulações, que prometem avanços no estudo de interações proteína-proteína em vírus.

Docking molecular para identificar potenciais alvos terapêuticos

1. Princípios básicos de docking molecular
 - Introdução aos conceitos fundamentais de docking molecular, incluindo definições, tipos de docking (rígido e flexível) e a importância dessa técnica na descoberta de fármacos.
2. Preparação de ligantes e alvos para docking
 - Discussão sobre as etapas necessárias para preparar ligantes e alvos (proteínas) para simulações de docking, incluindo a otimização de estruturas e a definição de formatos de arquivo apropriados.
3. Escolha do programa de docking
 - Comparação de diferentes softwares de docking molecular (como AutoDock, Vina, Glide) e suas características, vantagens e desvantagens na identificação de potenciais alvos terapêuticos.
4. Avaliação da qualidade do docking
 - Métodos para validar e avaliar a precisão dos resultados de docking, incluindo a análise de scores de afinidade, interações não covalentes e a comparação com dados experimentais.
5. Interações moleculares em docking
 - Estudo das interações intermoleculares relevantes (ligações de hidrogênio, interações hidrofóbicas, interações iônicas) que podem influenciar a afinidade de ligação entre ligantes e alvos.
6. Docking em complexos proteína-ligante
 - Análise das abordagens de docking que consideram complexos já formados entre proteínas e ligantes, explorando a dinâmica das interações e a importância da estrutura tridimensional.
7. Docking molecular com base em informações estruturais
 - Exploração do uso de dados estruturais obtidos por cristalografia de raios-X, RMN e criomicroscopia eletrônica na realização de docking molecular.
8. Integração de docking com simulações de dinâmica molecular
 - Discussão sobre como acoplar resultados de docking molecular com simulações de dinâmica molecular para obter uma visão mais completa das interações ligante-alvo.
9. Identificação de inibidores de proteínas virais via docking
 - Estudo de casos práticos onde o docking molecular foi utilizado para identificar inibidores de proteínas virais, como proteases ou polimerases.
10. Predição de interações off-target em docking
 - Métodos para prever potenciais interações off-target durante o processo de docking, e como isso pode impactar a eficácia e a segurança de novos compostos terapêuticos.
11. Docking de ligantes em alvos farmacológicos multidimensionais
 - Investigação do uso de docking molecular para abordar alvos que apresentam múltiplas conformações ou estados de ligação, e como isso influencia a descoberta de fármacos.
12. Desenvolvimento de bibliotecas de ligantes para docking
 - Estratégias para a criação e utilização de bibliotecas de ligantes para o docking molecular, incluindo a busca de compostos naturais e sintéticos.
13. Aplicações de docking molecular na triagem virtual
 - Discussão sobre como o docking molecular é utilizado na triagem virtual de grandes bibliotecas de compostos para a identificação de potenciais candidatos a fármacos.
14. Análise e visualização de resultados de docking
 - Ferramentas e técnicas para analisar e visualizar os resultados de docking, incluindo softwares de visualização molecular que ajudam a interpretar as interações.
15. Utilização de docking em projetos de redescoberta de fármacos
 - Estudo de como o docking molecular pode ser empregado em abordagens de redescoberta de fármacos já aprovados para novas indicações terapêuticas.
16. Impacto da farmacoforia em docking molecular
 - Discussão sobre o conceito de farmacoforia e como ele é integrado nas análises de docking molecular para identificar interações funcionais entre ligantes e alvos.
17. Desafios e limitações do docking molecular
 - Análise das principais dificuldades e limitações associadas ao uso de docking molecular na identificação de alvos terapêuticos, incluindo questões de precisão e predição.
18. Perspectivas futuras em docking molecular

- Exploração das novas tendências e tecnologias emergentes no campo do docking molecular, como inteligência artificial e aprendizado de máquina, e seu potencial para revolucionar a descoberta de fármacos.
19. Estudos de caso de sucesso em docking molecular
 - Análise de estudos de caso que demonstraram o sucesso do uso de docking molecular na descoberta de novos medicamentos ou na repurposing de fármacos.
 20. Integração de docking molecular com biologia estrutural
 - Discussão sobre a importância de combinar docking molecular com técnicas de biologia estrutural para obter insights mais profundos sobre a interação ligante-alvo.

Módulo 7: Desenvolvimento de Vacinas e Terapias Antivirais - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Estratégias de vacinação contra vírus

1. Princípios da Imunização
 - Introdução aos conceitos de imunização ativa e passiva, e a importância da vacinação na proteção contra infecções virais.
2. Tipos de Vacinas Virais
 - Análise dos diferentes tipos de vacinas virais, incluindo vacinas atenuadas, inativadas, subunitárias, recombinantes e de RNA mensageiro, e suas aplicações clínicas.
3. Mecanismos de Ação das Vacinas
 - Discussão sobre como as vacinas induzem a resposta imune, incluindo a ativação de células T e B, produção de anticorpos e memória imunológica.
4. Desenvolvimento de Vacinas de RNA Mensageiro
 - Exploração das vacinas de RNA mensageiro, sua tecnologia de produção, mecanismos de ação e exemplos de vacinas em uso (como as de COVID-19).
5. Vacinas Vetoriais
 - Estudo das vacinas baseadas em vetores virais, incluindo a engenharia de vírus inofensivos para transportar antígenos virais e os desafios associados a essa abordagem.
6. Vacinas de Subunidades e Peptídicas
 - Análise do desenvolvimento de vacinas que utilizam fragmentos de vírus (proteínas ou peptídeos) para estimular a resposta imune, e suas vantagens e desvantagens.
7. Estratégias de Vacinação em Populações Específicas
 - Discussão sobre abordagens de vacinação direcionadas a populações vulneráveis, como crianças, idosos e imunocomprometidos.
8. Vacinação em Resposta a Epidemias
 - Estudo de como as estratégias de vacinação são implementadas durante surtos de doenças virais, incluindo vacinação em massa e imunização em anel.
9. Desenvolvimento de Vacinas Combinadas
 - Análise das vacinas combinadas que protegem contra múltiplos vírus e a importância dessa estratégia na saúde pública.
10. Avaliação da Eficácia e Segurança das Vacinas
 - Discussão sobre os métodos utilizados para avaliar a eficácia e segurança das vacinas em ensaios clínicos, incluindo fases de testes clínicos.
11. Desafios na Aceitação da Vacinação
 - Estudo dos fatores que influenciam a aceitação da vacinação, incluindo hesitação vacinal e a importância da educação em saúde.
12. Uso de Adjuvantes em Vacinas
 - Análise do papel dos adjuvantes em vacinas virais, como eles melhoram a resposta imune e exemplos de adjuvantes utilizados em vacinas aprovadas.
13. Vacinas Personalizadas e Medicina de Precisão
 - Exploração do desenvolvimento de vacinas personalizadas que consideram a genética individual e a resposta imunológica para otimizar a proteção.
14. Tendências Futuras em Vacinação
 - Discussão sobre as inovações e tendências emergentes no campo das vacinas, incluindo vacinas intranasais, nanovacinas e vacinas sintéticas.
15. Monitoramento da Imunidade Pós-Vacinação
 - Estudo das abordagens para monitorar a resposta imunológica após a vacinação, incluindo a medição de anticorpos e células de memória.
16. Imunização de Rebanho e Impacto na Saúde Pública
 - Análise do conceito de imunidade de rebanho, sua importância na erradicação de doenças virais e os desafios para alcançá-la.
17. Estratégias de Vacinação em Contextos de Baixa Recursos
 - Discussão sobre como implementar estratégias de vacinação eficazes em países em desenvolvimento e regiões de recursos limitados.
18. Imunização e Controle de Doenças Virais Emergentes
 - Exploração de como as vacinas podem ser utilizadas no controle de doenças virais emergentes e a necessidade de vigilância constante.
19. Vacinas para Doenças Virais Zoonóticas
 - Estudo das estratégias de vacinação para vírus zoonóticos e a importância da vacinação em animais como forma de proteção para a saúde pública.
20. Interação entre Vacinação e Terapias Antivirais
 - Análise de como a vacinação e as terapias antivirais podem ser integradas no tratamento e controle de infecções virais.

Desafios e perspectivas futuras no desenvolvimento de vacinas e terapias antivirais

1. Desafios na Estrutura e Estabilidade de Antígenos Virais
 - Discussão sobre as dificuldades em preservar a estrutura nativa dos antígenos virais durante o desenvolvimento de vacinas e como isso impacta a eficácia.
2. Interações Estruturais entre Anticorpos e Antígenos Virais
 - Análise das interações entre anticorpos e suas estruturas-alvo virais, incluindo o papel das técnicas de cristalografia e espectroscopia na compreensão dessas interações.
3. Biologia Estrutural de Vírus Emergentes
 - Estudo das estruturas de vírus emergentes e como o conhecimento da biologia estrutural pode informar o desenvolvimento de vacinas e terapias antivirais.
4. Design de Vacinas Baseadas em Estruturas de Proteínas Virais
 - Exploração do uso de estruturas tridimensionais de proteínas virais para o design racional de vacinas, abordando a importância da modelagem molecular.
5. Vacinas e Terapias Baseadas em Epítomos
 - Análise do mapeamento estrutural de epítomos virais para o desenvolvimento de vacinas e terapias que visam especificamente essas regiões.
6. Efeito das Mutações Estruturais na Eficácia das Vacinas
 - Discussão sobre como mutações em proteínas virais afetam a estrutura e a função, impactando a eficácia das vacinas e terapias antivirais.
7. Desenvolvimento de Inibidores Baseados em Estruturas Virais
 - Estudo de como a biologia estrutural pode facilitar o design de inibidores que bloqueiam interações virais com células hospedeiras.
8. Vacinas Personalizadas e Estruturas Moleculares

- Exploração do potencial das vacinas personalizadas que consideram a estrutura genética e imunológica do indivíduo para otimizar a resposta vacinal.
- 9. Impacto das Técnicas de Visualização Estrutural
 - Análise das técnicas de visualização, como CRYO-EM e cristalografia de raios X, na compreensão da estrutura viral e suas implicações no desenvolvimento de vacinas.
- 10. Estratégias de Design de Vacinas em Resposta a Variantes
 - Discussão sobre como a biologia estrutural pode ser utilizada para adaptar vacinas existentes para responder a variantes virais emergentes.
- 11. Uso de Nanotecnologia no Desenvolvimento de Vacinas
 - Análise do uso de nanopartículas e estruturas em escala nanométrica no desenvolvimento de vacinas que melhoram a entrega e a resposta imunológica.
- 12. Integração de Abordagens Estruturais no Desenvolvimento de Terapias
 - Estudo de como a biologia estrutural pode ser integrada nas estratégias de desenvolvimento de terapias antivirais para melhorar a eficácia e reduzir efeitos colaterais.
- 13. Perspectivas Futuras em Biologia Estrutural e Vacinas
 - Discussão sobre o futuro da biologia estrutural no desenvolvimento de vacinas, incluindo avanços em tecnologias e métodos de design.
- 14. Desenvolvimento de Vacinas de Próxima Geração
 - Análise das inovações em vacinas baseadas em biologia estrutural, como vacinas de proteínas recombinantes e de RNA, e suas implicações para a imunização.
- 15. Desafios na Validação Estrutural de Vacinas
 - Exploração dos desafios na validação da estrutura de vacinas e como isso afeta a confiança pública e a aceitação das vacinas.

Módulo 8: Aplicações Práticas e Estudos de Caso - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Estudos de caso em surtos virais recentes e pandemias

1. Análise do Surto de COVID-19
 - Estudo detalhado sobre a evolução da pandemia de COVID-19, incluindo a resposta global, intervenções de saúde pública e impacto socioeconômico.
2. Epidemia de Ebola: Lições Aprendidas
 - Análise do surto de Ebola na África Ocidental, abordando a resposta internacional, desafios de contenção e as lições aprendidas para futuras epidemias.
3. Surto de Zika: Impactos e Respostas
 - Discussão sobre o surto de Zika em 2015-2016, focando nos efeitos na saúde pública, pesquisas de vacinas e implicações para a saúde materno-infantil.
4. Pandemia de Gripe H1N1 (2009)
 - Estudo sobre a pandemia de H1N1, incluindo a resposta de saúde pública, estratégias de vacinação e impacto na saúde global.
5. Surtos de Vírus Nipah
 - Análise de surtos de vírus Nipah em diferentes países, discutindo a transmissão zoonótica, medidas de controle e impacto nas comunidades.
6. Desafios no Controle do Vírus do Nilo Ocidental
 - Estudo de casos em áreas afetadas pelo vírus do Nilo Ocidental, abordando estratégias de vigilância, controle de vetores e resposta de saúde pública.
7. Surto de Dengue e Respostas de Saúde Pública
 - Análise de surtos de dengue em várias regiões, focando em estratégias de prevenção, controle de mosquitos e conscientização comunitária.
8. Impacto das Variantes do SARS-CoV-2
 - Estudo sobre as variantes do coronavírus, suas características, impacto na transmissibilidade e eficácia das vacinas, e resposta das políticas de saúde.
9. Epidemia de Lassa: Um Estudo de Caso
 - Análise do surto de febre de Lassa na África Ocidental, abordando a epidemiologia, intervenções de controle e o papel da comunidade.
10. Surto de Hepatite A e Resposta Sanitária
 - Estudo de casos de surtos de hepatite A, incluindo investigação epidemiológica, medidas de vacinação e desafios na prevenção.
11. Avaliação de Respostas a Epidemias de SARS e MERS
 - Análise das respostas a epidemias de SARS e MERS, discutindo as lições aprendidas e a importância da preparação para pandemias futuras.
12. Surto de Vírus Marburg: Epidemiologia e Resposta
 - Estudo sobre o surto de vírus Marburg, incluindo a transmissão, a resposta de saúde pública e as estratégias de contenção.
13. Impacto do Surto de Hantavírus em Comunidades
 - Análise de surtos de hantavírus em áreas rurais, focando nas estratégias de prevenção e conscientização comunitária.
14. Resiliência Comunitária em Respostas a Epidemias
 - Estudo de como as comunidades se mobilizam e se adaptam durante surtos virais, incluindo o papel da educação e da comunicação de risco.
15. A Importância da Vigilância Epidemiológica em Surtos
 - Discussão sobre o papel da vigilância epidemiológica na detecção precoce de surtos virais e sua contribuição para a resposta de saúde pública.
16. Inovações Tecnológicas em Respostas a Pandemias
 - Análise de como a tecnologia, como sequenciamento genômico e aplicativos de rastreamento, tem sido utilizada em surtos recentes.
17. Colaboração Internacional em Surtos Virais
 - Estudo de casos em que a colaboração internacional foi crucial na resposta a surtos, abordando organizações como a OMS e outras agências.
18. Análise de Casos de Resistência a Tratamentos Antivirais
 - Discussão sobre surtos de resistência a antivirais, incluindo os desafios no tratamento e a necessidade de novas abordagens.
19. Compreensão da Psicologia Pública Durante Epidemias
 - Estudo sobre como o comportamento humano e a psicologia da população influenciam a resposta a surtos virais e as estratégias de comunicação.
20. Impacto Econômico e Social de Pandemias
 - Análise dos efeitos econômicos e sociais de surtos virais, discutindo a importância de uma abordagem holística na resposta a epidemias.

Módulo 9: Imunoinformática e Predição de Epítomos - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto

Introdução à imunoinformática e sua aplicação em virologia

1. Definição e História da Imunoinformática
 - Exploração do conceito de imunoinformática, sua evolução ao longo do tempo e a importância crescente na pesquisa biomédica, especialmente em virologia.
2. Fundamentos da Resposta Imune

- Revisão dos componentes principais do sistema imunológico, incluindo células T, células B e a produção de anticorpos, e como esses elementos são relevantes para a imunoinformática.

3. Bioinformática vs. Imunoinformática

- Distinção entre bioinformática e imunoinformática, incluindo as ferramentas e métodos específicos usados na análise de dados imunológicos.

4. Predição de Epítomos

- Introdução às metodologias e algoritmos utilizados para prever epítomos virais, incluindo epítomos T e epítomos B, e sua importância para a vacinação e desenvolvimento de terapias.

5. Ferramentas de Imunoinformática

- Apresentação das principais ferramentas e softwares disponíveis para análises imunoinformáticas, como IEDB, NetMHC e outros recursos para prever epítomos.

6. Análise de Dados de Sequenciamento

- Discussão sobre a integração de dados de sequenciamento genômico na imunoinformática e como esses dados ajudam a identificar novos epítomos e variantes virais.

7. Modelagem Estrutural de Epítomos

- Exploração da modelagem tridimensional de epítomos e sua interação com moléculas do sistema imunológico, como receptores de células T e anticorpos.

8. Imunoinformática em Vacinas

- Análise de como a imunoinformática é aplicada no design de vacinas, incluindo a identificação de epítomos promissores para desenvolvimento de vacinas contra vírus.

9. Estudos de Caso em Imunoinformática

- Apresentação de estudos de caso onde a imunoinformática foi utilizada para entender a resposta imunológica a surtos virais específicos, como HIV, influenza e SARS-CoV-2.

10. Imunoinformática e Variabilidade Viral

- Discussão sobre como a variabilidade genética dos vírus pode afetar a predição de epítomos e a eficácia das vacinas.

11. Imunogenicidade e Tolerância

- Estudo da relação entre imunogenicidade e tolerância, e como a imunoinformática pode ajudar a prever reações imunes adversas.

12. Desenvolvimento de Terapias Baseadas em Epítomos

- Análise das abordagens para desenvolver terapias antivirais baseadas em epítomos, incluindo vacinas terapêuticas e terapia de células T.

13. Imunoinformática em Diagnóstico Viral

- Discussão sobre o uso da imunoinformática na identificação de biomarcadores para diagnóstico e prognóstico de infecções virais.

14. Ética e Imunoinformática

- Reflexão sobre as implicações éticas do uso de dados imunológicos e genéticos em pesquisas, incluindo questões de privacidade e consentimento.

15. Perspectivas Futuras na Imunoinformática

- Discussão sobre as tendências emergentes na imunoinformática e como elas podem impactar a virologia e o desenvolvimento de novas terapias e vacinas.

Estratégias de design de vacinas baseadas na predição de epítomos

1. Princípios Fundamentais do Design de Vacinas

- Revisão dos conceitos básicos no desenvolvimento de vacinas, incluindo os tipos de vacinas (inativadas, atenuadas, subunidades, mRNA) e os princípios de imunogenicidade.

2. Predição de Epítomos: Métodos e Ferramentas

- Introdução às técnicas e ferramentas utilizadas para prever epítomos, incluindo algoritmos de predição, bancos de dados como IEDB e NetMHC, e suas aplicações.

3. Epítomos T e Epítomos B

- Discussão sobre as diferenças entre epítomos que estimulam a resposta das células T e aqueles que ativam as células B, e como essas diferenças afetam o design de vacinas.

4. Incorporando Variabilidade Viral na Predição de Epítomos

- Análise de como a variabilidade genética de vírus influencia a seleção de epítomos e a necessidade de abordagens adaptativas no design de vacinas.

5. Estratégias de Combinatorial Design de Epítomos

- Exploração de abordagens combinatórias para selecionar múltiplos epítomos em uma única vacina, visando uma resposta imune mais robusta e abrangente.

6. Vacinas Personalizadas Baseadas em Predição de Epítomos

- Discussão sobre a viabilidade de desenvolver vacinas personalizadas usando predições de epítomos específicas para subgrupos populacionais ou indivíduos.

7. Avaliação da Imunogenicidade de Epítomos Previstos

- Métodos para avaliar a imunogenicidade dos epítomos identificados, incluindo estudos in vitro e modelos animais.

8. Modelagem Estrutural de Epítomos e Anticorpos

- Exploração da modelagem molecular para prever a interação entre epítomos virais e anticorpos, e sua importância no design de vacinas eficazes.

9. Vacinas de Subunidades e Epítomos

- Análise do uso de vacinas de subunidades baseadas em epítomos virais específicos e os desafios associados ao seu desenvolvimento.

10. Impacto da Adjuvantação na Resposta Vacinal

- Discussão sobre como adjuvantes podem ser utilizados em conjunto com vacinas baseadas em epítomos para aumentar a eficácia imunológica.

11. Imunização de Rebanho e Design de Vacinas

- Considerações sobre como a predição de epítomos pode influenciar o design de vacinas para alcançar a imunidade de rebanho.

12. Estudos de Caso em Vacinas Baseadas em Epítomos

- Apresentação de estudos de caso sobre vacinas que foram desenvolvidas com base na predição de epítomos, incluindo resultados e lições aprendidas.

13. Desafios e Limitações na Predição de Epítomos

- Análise das limitações das abordagens de predição de epítomos, incluindo a variação da resposta imunológica entre indivíduos.

14. Estratégias de Vacinas para Vírus Emergentes

- Exploração das abordagens inovadoras para o design de vacinas contra vírus emergentes, utilizando predição de epítomos para respostas rápidas.

15. Perspectivas Futuras no Design de Vacinas Baseadas em Epítomos

- Discussão sobre as tendências emergentes e futuras direções no design de vacinas, com foco em novas tecnologias e métodos de predição.

Módulo 10: Técnicas Avançadas de Diagnóstico Viral Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto e Francis Nunes - 28h

Princípios e aplicações do ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) em virologia

1. Introdução ao ELISA

- Definição do ELISA e sua importância no diagnóstico de doenças virais.
- História do desenvolvimento do ELISA e sua evolução ao longo do tempo.

2. Princípios Básicos do ELISA

- Descrição dos princípios de imun química subjacentes ao ELISA, incluindo a ligação antígeno-anticorpo.
- Discussão sobre o papel das enzimas e dos substratos na detecção.

3. Tipos de ELISA

- Exploração dos diferentes tipos de ensaios ELISA: direto, indireto, de captura e competitivo, e suas aplicações específicas em virologia.

4. Preparação de Amostras

- Métodos para a coleta, armazenamento e preparação de amostras biológicas (sangue, soro, plasma) para ELISA.
- Discussão sobre a importância da manipulação adequada das amostras para resultados confiáveis.

5. Desenvolvimento de Reagentes

- Procedimentos para a seleção e preparação de anticorpos específicos para o ELISA.
- Discussão sobre a produção de antígenos e a importância da pureza e especificidade.

6. Configuração do Experimento

- Passo a passo para a configuração de um ensaio ELISA, incluindo o uso de microplacas e diluições de amostra.
- Estratégias para otimização de condições experimentais (pH, temperatura, tempo).

7. Leitura e Interpretação dos Resultados

- Métodos para a leitura de resultados utilizando espectrofotometria e análise de dados.

- Discussão sobre a interpretação de curvas padrão e a determinação de concentrações de antígenos/anticorpos.

8. Sensibilidade e Especificidade do ELISA

- Análise da sensibilidade e especificidade do ELISA em comparação com outras técnicas de diagnóstico.

- Discussão sobre fatores que podem afetar a performance do ensaio.

9. Aplicações Clínicas do ELISA em Virologia

- Exemplos de como o ELISA é utilizado para diagnosticar infecções virais, como HIV, hepatites virais, e vírus da gripe.

- Discussão sobre o uso do ELISA na detecção de anticorpos e antígenos virais.

10. Limitações e Desafios do ELISA

- Análise das limitações do ELISA, incluindo a possibilidade de resultados falso-positivos e falso-negativos.

- Discussão sobre a necessidade de validação e controle de qualidade dos ensaios.

11. Comparação com Outras Técnicas de Diagnóstico

- Comparação do ELISA com outras técnicas de diagnóstico, como PCR e imunofluorescência, destacando suas vantagens e desvantagens.

12. Avanços e Inovações em ELISA

- Exploração de inovações tecnológicas no ELISA, como o uso de ELISA em tempo real e multiplexação.

- Discussão sobre a integração do ELISA com tecnologias de microfluidica e biossensores.

13. Protocolos Padrão e Normas de Bioética

- Revisão de protocolos padrão para a realização de ELISA em ambientes laboratoriais.

- Discussão sobre as considerações éticas no uso de amostras biológicas para pesquisa e diagnóstico.

14. Estudos de Caso e Aplicações Práticas

- Apresentação de estudos de caso onde o ELISA foi fundamental para diagnósticos em surtos virais.

- Análise de aplicações práticas do ELISA na vigilância epidemiológica de doenças virais.

15. Perspectivas Futuras do ELISA em Virologia

- Discussão sobre as tendências futuras na utilização do ELISA em pesquisa virológica e desenvolvimento de vacinas.

- Reflexões sobre a evolução das técnicas de diagnóstico e o papel do ELISA no futuro da virologia.

Desenvolvimento de ensaios multiplex para detecção de múltiplos vírus

1. Introdução aos Ensaios Multiplex

- Definição de ensaios multiplex e sua importância no diagnóstico viral.

- Comparação entre ensaios multiplex e ensaios tradicionais (monoplex) em termos de eficiência e economia.

2. Princípios Básicos dos Ensaios Multiplex

- Descrição dos princípios de imun química aplicados aos ensaios multiplex, incluindo a detecção simultânea de múltiplos antígenos ou anticorpos.

- Discussão sobre a combinação de diferentes marcadores e como isso melhora a sensibilidade e especificidade.

3. Desenho Experimental de Ensaios Multiplex

- Considerações para o design de um ensaio multiplex, incluindo a seleção de alvos virais e a necessidade de reagentes específicos.

- Estratégias para otimizar condições experimentais, como concentrações de anticorpos e condições de incubação.

4. Desenvolvimento de Reagentes e Anticorpos

- Métodos para a seleção e produção de anticorpos polivalentes ou anticorpos específicos para diferentes vírus.

- Discussão sobre a importância da pureza e especificidade dos reagentes para evitar reações cruzadas.

5. Configuração de Ensaios Multiplex

- Passo a passo para a configuração de um ensaio multiplex, incluindo o uso de microplacas, beads ou chips.

- Demonstração de como combinar diferentes técnicas, como ELISA, Luminex ou PCR em tempo real, em um formato multiplex.

6. Análise de Dados em Ensaios Multiplex

- Métodos para a leitura e interpretação de resultados, incluindo análise estatística e uso de softwares específicos.

- Discussão sobre a criação de curvas padrão e determinação de concentrações em um formato multiplex.

7. Aplicações Clínicas dos Ensaios Multiplex em Virologia

- Exemplos de ensaios multiplex utilizados para diagnosticar infecções virais, como hepatites, vírus respiratórios e HIV.

- Análise de casos onde a detecção simultânea de múltiplos vírus é crucial para o manejo clínico.

8. Vantagens e Desvantagens dos Ensaios Multiplex

- Discussão das vantagens dos ensaios multiplex, como economia de tempo e recursos, e a capacidade de detectar coinfeções.

- Análise das desvantagens e limitações, incluindo complexidade técnica e necessidade de validação rigorosa.

9. Desenvolvimento de Ensaios Multiplex em Resposta a Surtos

- Estudos de caso que ilustram o uso de ensaios multiplex em resposta a surtos virais e pandemias.

- Discussão sobre a aplicação de ensaios multiplex em contextos epidemiológicos e de saúde pública.

10. Desafios Técnicos na Implementação de Ensaios Multiplex

- Identificação de desafios técnicos, como interferência entre marcadores e otimização de reagentes.

- Discussão sobre a validação de métodos e controle de qualidade em ensaios multiplex.

11. Avanços Tecnológicos em Ensaios Multiplex

- Exploração de inovações tecnológicas, como microfluidica e plataformas automatizadas, que melhoram a eficiência dos ensaios multiplex.
- Discussão sobre a integração de tecnologias emergentes, como sequenciamento de nova geração, com ensaios multiplex.

12. Regulamentação e Normas de Qualidade

- Revisão das regulamentações e diretrizes para o desenvolvimento e uso de ensaios multiplex na prática clínica.
- Discussão sobre a importância da conformidade com normas de qualidade e validação.

13. Perspectivas Futuras dos Ensaios Multiplex em Virologia

- Reflexões sobre o futuro dos ensaios multiplex no diagnóstico viral, incluindo o potencial para personalização e medicina de precisão.
- Discussão sobre o papel dos ensaios multiplex na vigilância epidemiológica e na pesquisa de vacinas.

14. Capacitação e Formação em Ensaios Multiplex

- Importância da formação e capacitação de profissionais em técnicas de ensaio multiplex.
- Desenvolvimento de currículos e materiais de treinamento para promover a competência técnica.

15. Estudos de Caso em Ensaios Multiplex

- Apresentação de estudos de caso que destacam a aplicação bem-sucedida de ensaios multiplex em situações reais.
- Análise dos resultados e impactos na saúde pública e no manejo de doenças virais.

Uso de técnicas avançadas de PCR para diagnóstico viral quantitativo e qualitativo

1. Introdução à PCR (Reação em Cadeia da Polimerase)

- História e desenvolvimento da técnica de PCR e sua importância no diagnóstico viral.
- Diferenciação entre PCR qualitativa e quantitativa (qPCR).

2. Princípios Básicos da PCR

- Descrição dos princípios fundamentais da PCR, incluindo os ciclos de desnaturação, anelamento e extensão.
- Discussão sobre a importância da temperatura e dos tempos de ciclo.

3. Tipos de PCR

- Comparação de diferentes técnicas de PCR, incluindo PCR convencional, PCR em tempo real (qPCR), PCR multiplex e PCR digital (dPCR).
- Aplicações específicas de cada tipo de PCR em virologia.

4. Desenvolvimento de Primers e Probes

- Métodos para a seleção e design de primers e probes específicos para vírus.
- Discussão sobre a importância da especificidade e eficiência na amplificação.

5. Quantificação de Carga Viral

- Abordagens para quantificação da carga viral utilizando qPCR, incluindo a criação de curvas padrão.
- Discussão sobre a interpretação de dados de carga viral e sua relevância clínica.

6. PCR Multiplex para Diagnóstico Viral

- Estratégias para o design e implementação de PCR multiplex, permitindo a detecção simultânea de múltiplos vírus.
- Vantagens e desafios do uso de PCR multiplex no diagnóstico.

7. PCR Digital (dPCR) e suas Vantagens

- Introdução à PCR digital e suas aplicações no diagnóstico viral.
- Discussão sobre como a dPCR melhora a precisão na quantificação de vírus.

8. Técnicas Avançadas de Amplificação

- Exploração de técnicas avançadas de amplificação, como LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) e RPA (Recombinase Polymerase Amplification).
- Comparação com a PCR tradicional em termos de sensibilidade e especificidade.

9. Desafios e Limitações das Técnicas de PCR

- Identificação de desafios associados ao uso de PCR, como contaminação, inibidores e variabilidade nos resultados.
- Estratégias para superar esses desafios e garantir a confiabilidade dos resultados.

10. Validação e Controle de Qualidade em Diagnóstico Viral

- Importância da validação de métodos de PCR e dos controles de qualidade no diagnóstico viral.
- Discussão sobre diretrizes e regulamentações para o uso de técnicas de PCR em laboratórios clínicos.

11. Interpretação de Resultados de PCR

- Métodos para a análise e interpretação de resultados de PCR, incluindo a utilização de softwares para análise de dados.

- Discussão sobre o impacto dos resultados na gestão clínica de pacientes.

12. Aplicações Clínicas de PCR em Virologia

- Estudos de caso que demonstram a aplicação de técnicas de PCR no diagnóstico de infecções virais, como HIV, hepatite e SARS-CoV-2.

- Análise de como a PCR contribui para a vigilância epidemiológica e controle de surtos.

13. Uso de PCR em Epidemiologia Viral

- Discussão sobre a utilização de técnicas de PCR para estudar a epidemiologia de vírus, incluindo a detecção de variantes e a monitorização de surtos.

- Exemplos de como os dados de PCR informam estratégias de saúde pública.

14. Avanços Tecnológicos em PCR

- Exploração de inovações tecnológicas no campo da PCR, como microfluidica e automação.

- Discussão sobre como essas inovações melhoram a eficiência e a sensibilidade dos testes.

15. Perspectivas Futuras para o Uso de PCR em Diagnóstico Viral

- Reflexões sobre as tendências futuras no uso de técnicas de PCR, incluindo integração com tecnologias emergentes.

- Discussão sobre o potencial de personalização dos diagnósticos virais com base em avanços na PCR.

Aplicações de biochips e sequenciamento de próxima geração (NGS) em diagnóstico viral

1. Introdução aos Biochips

- Definição e tipos de biochips, incluindo microarranjos de DNA e chips de proteína.

- Princípios de funcionamento dos biochips e sua importância na biotecnologia.

2. Biochips para Diagnóstico Viral

- Discussão sobre a aplicação de biochips na detecção de vírus, incluindo métodos de captura e hibridação.

- Exemplos de biochips específicos para vírus como HIV, hepatite e influenza.

3. Sequenciamento de Próxima Geração (NGS)

- Introdução ao sequenciamento de próxima geração e comparação com métodos de sequenciamento de primeira geração.

- Vantagens do NGS em termos de capacidade de geração de dados e velocidade.

4. Métodos de NGS

- Exploração das diferentes plataformas de NGS, incluindo Illumina, Ion Torrent e PacBio.

- Discussão sobre a escolha da plataforma com base na aplicação e nos requisitos do estudo.

5. Aplicações de NGS em Virologia

- Análise das aplicações de NGS para o sequenciamento de vírus, incluindo estudos de genômica viral e epidemiologia.

- Exemplos de surtos virais em que NGS foi fundamental para o entendimento da dinâmica de transmissão.

6. Análise de Dados de NGS

- Introdução aos métodos de análise de dados gerados pelo NGS, incluindo montagem de genomas e alinhamento de sequências.

- Uso de software e ferramentas bioinformáticas para a interpretação de dados de NGS.

7. Diagnóstico de Múltiplos Vírus com Biochips e NGS

- Discussão sobre o uso de biochips e NGS para a detecção simultânea de múltiplos patógenos virais.

- Exemplos de painéis de teste desenvolvidos para diagnósticos multiplex.

8. Desenvolvimento de Biochips Baseados em NGS

- Abordagem de como as tecnologias de NGS podem ser integradas ao design e produção de biochips.

- Estudos de caso sobre biochips que utilizam dados de NGS para melhorar a precisão do diagnóstico.

9. Validação de Métodos de Diagnóstico com Biochips e NGS

- Importância da validação e controle de qualidade em diagnósticos virais utilizando biochips e NGS.

- Discussão sobre diretrizes e regulamentações para o uso dessas tecnologias em laboratórios clínicos.

10. Limitações e Desafios nas Aplicações de Biochips e NGS

- Identificação de desafios associados ao uso de biochips e NGS, como custo, complexidade e interpretação de dados.

- Estratégias para superar essas limitações e garantir a confiabilidade dos resultados.

11. Biochips como Ferramenta de Vigilância Epidemiológica

- Análise de como biochips podem ser utilizados para vigilância epidemiológica e monitoramento de surtos virais.

- Exemplos de estudos que demonstram a eficácia dos biochips na detecção precoce de infecções.

12. Evolução da Tecnologia de Sequenciamento e Biochips

- Discussão sobre os avanços tecnológicos em biochips e NGS, incluindo inovações em sensibilidade e especificidade.

- Perspectivas futuras para o desenvolvimento dessas tecnologias em virologia.

13. Integração de Biochips e NGS com Outras Tecnologias

- Exploração de como biochips e NGS podem ser combinados com outras técnicas, como PCR e ELISA, para melhorar diagnósticos.

- Abordagem de estratégias de integração para aplicações em pesquisa e clínicas.

14. Aspectos Éticos e Regulatórios em Diagnóstico com Biochips e NGS

- Discussão sobre as implicações éticas do uso de tecnologias avançadas de diagnóstico, incluindo privacidade e consentimento.

- Considerações regulatórias para a implementação de biochips e NGS em ambientes clínicos.

15. Estudos de Caso: Sucesso no Uso de Biochips e NGS para Diagnóstico Viral

- Análise de casos de sucesso em que biochips e NGS foram utilizados para o diagnóstico e acompanhamento de surtos virais.

- Reflexão sobre as lições aprendidas e o impacto dessas tecnologias na saúde pública.

Importância dos alelos do complexo principal de histocompatibilidade (MHC) na resposta imune

1. Introdução ao Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC)
 - Estrutura e função do MHC nas células apresentadoras de antígeno.
 - Diferença entre MHC de classe I e MHC de classe II.
2. Mecanismos de Apresentação de Antígenos pelo MHC
 - Processamento e apresentação de antígenos virais e não virais por MHC de classe I e II.
 - Importância da apresentação de antígenos para a ativação de células T.
3. Variabilidade Genética dos Alelos MHC
 - Discussão sobre a diversidade dos alelos MHC e seu impacto na resposta imune.
 - Estudo de como a variabilidade dos alelos MHC pode influenciar a susceptibilidade a infecções virais.
4. Relação entre Alelos MHC e Doenças Autoimunes
 - Análise de como certos alelos MHC estão associados a um risco aumentado de doenças autoimunes.
 - Exemplos de doenças autoimunes e seus alelos MHC correlacionados.
5. MHC e Resposta Imune a Patógenos
 - Investigação da importância dos alelos MHC na resposta imune a vírus, bactérias e parasitas.
 - Estudos de caso que demonstram a associação entre alelos MHC e a eficácia da resposta imune.
6. Papel dos Alelos MHC na Imunidade Inata e Adaptativa
 - Análise da interação entre alelos MHC e células do sistema imunológico, incluindo linfócitos T e células B.
 - Discussão sobre como os alelos MHC influenciam a memória imunológica.
7. Impacto dos Alelos MHC na Vacinação
 - Estudo de como a variabilidade dos alelos MHC pode afetar a resposta a vacinas.
 - Discussão sobre estratégias para otimizar vacinas com base nos perfis de alelos MHC das populações.
8. Cobertura Populacional de Alelos MHC e Saúde Pública
 - Análise da distribuição de alelos MHC em diferentes populações e sua relevância em contextos de saúde pública.
 - Importância da diversidade genética do MHC na proteção contra surtos de doenças.
9. MHC e Transplante de Órgãos
 - Discussão sobre a compatibilidade do MHC em transplantes de órgãos e sua importância na rejeição de enxertos.
 - Estudo de como os alelos MHC influenciam o sucesso do transplante.
10. Perspectivas Futuras na Pesquisa sobre MHC
 - Exploração das novas abordagens em pesquisa genética e imunologia para estudar o papel dos alelos MHC na resposta imune.
 - Discussão sobre as tecnologias emergentes e suas aplicações no entendimento da imunogenética.
11. Efeitos de Seleção Natural nos Alelos MHC
 - Análise de como a evolução e a seleção natural moldaram a diversidade dos alelos MHC nas populações humanas.
 - Exemplos de como a pressão seletiva de patógenos influencia a variabilidade do MHC.
12. Alelos MHC e Câncer
 - Estudo do papel dos alelos MHC na apresentação de antígenos tumorais e na resposta imune contra o câncer.
 - Discussão sobre a relevância dos alelos MHC em terapias imunológicas.
13. Interações MHC e Microbioma
 - Investigação de como os alelos MHC podem interagir com o microbioma e influenciar a resposta imune.
 - Estudo de como essas interações podem afetar a saúde e a doença.
14. Imunogenicidade dos Alelos MHC
 - Discussão sobre a imunogenicidade de diferentes alelos MHC e suas implicações na medicina personalizada.
 - Análise de como os perfis de alelos MHC podem ser usados para prever respostas imunológicas em pacientes.
15. Estudos de Associação Genética (GWAS) e Alelos MHC
 - Exploração do uso de estudos de associação genômica para identificar associações entre alelos MHC e doenças.
 - Discussão sobre a relevância desses estudos para a compreensão da genética da resposta imune.

Módulo 12: Ferramentas Evolutivas em Virologia - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Análise filogenética e reconstrução de árvores evolutivas em virologia

1. Conceitos Básicos de Evolução Viral
 - Diversificação Genética: Mutações, recombinações e rearranjos genômicos.
 - Pressões Seletivas: Impacto da seleção natural, pressão imunológica e deriva genética.
 - Taxonomia e Classificação Viral: Relação entre evolução genética e classificação viral.
2. Coleta e Processamento de Dados Genômicos
 - Aquisição de Genomas Virais: Uso de bases de dados públicos como GenBank e GISAID.
 - Montagem de Genomas: Ferramentas como SPAdes, MetaSPAdes para viroma e vírus específicos.
 - Qualidade dos Dados: Verificação e filtragem de sequências para evitar artefatos e regiões não confiáveis.
3. Alinhamento de Sequências
 - Alinhamento Múltiplo de Sequências: Softwares como MAFFT, MUSCLE e ClustalW para criar alinhamentos múltiplos.
 - Tratamento de Regiões Conservadas e Variáveis: Como interpretar hotspots evolutivos e regiões estáveis.
 - Verificação de Alinhamento: Ajustes manuais e análise de regiões problemáticas.
4. Modelos Evolutivos
 - Modelos de Substituição de Nucleotídeos: Comparação de modelos como GTR, HKY e Jukes-Cantor.
 - Escolha de Modelos Evolutivos: Ferramentas como ModelTest e jModelTest para selecionar o modelo adequado.
 - Substituições Não-Sinônimas vs. Sinônimas: Importância na análise de pressões seletivas.
5. Métodos de Inferência Filogenética
 - Métodos Baseados em Distância: Neighbor-Joining (NJ) e UPGMA para uma abordagem rápida e eficiente.
 - Métodos de Máxima Verossimilhança: Softwares como RAxML e IQ-TREE para uma análise robusta.
 - Inferência Bayesiana: Uso de ferramentas como BEAST para análise de datação temporal e reconstrução de árvores evolutivas com incertezas.
 - Filogenia de Tempo: Reconstrução do Tempo do Mais Recente Ancestral Comum (TMRCA) e distribuição de taxas de evolução.

6. Reconstrução de Árvores Evolutivas

- Tipos de Árvores Filogenéticas: Enraizadas, não enraizadas, bifurcadas e multifurcadas.
- Métodos de Enraizamento de Árvores: Uso de grupos externos e midpoint rooting.
- Visualização de Árvores: Ferramentas como FigTree e iTOL para edição e visualização.

7. Datação Filogenética e Análise Temporal

- Filodinâmica: Estudo da dinâmica de transmissão de vírus, como no uso do BEAST para traçar a evolução temporal de epidemias.
- Modelos Coalescentes: Aplicação de modelos coalescentes para entender a diversidade populacional ao longo do tempo.
- Reconstrução de Epidemiologia Espacial: Uso de dados geográficos associados a filogenias para rastrear a propagação geográfica de vírus.

8. Análise de Seleção e Adaptação Viral

- Análise de Seleção Positiva e Negativa: Identificação de locais sob pressão seletiva com ferramentas como HyPhy e PAML.
- Cálculo de dN/dS: Determinação de taxas de substituições sinônimas e não sinônimas para avaliar pressões evolutivas.
- Evolução Adaptativa: Como identificar adaptações específicas a hospedeiros ou ambientes.

9. Reconstrução de Genomas Ancestrais

- Reconstrução de Sequências Ancestrais: Uso de ferramentas como PAML para inferir o estado genômico dos ancestrais comuns.
- Aplicações na Virologia: Previsão de possíveis formas virais ancestrais e análise de suas funções.

10. Filogenômica Viral

- Comparação de Genomas Inteiros: Ferramentas para análise de genomas completos em vez de regiões específicas.
- Análise de Variantes: Detecção de variantes emergentes e análise de suas implicações evolutivas.

11. Aplicações Práticas em Virologia

- Evolução de Patogenicidade: Como mutações influenciam a virulência e a capacidade de escape imunológico.
- Rastreamento de Epidemias: Uso de filogenias para monitorar surtos virais, como HIV, influenza, e SARS-CoV-2.
- Vacinas e Resistência Antiviral: Estudo da evolução de cepas resistentes a antivirais e escape vacinal.

12. Desafios e Limitações da Análise Filogenética

- Problemas com Taxa de Evolução Variável: Limitações dos modelos de taxa constante (molecular clock) e como ajustar para taxas variáveis.
- Efeitos de Recombinação e Hibridização: Como lidar com eventos de recombinação e transferência horizontal na inferência filogenética.
- Sinal Filogenético Fraco: Como detectar e lidar com baixa diferenciação genética entre sequências.

13. Softwares e Ferramentas

- BEAST: Para análises de filogenia temporal e reconstrução de árvores.
- MrBayes: Inferência Bayesiana de filogenias.
- RAxML/IQ-TREE: Para inferência de máxima verossimilhança.
- HyPhy: Para análise de seleção natural e taxas de evolução.
- iTOL: Visualização de árvores filogenéticas.

Aplicações de abordagens evolutivas na previsão de surtos virais e desenvolvimento de estratégias de controle

1. Integração de Filogenia e Modelos Epidemiológicos

- Combinação de Filodinâmica com Modelos SIR: A filogenia descreve as relações evolutivas entre as sequências virais, enquanto o modelo SIR descreve a dinâmica da disseminação viral. A integração dessas abordagens permite inferir a evolução viral no contexto da epidemia.
- Modelos Filodinâmicos de Transmissão: Ferramentas como BEAST podem ser usadas para inferir não apenas a árvore evolutiva, mas também para modelar a dinâmica populacional e os parâmetros epidemiológicos com base em sequências virais.

2. Reconstrução de Árvores Filogenéticas Temporais

- Filogenia Datada (Time-scaled Phylogenies): Utilizando métodos como a inferência bayesiana (e.g., BEAST), as árvores filogenéticas são reconstruídas com uma escala temporal, permitindo identificar quando ocorrem eventos-chave na evolução e transmissão viral.
- Estimativa do TMRCA: O Tempo do Mais Recente Ancestral Comum (TMRCA) ajuda a identificar o início de um surto e a sua origem, fornecendo insights para controle de focos de infecção.

3. Modelagem de Parâmetros Epidemiológicos com Filogenia

- Estimativa de Taxas de Transmissão (R_0): A filogenia combinada com o modelo SIR pode ajudar a estimar a taxa de reprodução básica (R_0), que indica quantas novas infecções cada caso gera. A filogenia mostra a diversificação viral, e o modelo SIR relaciona essa diversificação à disseminação na população.
- Períodos de Incubação e Recuperação: A filogenia pode ser usada para inferir a variação na evolução viral ao longo do tempo, enquanto o modelo SIR ajuda a quantificar o impacto dessa variação nos períodos de incubação e recuperação.

4. Previsão de Surtos e Padrões de Transmissão

- Predição de Ondas de Infecção: A combinação de filogenia com o modelo SIR permite prever surtos futuros com base em dados filogenéticos e na dinâmica populacional. A árvore filogenética pode revelar como novas variantes virais surgem e se espalham.
- Propagação Geográfica de Vírus: A filogenia pode ser usada para traçar a origem geográfica de diferentes linhagens virais, enquanto o modelo SIR pode simular como essas linhagens se disseminam em diferentes populações ao longo do tempo.
- Identificação de Super-Propagadores: A análise filogenética pode ajudar a identificar possíveis eventos de super-propagação e, ao ser combinada com o modelo SIR, pode fornecer previsões sobre como esses eventos afetam a curva epidemiológica.

5. Monitoramento de Variantes Emergentes

- Evolução e Diversidade de Variantes: A filogenia permite identificar variantes que surgem durante um surto, enquanto o modelo SIR permite quantificar o impacto dessas variantes na dinâmica de transmissão (e.g., maior transmissibilidade ou escape imunológico).
- Seleção Positiva e Aumento da Virulência: A análise filogenética pode detectar seleção positiva em certos genes virais, indicando adaptação a novos hospedeiros ou mudanças na virulência. Isso pode ser modelado no SIR para prever surtos de variantes mais virulentas.

6. Modelagem de Intervenções e Estratégias de Controle

- Impacto de Intervenções (Vacinação, Quarentena): O modelo SIR pode ser usado para simular o impacto de intervenções, como campanhas de vacinação ou quarentena, enquanto a filogenia pode monitorar a redução da diversidade viral após a implementação dessas estratégias.
- Vacinação Baseada em Linhagens: Com a filogenia, é possível identificar as linhagens virais circulantes e desenvolver vacinas mais direcionadas. O modelo SIR pode ajudar a prever o efeito da vacinação na redução da transmissão viral e da pressão seletiva que pode gerar novas variantes.
- Controle de Zonas de Foco Epidêmico: Usando árvores filogenéticas para identificar as zonas geográficas de origem das linhagens dominantes, os modelos SIR podem prever a eficácia de bloqueios ou restrições de movimento em conter surtos locais.

7. Incorporação de Dados Genômicos e Epidemiológicos

- Uso de Dados Genômicos em Tempo Real: Combinar sequências virais geradas em tempo real com dados epidemiológicos permite uma resposta rápida a surtos. A filogenia ajuda a identificar novas cepas, enquanto o modelo SIR pode prever como essas cepas se disseminarão.
- Filodinâmica Bayesiana: Utilizando frameworks como BEAST, que permitem inferir parâmetros epidemiológicos a partir de dados filogenéticos, combinando-os diretamente com modelos SIR para criar previsões mais robustas da dinâmica de surtos.

8. Análise Espacial-Temporal

- Dinâmica Espacial de Vírus: Usar filogenia para inferir a dispersão de vírus em diferentes regiões geográficas, associando com dados epidemiológicos de modelos SIR para entender como o vírus se espalha em diferentes populações e ambientes.

- Simulação de Propagação Espacial: O modelo SIR pode ser estendido para incluir fatores geográficos e demográficos, enquanto a filogenia fornece informações sobre a evolução e adaptação do vírus em diferentes populações.

9. Filodinâmica e Eficácia de Intervenções

- Avaliação de Resposta Imunológica: A filogenia pode revelar o surgimento de variantes que escapam à resposta imunológica. O modelo SIR, ao incorporar esses dados, pode ajudar a avaliar a necessidade de novas intervenções como reforço vacinal.

- Previsão da Durabilidade de Vacinas: Combinando filogenia, que pode rastrear a evolução das variantes, e o SIR, que simula a dinâmica de infecção, é possível prever por quanto tempo uma vacina específica será eficaz antes que novas mutações comprometam sua proteção.

10. Desafios e Limitações da Integração Filogenia-SIR

- Dificuldades com Filogenias Complexas: A presença de recombinação, convergência evolutiva e evolução rápida pode complicar a inferência de árvores filogenéticas e sua combinação com modelos SIR.

- Parâmetros Epidemiológicos Variáveis: O modelo SIR assume parâmetros fixos para taxas de transmissão e recuperação, mas na realidade esses podem variar com o tempo e a emergência de novas variantes, exigindo ajustes mais dinâmicos.

- Necessidade de Dados em Tempo Real: A precisão dessas abordagens depende da disponibilidade de dados genômicos e epidemiológicos em tempo real. Atrasos podem comprometer as previsões e as intervenções de controle.

11. Ferramentas e Softwares

- BEAST: Para inferência filodinâmica e integração com dados epidemiológicos.

- EpiPhylo: Ferramenta que combina filogenia e modelos SIR para simular surtos.

- TreeTime: Uma ferramenta eficiente para análises filodinâmicas e temporais.

- PhyDyn: Para incorporar dinâmica populacional em análises filogenéticas.

Módulo 13: Integração de Ferramentas Avançadas em Estudos de Caso - Docente responsável Caio Freire e Daniel Neto - 28h

Aplicação de técnicas de predição de epítomos e imunoinformática no desenvolvimento de vacinas contra vírus específicos

1. Conceitos Fundamentais em Predição de Epítomos e Imunoinformática

- Epítomos: Definição de epítomos B e T (epítomos de células B e T) e sua importância na resposta imune.

- Imunogenicidade: Características que tornam um epítopo altamente imunogênico e a relevância no design de vacinas.

- Desenvolvimento de Vacinas Baseado em Epítomos: Uso de epítomos conservados e imunogênicos como alvos preferenciais em vacinas.

2. Banco de Dados de Epítomos Virais

- IEDB (Immune Epitope Database): Uso de bancos de dados como o IEDB para pesquisa de epítomos virais já conhecidos.

- ViralBase: Utilização de bases de dados especializadas em vírus para identificar e comparar epítomos entre diferentes cepas ou variantes.

- Dados Genômicos e Proteômicos: Extração de sequências virais para análise de epítomos potenciais.

3. Ferramentas de Predição de Epítomos

- Predição de Epítomos de Células T: Ferramentas como NetMHCpan, MHCFlurry, e IEDB tools para prever epítomos apresentados por moléculas MHC de classe I e II.

- Predição de Epítomos de Células B: Ferramentas como BepiPred para identificar epítomos lineares e conformacionais reconhecidos por anticorpos.

- Seleção de Alvos Imunológicos: Integração de ferramentas que avaliam a imunogenicidade dos epítomos e a sua conservabilidade entre diferentes variantes virais.

4. Modelagem e Simulação de Interação Antígeno-MHC

- Ligação MHC-Antígeno: Modelagem da interação entre epítomos virais e moléculas MHC usando ferramentas como AutoDock, Rosetta, ou DockThor para prever afinidade de ligação.

- Estabilidade e Afinidade de Ligação: Uso de simulações de dinâmica molecular para prever a estabilidade da interação epítopo-MHC e a duração da resposta imune.

- Previsão de Processamento Antigênico: Uso de ferramentas como Proteasome Cleavage Prediction para prever como os peptídeos virais são processados e apresentados por células APC (células apresentadoras de antígenos).

5. Imunoinformática e Design Racional de Vacinas

- Vacinas Baseadas em Peptídeos: Identificação de epítomos peptídicos específicos e sua incorporação em vacinas para gerar uma resposta imunológica eficaz.

- Vacinas Subunitárias: Uso de epítomos conservados entre diferentes cepas virais para o desenvolvimento de vacinas de subunidade, que contêm apenas partes específicas do vírus.

- Desenvolvimento de Vacinas Universais: Predição e utilização de epítomos conservados entre várias linhagens de vírus (e.g., vacinas contra influenza, HIV, SARS-CoV-2).

6. Predição de Epítomos Conservados entre Variantes

- Diversidade Genética Viral: Análise das variações entre cepas virais e predição de epítomos conservados entre variantes e linhagens, utilizando ferramentas como multiple sequence alignment (MSA) e phylogenetic analysis.

- Identificação de Epítomos Escapistas: Uso de dados filogenéticos e imunoinformática para prever epítomos que sofreram mutações em variantes virais e como isso pode afetar a eficácia de vacinas existentes.

7. Imunoinformática para Múltiplos Alelos de MHC

- Polimorfismo do MHC: Avaliação da capacidade de epítomos virais de serem apresentados por uma ampla gama de alelos MHC, garantindo a cobertura populacional adequada.

- Cobertura Populacional: Ferramentas como IEDB Population Coverage Tool para avaliar a distribuição de alelos MHC em diferentes populações humanas e a correspondência com epítomos virais.

8. Simulação de Respostas Imunológicas

- Modelos In Silico de Resposta Imunológica: Ferramentas como C-ImmSim para simular a resposta imune in silico após a administração de uma vacina baseada em epítomos.

- Avaliação de Adjuvantes: Simulação de como diferentes adjuvantes podem modular a resposta imune aos epítomos preditos.

- Predição de Memória Imunológica: Simulação da geração de células T de memória e anticorpos de longa duração.

9. Análise de Proteínas Estruturais para Predição de Epítomos Conformacionais

- Predição de Epítomos Conformacionais: Ferramentas como DiscoTope e Ellipro para prever epítomos conformacionais a partir de estruturas tridimensionais de proteínas virais.

- Estruturas Virais: Análise de proteínas virais, como proteínas de superfície (e.g., hemaglutinina, proteína spike) para identificar epítomos conformacionais com potencial de induzir resposta de anticorpos neutralizantes.

10. Predição de Respostas Cruzadas

- Imunogenicidade Cruzada: Identificação de epítomos que induzam respostas cruzadas entre diferentes vírus ou variantes, útil no design de vacinas de largo espectro.
- Impacto de Reatividade Cruzada: Avaliação de como a reatividade cruzada pode contribuir para proteção parcial contra variantes emergentes.

11. Análise de Escape Imune

- Mutação de Escape: Predição de epítomos sob forte pressão seletiva que podem sofrer mutação e escapar da resposta imunológica, usando ferramentas de análise de seleção positiva, como HyPhy.
- Adaptação Viral e Escape de Vacinas: Identificação de mutações emergentes em epítomos virais que podem comprometer a eficácia das vacinas, especialmente para vírus com alta taxa de mutação, como HIV e SARS-CoV-2.

12. Integração de Ferramentas de Bioinformática no Design de Vacinas

- Pipeline de Vacinas: Desenvolvimento de um pipeline integrando diversas ferramentas de predição de epítomos e imunoinformática para gerar, testar e validar epítomos virais.
- Validação In Silico: Validação in silico de vacinas projetadas usando dados de predição de epítomos e modelagem imunológica antes da testagem experimental.

13. Desafios e Limitações da Predição de Epítomos

- Epítomos Preditos vs. Validados Experimentalmente: Diferença entre epítomos preditos in silico e epítomos que demonstram imunogenicidade em estudos experimentais.
- Precisão de Ferramentas de Predição: Limitações das ferramentas de predição de epítomos, como falsa positividade ou epítomos com baixa afinidade de ligação ao MHC.
- Variação Populacional: A variabilidade na resposta imunológica devido a diferenças genéticas em populações humanas e como isso pode influenciar a eficácia das vacinas.

14. Predição de Efeitos Colaterais e Toxicidade

- Autoimunidade: Uso de ferramentas de predição para garantir que os epítomos preditos não desencadeiem respostas autoimunes.
- Análise de Toxicidade e Alergenicidade: Predição de possíveis efeitos adversos dos epítomos preditos, usando ferramentas como AllerTOP e ToxinPred.

15. Vacinas Baseadas em Nanopartículas e Vetores Virais

- Uso de Nanopartículas: Incorporar epítomos preditos em vacinas baseadas em nanopartículas para melhorar a entrega e apresentação dos epítomos.
- Vetores Virais: Uso de epítomos em vetores virais recombinantes para gerar uma resposta imune mais robusta.

16. Ferramentas e Softwares Importantes

- NetMHCpan: Para predição de ligação de epítomos a moléculas MHC classe I.
- IEDB Analysis Resource: Para predição de epítomos de células T e B, bem como para cobertura populacional.
- C-ImmSim

10. Metodologia de Ensino: Modelo Conceitual (Presencial ou EaD), Estratégias de Ensino e Recursos a Serem Utilizados, Atividades a Serem Desenvolvidas no Modelo Proposto e Formas e Critérios de Avaliação e Frequência (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

De acordo com Resolução CoEx n.º 02/2023, quaisquer atividades que se relacionem ao ensino à distância devem ser analisadas pela SEaD/UFSCar, inclusive devendo esta ser inserida no ProExWeb como setor envolvido. Recomenda-se conversa prévia à submissão com esta Secretaria, solicitando atendimento pela Central de Serviços da UFSCar (<https://servicos.ufscar.br>), no seguinte caminho: EaD > Assessoria para projetos pedagógicos de cursos EaD ou assessoria administrativa e financeira para cursos EaD.

O ensino será a distância e utilizaremos a plataforma Google Classroom e o Google meet para realizar os encontros virtuais aos sábados. Como estratégia de ensino realizaremos práticas computacionais além das aulas teóricas e material didático de revisão, bem como estudos dirigidos semanais. A conclusão do curso requer a realização O ensino será a distância e utilizaremos a plataforma Google Classroom e o Google meet para realizar os encontros virtuais aos sábados. Como estratégia de ensino realizaremos práticas computacionais além das aulas teóricas e material didático de revisão, bem como estudos dirigidos semanais. A conclusão do curso requer a realização de trabalho de conclusão de curso que será feita levando em consideração um agente patogênico e técnicas discutidas durante o curso. A frequência será computada pela presença nas reuniões virtuais.

As atividades avaliativas no final de cada módulo terão como nota mínima 7,0 para a aprovação e será exigida uma frequência mínima de 75%. O aluno que não atingir a nota mínima terá direito a uma atividade de recuperação valendo 10,0 pontos e caso consiga alcançar a nota 7,0 será considerado aprovado, sendo a nova nota como substituta da nota anterior.

11. Resultado Final (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

Esperamos formar profissionais especializados na área de Epidemiologia Molecular que sejam capazes de aplicar e conhecer trabalho de conclusão de curso que será feita levando em consideração um agente patogênico e técnicas discutidas durante o curso. A frequência será computada pela presença nas reuniões virtuais.

As atividades avaliativas no final de cada módulo terão como nota mínima 7,0 para a aprovação e será exigida uma frequência mínima de 75%. O aluno que não atingir a nota mínima terá direito a uma atividade de recuperação valendo 10,0 pontos e caso consiga alcançar a nota 7,0 será considerado aprovado, sendo a nova nota como substituta da nota anterior.

11. Resultado Final (idêntico ao registrado no sistema ProExWeb)

Esperamos formar profissionais especializados na área de Epidemiologia Molecular que sejam capazes de aplicar e conhecer discutidas durante o curso. Esperamos formar profissionais especializados na área de Epidemiologia Molecular que sejam capazes de aplicar e conhecer discutidas durante o curso.

12. Infraestrutura Institucional para a Realização do Curso (incluindo necessidade de ambiente virtual de aprendizagem e apoio da SIn ou da SEaD)

Utilizaremos computadores adquiridos com recursos de projetos prévios e conexão à web.

13. Detalhamento das Despesas Previstas, por Alínea (*)

Item de Despesa	Especificar Cada Tipo de Despesa por Alínea (**) => acrescente quantas linhas forem necessárias para cada tipo de despesa	Quantidade (se Aplicável)	Valor Unitário (em R\$)	Valor Total (em R\$)	Justificativa Detalhada da Despesa/Atividade a ser Realizada
Serviços de Terceiros – PJ			R\$	R\$	Não se aplica

Serviços de Terceiros – PF (excetuada a equipe – vide item 8.2)			R\$	R\$	Não se aplica
Equipamentos e Materiais Permanentes Nacionais	Notebook para aulas com capacidade de processamento de vídeos	1	R\$6362,50	R\$6362,50	Notebook para a operacionalização e produção de conteúdo de vídeos
Equipamentos e Materiais Permanentes Nacionais	Nobreaks	1	R\$2189,90	R\$2189,90	Equipamento de proteção para o servidor
Equipamentos e Materiais Permanentes Nacionais	Servidor para correr análises computacionais	1	R\$12536,10	R\$12536,12	Este servidor com placa gráfica de processamento (GPU) e unidade de processamento computacional (CPU) será útil para a realização de atividades práticas do curso.
Equipamentos e Materiais Permanentes Importados			R\$	R\$	
Material de Consumo	Consumo de eventuais despesas com HDs, mesas digitalizadoras		R\$2000,00	R\$2000,00	Eventuais periféricos podem ser requeridos durante a realização do curso
Despesas de Viagem (***)			R\$	R\$	
Despesas Bancárias (****)			R\$	R\$	
TOTAL				R\$23088,52	

(*) A consolidação destas alíneas deve coincidir com a planilha orçamentária padronizada, anexada ao sistema ProExWeb e reproduzida no item 14 a seguir.

(**) Para cada despesa deverá ocorrer o desmembramento por tipo, como por exemplo: pessoa jurídica - coffee break, serviços gráficos, serviços de marketing e divulgação, despesas bancárias, etc.

(***) Estas despesas devem incluir de forma separada, hospedagem, passagem aérea, passagem terrestre, alimentação, etc. Estes valores devem estar coerentes ao apresentado na planilha orçamentária, que deve ser anexada no sistema ProExWeb (modelo disponível em: <https://proexweb.ufscar.br/orcamento/>). A participação em eventos deve ser justificada e aparecer em benefícios.

(****) Para obter estimativa das despesas bancárias, consultar o Setor de Gestão de Projetos da FAI•UFSCar (contatos disponíveis em: <https://sistemas.fai.ufscar.br/colaborador/listacontatos>).

14. Plano de Aplicação dos Recursos Financeiros (unificar as despesas apresentadas nas tabelas de 8 e 13) (*)	
Natureza da Despesa/Especificação	Total por Item
Bolsas PIDICT:	R\$259877,72
CLTs/Estagiários – Equipe de trabalho:	R\$
Serviços de Terceiros – Pessoa Física (equipe e outros):	R\$2000,00
Serviços de Terceiros – Pessoa Jurídica (inclusive despesas bancárias):	R\$
Material Permanente (nacional ou importado):	R\$
Material de Consumo:	R\$
Despesas de Viagem:	R\$
Ressarcimento:	R\$33984,28
Retribuição:	R\$11996,45
Despesas Operacionais e Administrativas (DOA) – FAI•UFSCar:	R\$33984,28
TOTAL:	R\$341842,73

(*) Este plano de aplicação deve coincidir com a planilha orçamentária consolidada que se encontra registrada no sistema ProExWeb e inserida na Proposta da Atividade.

15. Origem dos Recursos e Cronograma de Desembolso
Os recursos financeiros necessários à realização do projeto de extensão, objeto do acordo de cooperação, serão provenientes das inscrições e de mensalidades dos alunos, aportados diretamente à FAI•UFSCar, conforme descritos nos quadros abaixo.

15.1. Origem dos Recursos	
Número de Inscrições Estimado de Alunos(as):	40
Número de Mensalidades a Serem Pagas por Aluno(s):	12
Valor Unitário da Mensalidade por Aluno(a) (em R\$):	R\$800
Valor Unitário da Mensalidade por Aluno(a) em Caso de Previsão de Algum Tipo de Ação Afirmativa e de Inclusão (em R\$):	R\$600
Valor Total Estimado Aportado Diretamente à FAI•UFSCar (em R\$):	R\$384000,00
Dos Recursos Totais, o Valor Estimado para Ressarcimento da UFSCar (em R\$):	R\$33984,28
Dos Recursos Totais, o Valor Estimado para Retribuição da UFSCar (em R\$):	R\$11996,45
Valor Estimado de Despesas Operacionais e Administrativa (DOA) (em R\$) (*):	R\$33984,28

(*) Considerando o estabelecido pelo Capítulo VIII, Art. 45, § 1º da Resolução CoEx n.º 03/2016, de 17 de março de 2016, onde se lê: “o ressarcimento dos custos e despesas da fundação de apoio não poderá ser superior a 10% (dez por cento) dos recursos totais aplicados no projeto ou atividade de extensão”, bem como o Art. 2º da Resolução CD FAI n.º 08/2019, de 29 de outubro de 2019.

15.2. Cronograma de Desembolso (inserir novas linhas conforme necessário)

[illegible]

16. Informações Complementares

Aqui apresentamos o orçamento com o número máximo de inscrições, entretanto se não atingirmos esse número de alunos estamos dispostos a adequar para que ocorra a realização do curso. As adequações orçamentárias foram aprovadas pelo conselho do Departamento de Genética e Evolução (Despacho 30/2025/DGE/CCBS/R (n. SEI 1888665)).

Segue o plano de trabalho do discente de graduação:

O discente será responsável pelo acompanhamento das postagens nos fóruns sobre os temas específicos dos módulos do curso. A função dele será de organizar arquivos que facilitem a correção dos docentes. De modo algum, este discente será responsável por qualquer atividade de correção ou mesma didática junto aos matriculados no curso. Espera-se que este discente auxilie na orientação organizacional do curso, ficando vetada a ele qualquer tipo de interferência didática. O discente deve auxiliar na organização das atividades para facilitar o trabalho dos docentes. Ademais, o discente estará envolvido em atividades de auxiliar na montagem de roteiros de aulas práticas, auxiliando nos testes dos programas e instalação dos mesmos. O discente passa então a auxiliar na operação de secretaria acadêmica — inscrições, matrículas e controle de frequência além de cuidar da comunicação e marketing, divulgando o curso em mídias e eventos; gerenciar infraestrutura e recursos — salas, laboratórios, equipamentos e plataformas digitais; atualizar e promover o uso do acervo bibliográfico e dar suporte de tecnologia de informação ao ambiente virtual de aprendizagem.

Ademais, em concordância com o solicitado pela SEaD, indicamos: a Mestre em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, [Ana Carolina Laureano Paganin](#) (RA 616222 e CPF: 23578924806); para auxiliar os docentes no acompanhamento dos alunos. Ela será responsável por auxiliar na correção dos trabalhos feitos pelos matriculados. Enfatizamos que a correção de cada módulo é responsabilidade do docente do mesmo. A Mestre em questão é regularmente matriculada como doutoranda no programa de Pós-graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, sendo indicada neste momento como voluntária.

Importante

Conforme determina a Resolução CoEx n.º 03/2016, as atividades de extensão que tiverem a previsão de captação de recursos externos para o desenvolvimento de suas atividades deverão providenciar a indicação de um fiscal de contrato titular e de um fiscal de contrato suplente para o acompanhamento daquilo que vier a ser pactuado em Acordo de Cooperação Institucional (ACI), ou instrumento congênera, a ser estabelecido entre a UFSCar e a FAI+UFSCar para o gerenciamento desses recursos porventura captados. Essa necessidade se aplica aos Cursos de Aperfeiçoamento e também aos Cursos de Especialização, de acordo com o exposto nos Editais de Cursos de Especialização publicados periodicamente pela Pró-Reitoria de Extensão (ProEx).

Nos casos específicos dos cursos de especialização e de aperfeiçoamento, os(as) fiscais selecionados(as), titular e suplente, deverão ser servidores(as) da UFSCar lotados(as) no mesmo departamento do(a) coordenador(a) do curso, mas não poderão ser membros ou compor, ainda que informalmente, a equipe de trabalho do mesmo. A indicação dos(as) fiscais deverá ser realizada por meio de Ofício SEI, expedido pelo departamento, setor ou unidade do(a) coordenador(a) da proposta, e o documento deverá ser assinado pelo(a) chefe do departamento, setor ou unidade, pelo(a) coordenador(a) do curso e pelos(as) fiscais indicados(as). Este ofício deverá ser produzido e enviado à Coordenadoria de Cursos de Extensão (CCEx) da ProEx dentro do Processo SEI indicado no Edital de Cursos de Especialização vigente, aberto pela CCEx exclusivamente para este fim, seguindo, estritamente, o modelo disponibilizado no mesmo processo.

São Carlos, 13 de novembro de 2025.

Atenciosamente,

Coordenador(a) do Curso de

ATENÇÃO: AO IMPRIMIR E/OU SALVAR ESSE DOCUMENTO EM PDF, FAÇA-O SELECIONANDO

A OPÇÃO "PAISAGEM". A OPÇÃO "RETRATO" PODERÁ DESFORMATAR ESTE DOCUMENTO



Documento assinado eletronicamente por **Caio Cesar de Melo Freire, Professor(a)**, em 13/11/2025, às 19:52, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://sei.ufscar.br/autenticacao>, informando o código verificador **2069733** e o código CRC **273D00AF**.

Referência: Caso responda a este documento, indicar expressamente o Processo nº 23112.004716/2025-81

SEI nº 2069733

Modelo de Documento: Extensão: Cursos: Plano de Trabalho Acadêmico, versão de 29/Fevereiro/2024

19/03/2026 14:54:01 (BRT/UTC-3) FBE4-1607-0202 https://assina.fai.ufscar.br/app/Documento/Protocolo/FBE4-1607-0202

1. **Identificação do Objeto a Ser Executado:** Realização da gestão financeira e administrativa do Projeto de Extensão acima citado, em parceria entre a Universidade Federal de São Carlos - UFSCar, propiciando o desenvolvimento da cooperação técnico-científica nas áreas de ensino, pesquisa e extensão, em especial, a congregação de esforços visando à estruturação e oferecimento do curso.

2. **Metas a Serem Atingidas:** Cumprir com todas as obrigações e atividades descritas no Cronograma a seguir, visando o cumprimento do Objeto, obedecendo os dispositivos legais a que a Fundação de Apoio está vinculada.

3. **Etapas ou Fases de Execução:** O Cronograma abaixo apresentado informa a previsão de início e fim da execução do objeto, assim como as etapas programadas. O cronograma de atividades se altera de um ano para outro. Apresentamos a seguir, além das atividades mostradas no Cronograma e suas respectivas datas de ocorrência, as atividades de suporte(*), executadas pela FAI, dentro do escopo deste Plano de trabalho, porém sob demanda do Coordenador do Projeto, a qualquer momento, durante toda a vigência do projeto:

- a) Manter as planilhas VP e BOX atualizadas durante todo o período de inscrições (*)
- b) Liberar e/ou encerrar inscrições mediante autorização do Coordenador (*)
- c) Realizar as rotinas de cobrança aos alunos inadimplentes (*)
- d) Acionar a Assessoria Jurídica da FAI para cobrança judicial em casos excepcionais (*)
- e) Realizar negociações com alunos inadimplentes até o recebimento dos débitos (*)
- f) Emitir e encaminhar boletos sob demanda (*) Emitir termo de rescisão contratual para os casos de alunos desistentes (*)
- g) Emitir termo de aditivo de parcelas adicionais mediante solicitação do Coordenador (*)
- h) Acompanhar os processos de ressarcimentos a alunos por meio da área de Coordenadores (*)
- i) Manter atendimento constante à coordenadores, alunos e a outros agentes (*)
- j) Apoio jurídico junto a demandas de aditivos e solução de questões específicas (*)
- l) Apoio Financeiro e Contábil quando necessárias (*)

[illegible]

Targino de Araújo Filho
Diretor Executivo

Documento

17109_UFSCar_ACI_CaioCMFreire

Arquivo:

Volume_000032\ec120e1f1d7143f28a2ecc86165277ce.pdf

Data de envio para o processo de assinatura digital:

19/03/2026 14:54:01 (BRT/UTC-3)

Código de verificação:

FBE4-1607-0202

Validação e status atual do documento:

<https://assina.fai.ufscar.br/app/Documento/Protocolo/FBE4-1607-0202>



Status

Processo de assinatura do documento finalizado em **30/03/2026 16:12:36 (BRT/UTC-3)**

Sincronizado com a Horal Legal Brasileira - Projeto NTP.br
Observatório Nacional e NIC.br

Este processo de assinatura de documento está em consonância com a MP 2.200-2, de 24 de agosto de 2001, garantindo sua validade jurídica em todo território brasileiro.



Assinaturas

- ✓ [214.458.668-38] Ana Beatriz de oliveira
biaoliveira@ufscar.br
Assinou Eletrônico em: 20/03/2026 18:33:48 (BRT/UTC-3)
- ✓ [405.949.298-14] Eike Matheus Campanini
eike.campanini@fai.ufscar.br
Assinou Eletrônico em: 23/03/2026 08:31:24 (BRT/UTC-3)
- ✓ [360.063.238-85] Luan Ariel de Oliveira
luan.oliveira@fai.ufscar.br
Assinou Eletrônico em: 23/03/2026 08:32:58 (BRT/UTC-3)
- ✓ [055.131.684-56] Caio Cesar De Melo Freire
caiofreire@ufscar.br
Assinou Eletrônico em: 27/03/2026 11:00:08 (BRT/UTC-3)
- ✓ [020.111.718-57] Targino de Araújo Filho
targino.araujo@fai.ufscar.br
Assinou Eletrônico em: 30/03/2026 16:12:36 (BRT/UTC-3)

Eventos

19/03/2026 14:54:01 [403.907.278-22] CAMILA CAROZELLI DE AZEVEDO **publicou**.

[] MARIA ANGELA COELHO DE MELLO **não visualizou**.

[375.779.688-89] Juliana Nayara Aguiar dos Santos **não visualizou**.

19/03/2026 14:54:08 [403.907.278-22] CAMILA CAROZELLI DE AZEVEDO **visualizou**.

[218.243.888-29] Marcio Henrique Okusu **não visualizou**.

19/03/2026 15:55:27 [265.616.338-22] Juliana Visioli Canto (IP: 181.77.81.235) **autorizou** o processo de assinatura. Visualizou em 19/03/2026 15:55:29.

20/03/2026 18:04:18 [218.555.388-73] Marcelo Ferro Garzon (IP: 179.241.19.131) **autorizou** o processo de assinatura. Não visualizou.

20/03/2026 18:33:48 [214.458.668-38] Ana Beatriz de oliveira (IP: 201.13.182.178) **assinou**. Visualizou em 20/03/2026 18:33:43.

23/03/2026 08:31:24 [405.949.298-14] Eike Matheus Campanini (IP: 200.136.209.245) **assinou**. Visualizou em 23/03/2026 08:30:49.

23/03/2026 08:32:58 [360.063.238-85] Luan Ariel de Oliveira (IP: 200.136.209.245) **assinou**. Visualizou em 23/03/2026 08:32:35.

27/03/2026 11:00:08 [055.131.684-56] Caio Cesar De Melo Freire (IP: 200.136.192.242) **assinou**. Visualizou em 27/03/2026 11:12:30.

30/03/2026 16:12:36 [020.111.718-57] Targino de Araújo Filho (IP: 177.34.169.159) **assinou**. Visualizou em 30/03/2026 16:12:30.