

LINGUAGENS DE PROGRAMAÇÃO EM BIOINFORMÁTICA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: Alexandre Paschoal / Danilo Sanches

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Linguagem e lógica de programação. Principais linguagens de programação em uso na Bioinformática. Estudo das principais estruturas de dados para armazenamento e manipulação de informação. Estilos de programação, técnicas para refinamento e depuração de procedimentos. Estruturas de controle e recursividade. Tipos abstratos de dados: listas, pilhas, filas. Representação e manipulação de dados: tabelas, listas, árvores, grafos. Arquivos. Técnicas para ordenação e pesquisa. Ao final da disciplina é esperado que o aluno conheça os fundamentos de ao menos uma linguagem compilada (e.g. C++), ao menos uma linguagem interpretada (e.g. Python), e ao menos uma linguagem de amplo uso em bioinformática e estatística (e.g. R, MATLAB).

BIBLIOGRAFIA

WIRTH, N. **Algoritmos e estruturas de dados**. Rio de Janeiro: Editora LTC, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

DEITEL, H. M. **C++: como programar**. 5.ed. São Paulo: Prentice Hall, 2006.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

LUTZ, M. **Programming Python**. 3rd ed. Sebastopol: O'Reilly Media, 2006.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

VENABLES, W. N.; SMITH D.M. **An introduction to R**. E-Book: R Core Team, 2016.

Disponível em: <<http://cran.r-project.org/manuals.html>>. Acesso em: Maio de 2019.

[Disponível Web].

GILAT, A. **MATLAB: an introduction with applications**. 3.ed. Hoboken: Wiley, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

RUBINSTEIN, A.; CHOR, B. Computational thinking in life science education. *PLoS Comput Biology*, 10(11): e1003897, 2014. doi: 10.1371/journal.pcbi.1003897.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

BANCO DE DADOS EM BIOINFORMÁTICA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: Danilo Sanches / Alexandre Paschoal

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Tecnologias de banco de dados. Dados e bancos de dados biológicos. Modelagem conceitual, lógica e física de bancos de dados. Projeto, construção e administração de banco de dados em bioinformática. Linguagem SQL. Bancos de dados biológicos (e.g. GenBank, UniProt e PDB).

BIBLIOGRAFIA

DATE. C. J. **Introdução a sistemas de bancos de dados**. Rio de Janeiro: Campus, 2004.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

ELMASRI, R.; NAVATHE, S.B. **Sistemas de banco de dados**. São Paulo: Pearson, 2011.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

HEUSER, C. A. **Projeto de banco de dados**. Porto Alegre: Bookman, 2009.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

SILBERSCHATZ, A.; KORTH, H.F.; SUDARSHAN, S. **Sistemas de banco de dados**. Rio de Janeiro: Elsevier, 2012.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

BENSON D.A.; CLARK K.; KARSCH-MIZRACHI I.; LIPMAN D.J.; OSTELL J.; SAYERS E.W. GenBank. **Nucleic Acids Research**, 42:D32-D37, 2014. doi: 10.1093/nar/gkt1030.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

UNIPROT CONSORTIUM. UniProt: a worldwide hub of protein knowledge. **Nucleic Acids Research**, 47(D1):D506–D515, 2018. doi: 10.1093/nar/gky1049.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

TOUW, W. G.; BAAKMAN, C.; BLACK, J.; TE BEEK, T. A.; KRIEGER, E.; JOOSTEN, R. P.; VRIEND, G. A series of PDB-related databanks for everyday needs. **Nucleic Acids Research**, 43:D364–D368, 2014. doi:10.1093/nar/gku1028.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

MINERAÇÃO DE DADOS EM BIOINFORMÁTICA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: Priscila Tiemi Maeda Saito / Roberto Tadeu Raittz

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Conceitos e tarefas de mineração de dados. Formas de representação de conhecimento. Pré-processamento e transformação de dados. Métodos algorítmicos: regras de classificação e associação, árvores de decisão, agrupamentos e seleção de atributos. Estudo e aplicações com dados biológicos.

BIBLIOGRAFIA

WITTEN, I.H., FRANK, E. e HALL, M.A. **Data mining: practical machine learning tools and techniques**. Burlington: Morgan Kaufmann, 2011.

[Disponível Biblioteca UTFPR-CP].

WANG, J.T.L.; ZAKI, M.J.; TOIVONEN, H.; SHASHA, D. **DATA mining in bioinformatics**. London: Springer, 2005.

[Disponível Biblioteca UFPR].

RAJARAMAN, A.; ULLMAN, J.D. **Mining of massive datasets**. Cambridge: Cambridge University Press, 2014. Disponível em: <<http://www.mmds.org/>>. Acesso em: Maio de 2019.

[Disponível Web].

NICHIO B.T.L.; MARCHAUKOSKI J.N.; RAITTZ R.T. New tools in orthology analysis: a brief review of promising perspectives. **Frontiers in Genetics**. 8:165, 2017. doi: 10.3389/fgene.2017.00165.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

BRESSAN R.S.; CAMARGO G.; BUGATTI P.H.; SAITO P.T.M. Exploring active learning based on representativeness and uncertainty for biomedical data classification. **IEEE**

Journal of Biomedical and Health Informatics, [ahead of print], 2018. doi: 10.1109/JBHI.2018.2881155.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

MÉTODOS ESTATÍSTICOS AVANÇADOS EM BIOINFORMÁTICA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: Mauro Castro / André Kashiwabara

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Métodos estatísticos comumente utilizados em bioinformática e que demandam computação intensiva, entre eles: técnicas de permutação e reamostragem; estratégias para detecção de genes múltiplos; identificação de fontes de variação e vieses em dados genômicos; teste de hipóteses múltiplas; nível de significância e correção para testes múltiplos; análise integrativa de dados; estabilidade de grupos; análise de enriquecimento e teste hipergeométrico. Métodos para inferência de motivos de ligação. Análise de ligação diferencial. Informação mútua e conceitos relacionados.

BIBLIOGRAFIA

BRAUN, J. **A first course in statistical programming with R**. New York: Cambridge University Press, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

HUSSON, F.; LE. S.; PAGES, J. **Exploratory multivariate analysis by example using R**. Boca Raton: Chapman and Hall/CRC Press, 2010.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

LU, H.H.; SCHÖLKOPF, B.; ZHAO, H. **Handbook of statistical bioinformatics**. Germany, Europe: Springer, 2011.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

MOORE, D. **Applied survival analysis using R**. Switzerland: Springer International Publishing, 2016.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

BIOCONDUCTOR CORE TEAM. **High-throughput genomic data workflows**. Disponível em: <<https://www.bioconductor.org/packages/release/workflows/>> Acesso em: Maio de 2019.

[Disponível Web].

GROENEVELD, C.S.; CHAGAS, V.S.; JONES, S.J.M.; ROBERTSON, A.G.; PONDER, B.A.J.; MEYER, K.B.; CASTRO, M.A.A. RTNsurvival: An R/Bioconductor package for regulatory network survival analysis. *Bioinformatics*, [ahead of print], 2019. doi: 10.1093/bioinformatics/btz229.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: Roberto Tadeu Raittz / Priscila Tiemi Maeda Saito

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Técnicas de inteligência aplicadas à resolução de problemas em bioinformática. Arquiteturas de agentes inteligentes. Métodos de busca heurística. Métodos de busca local. Lógica clássica e não clássica. Problema da incerteza: origens, manifestação, tipos. Aprendizagem de máquina. Redes neurais. Lógica difusa. Conjuntos difusos. Descoberta e reconhecimento de padrões. Sistemas especialistas. Algoritmos genéticos.

BIBLIOGRAFIA

ALPAYDIN, E. **Introduction to machine learning**. Massachusetts: MIT Press, 2010.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

BISHOP, C. M. **Pattern recognition and machine learning**. New York: Springer, 2006.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

RUSSEL, S.; NORVIG, P. **Artificial Intelligence: a modern approach**. Harlow, Essex: Pearson, 2014.

[Disponível Biblioteca UTFPR-CP].

FORBELLONE, A.L.V.; EBERSPACHER, H.F. **Lógica de Programação: a construção de algoritmos e estruturas de dados**. São Paulo: Pearson Prentice Hall, 2006.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

MARTINEZ W.L.; MARTINEZ, A.R.; SOLKA, J.L. **Exploratory data analysis with MATLAB**. New York: CRC Press, 2018.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

PIRO, V.C.; FAORO, H.; WEISS, V.A.; STEFFENS, B.B.R.; PEDROSA, F.O.; SOUZA, E.M.; RAITTZ, R.T. FGAP: an automated gap closing tool. **BMC Research Notes**, 7:371, 2014.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática e IA acessados através do Portal Periódicos CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato *Open Access* (OA), tais como: *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, entre outros.

BIOLOGIA COMPUTACIONAL

LINHA DE PESQUISA: Biologia Computacional

DOCENTES: André Y. Kashiwabara / Fabio Passetti

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Modelos probabilísticos para análise de sequências e preditores de genes. Algoritmos de programação dinâmica. Alinhamento local. Alinhamento global. Alinhamento múltiplo de sequências. Estudo de algoritmos de aprendizado de máquina na biologia computacional, combinando teoria com prática. Técnicas e avanços no campo da biologia computacional, analisando conjuntos de dados biológicos gerados por tecnologias de alto rendimento.

BIBLIOGRAFIA

DURBIN, R.; EDDY, S.; KROGH, A.; MITCHSON, G. **Biological Sequence analysis: Probabilistic models of proteins and nucleic acids**. Cambridge: Cambridge University Press, 1998.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

MOUNT, D. W. **Bioinformatics: sequence and genome analysis**. New York: Cold Spring Laboratory Press, 2004.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

BORODOVSKY, M.; EKISHEVA, S. **Problems and solutions in biological sequence analysis**. Cambridge: Cambridge University Press, 2006.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

CALDONAZZO, G.J.M.; KASHIWABARA, A.Y.; SANCHES, D.S. Sequence motif finder using memetic algorithm. **BMC Bioinformatics**. 19(1):4, 2018. doi: 10.1186/s12859-017-2005-1.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

ANTUNES, D.; JORGE, N.A.N.; CAFFARENA, E.R.; PASSETTI, F. Using RNA sequence and structure for the prediction of riboswitch aptamer: a comprehensive review of available software and tools. **Frontiers in Genetics**, 8:231, 2018. doi: 10.3389/fgene.2017.00231.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados em bioinformática acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

BIOLOGIA DE SISTEMAS

LINHA DE PESQUISA: Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Fabrício Lopes / Mauro Castro

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Estudo de modernas abordagens de biologia sistemas voltadas à análise de dados biológicos multidimensionais. Técnicas de reconstrução e análise de redes regulatórias em biologia molecular, genética, biologia celular e do desenvolvimento. Análise de conjuntos de dados globalmente coerentes, envolvem pelo menos três níveis de informação, tais como: variabilidade genética, expressão gênica e um fenótipo de interesse. O objetivo geral da disciplina será compreender como diferentes camadas de informação estão conectadas, e quais métodos estatísticos podem fornecer uma visão sistêmica de problemas biológicos.

BIBLIOGRAFIA

ALON, U. **An introduction to systems biology: design principles of biological circuits**. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2007.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

BARTOCCI E.; LIÓ P. Computational modeling, formal analysis, and tools for systems biology. **PLOS Computational Biology**, 12(1):e1004591, 2016. doi: 10.1371/journal.pcbi.1004591.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

HILLMER, R.A. Systems biology for biologists. **PLoS Pathogens**, 11(5):e1004786, 2015. doi: 10.1371/journal.ppat.1004786.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

ITO, E.A.; KATAHIRA, I.; VICENTE, F.F.D.R.; PEREIRA, L.F.P.; LOPES F.M. BASiNET-BiologicAl Sequences NETwork: a case study on coding and non-coding RNAs identification. **Nucleic Acids Research**. 46(16):e96, 2018. doi: 10.1093/nar/gky462.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

CASTRO, M.A.; DE SANTIAGO, I.; CAMPBELL, T.M.; VAUGHN, C.; HICKEY, T.E.; ROSS, E.; TILLEY, W.D.; MARKOWETZ, F.; PONDER, B.A.; MEYER, K.B. Regulators of genetic

risk of breast cancer identified by integrative network analysis. *Nature Genetics*, 48(1):12-21, 2016. doi: 10.1038/ng.3458.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados biologia de sistemas acessados através do Portal Periódicos CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: BMC Systems Biology, Molecular Systems Biology, entre outros.

BIOLOGIA MOLECULAR AVANÇADA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Maria Berenice Steffens / Emanuel Maltempi de Souza

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Técnicas atuais comumente usadas para pesquisa em biologia molecular e celular, incluindo estratégias de silenciamento da expressão gênica, estudo de interações proteína-proteína e proteína-RNA. Modalidades mais importantes de regulação transcricional em eucariotos superiores. Mecanismos de geração alternativa de transcritos, incluindo RNAs não-codificantes e funções associadas. Mecanismos de regulação global da expressão gênica pós-transcricional. Princípios de redes de regulação gênica e o envolvimento dessas redes na disfunção transcricional. Métodos em genômica e transcriptômica, incluindo técnicas de edição, sequenciamento e análise de célula única. Será dada ênfase ao estudo de métodos de biologia molecular que geram dados que demandam análise de bioinformática.

BIBLIOGRAFIA

ALBERTS, B. **Biologia molecular da célula**. Porto Alegre: ArtMed, 2017.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

LEWIN, B. **Genes IX**. Porto Alegre: Artmed, 2009.

[Disponível Biblioteca UFPR].

KEITH, J.M. **Bioinformatics. Volume I: Data, Sequence Analysis, and Evolution**. Series: Methods in Molecular Biology, v1525. New York: Humana Press, 2017. doi: 10.1007/978-1-4939-6622-6.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

MOLLA K.A.; YANG, Y. CRISPR/Cas-Mediated Base Editing: Technical Considerations and Practical Applications. *Trends in Biotechnology*, S0167-7799(19)30053-8, 2019. doi:10.1016/j.tibtech.2019.03.008

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

BAYEGA, A.; FAHIMINIYA, S.; OIKONOMOPOULOS, S.; RAGOSSIS J. Current and Future Methods for mRNA Analysis: A Drive Toward Single Molecule Sequencing. *Methods in Molecular Biology*, 1783:209-241, 2018. doi: 10.1007/978-1-4939-7834-2_11

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Periódicos e sites especializados biologia molecular acessados através do Portal Periódicos CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Science, Nature, Cell, Journal of Molecular Biology, entre outros.

GENÉTICA MOLECULAR AVANÇADA

LINHA DE PESQUISA: Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Francismar Marcelino-Guimaraes

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Estudo dos mecanismos moleculares de ação gênica em procariotos e eucariotos. Tópicos avançados incluirão exemplos de estrutura de ácidos nucléicos, estrutura e variabilidade do genoma, da cromatina e dos nucleossomos. Será enfatizado o estudo experimental e o uso de organismos modelo para pesquisas em genética molecular, integrando métodos clássicos e modernos de análise genética. Estudos dos mecanismos de regulação gênica e novas abordagens e tendências em genética molecular e suas aplicações. Princípios, tecnologias e abordagens em genômica e epigenômica, explorando como a genética molecular está transformando nossa compreensão de processos biológicos.

BIBLIOGRAFIA

ALBERTS, B. **Biologia molecular da célula**. Porto Alegre: ArtMed, 2017.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

GRIFFITHS, A.J.F.; WESSLER, S.R.; CARROLL, S.B.; DOEBLEY, J. **Introdução à Genética**. Rio de Janeiro: Guanabara-Koogan, 2013.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

ACQUAAH, G. **Principles of Plant Genetics and Breeding**. : Blackwell Publishing, 2012.

[Disponível Biblioteca UTFPR-CP].

SLATER, A.; SCOTT, N.W.; FOWLER, M.R. **Plant Biotechnology: The Genetic Manipulation of Plants**. Oxford: Oxford University Press, 2008.

[Disponível Biblioteca UTFPR-CP].

Periódicos e sites especializados genética molecular acessados através do Portal Periódicos CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Nature Genetics, PLOS Genetics, entre outros.

EVOLUÇÃO E FILOGENIA MOLECULAR

LINHA DE PESQUISA: Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Helisson Faoro / Leonardo Cruz

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Reconstrução de filogenias moleculares. Métodos baseados em matrizes de distâncias e modelos de substituição. Algoritmos de construção de árvores. Método da máxima verossimilhança. Estatísticas associadas à construção de árvores. Programas mais utilizados na construção de árvores. Evolução de genes. Evolução por duplicação gênica. Elementos transponíveis. Evolução de famílias gênicas. Expressão gênica e evolução. Origem de novos genes e "exon shuffling". Evolução de genomas e genômica comparativa.

BIBLIOGRAFIA

HALL, B.G. **Phylogenetic trees made easy: A How To Manual**. Sunderland: Sinauer Associates, 2004.

[Disponível Biblioteca UFPR].

MATIOLI, S. R. **Biologia molecular e evolução**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2012.

[Disponível Biblioteca UFPR].

SCHNEIDER, H. **Métodos de análise filogenética: um guia prático**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2007.

[Disponível Biblioteca UFPR].

LESK, A.M. **Introdução à Bioinformática**. Porto Alegre: Artmed, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

KEITH, J.M. **Bioinformatics. Volume I: Data, Sequence Analysis, and Evolution**. Series: Methods in Molecular Biology, v1525. New York: Humana Press, 2017. doi: 10.1007/978-1-4939-6622-6.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

LOPES, H.S.; CRUZ, L.M. **Computational biology and applied bioinformatics**. E-book: InTech, 2011. Disponível em <www.intechopen.com/books/computational-biology-and-applied-bioinformatics>. Acesso em: Maio de 2019.

[Disponível Web].

Periódicos e sites especializados evolução e filogenia molecular acessados através do Portal Periódicos CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Molecular Biology and Evolution, Genome Biology and Evolution, entre outros.

CIÊNCIAS ÔMICAS

LINHA DE PESQUISA: Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Leonardo Cruz / Francismar Marcelino–Guimarães

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Estudo do genoma, transcriptoma e proteoma. Estrutura dos genomas de eucariotos e procariotos. Sequenciamento e análise de genomas de procariotos e eucariotos. Metagenômica e métodos para comparação de genomas. Métodos para detecção de variantes genéticas. Técnicas de detecção e sequencialmente de transcritos. Anotação gênica e análise de expressão diferencial de transcritos. RNAs não codificadores e de interferência. Metodologias de sequenciamento de proteínas, expressão diferencial e comparação de proteomas. Técnicas de clonagem e construção de bibliotecas. Evolução das técnicas de sequenciamento. Construção e utilização de mapas físicos. Análise de transcriptoma em larga escala. Identificação de proteínas por espectrometria de massa. Metabolômica. Análise de exomas.

BIBLIOGRAFIA

ALBERTS, B. **Biologia molecular da célula**. Porto Alegre: ArtMed, 2017.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

LEWIN, B. **Genes IX**. Porto Alegre: Artmed, 2009.

[Disponível Biblioteca UFPR].

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.F.; MANIATIS, T. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**. New York: Cold Spring Harbour Press, 2012.

[Disponível Biblioteca UFPR].

MCLENNAN, A.; BATES, A.D.; TURNER, P.; WHITE, M.R.H. **Instant Notes in Molecular Biology**. Abingdon: Taylor and Francis, 2012.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP].

MADSEN, E. L. **Environmental microbiology: from genomes to biogeochemistry**. Malden: Wiley-Blackwell, 2008.

[Disponível Biblioteca UFPR].

WATSON J.D.; BAKER, T.A., BELL S.P. **Biologia Molecular do Gene**. Porto Alegre: Artmed, 2015.

[Disponível Biblioteca UTFPR-CP].

Periódicos e sites especializados em ciências ômicas acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como Cell, Nature Biotechnology, Genome Research, entre outros.

SEMINÁRIOS EM BIOINFORMÁTICA

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 30 horas / 02 créditos

EMENTA

Apresentação de seminários e projetos de pesquisa dos alunos. Espaço para palestras de interesse da comunidade de Bioinformática, apresentadas por pesquisadores convidados e membros do programa, incluindo projetos e estudos desenvolvidos por discentes. Visa estimular o discente a acompanhar pesquisas relacionadas à Bioinformática em curso no país e no mundo, promovendo o debate e a troca de experiências sobre os temas apresentados. Sempre que houver oportunidade, será incentivado apresentação no idioma Inglês.

BIBLIOGRAFIA

BOURNE P.E. Ten simple rules for making good oral presentations. *PLOS Computational Biology*, 3(4): e77, 2007. doi: 10.1371/journal.pcbi.0030077.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

MARSHALL, P.A. Review of: iBioSeminars and iBioMagazine. *Journal of Microbiology & Biology Education*. 14:2 285-286, 2013, doi:10.1128/jmbe.v14i2.657.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

SEARLS DB. A new online computational biology curriculum. *PLOS Computational Biology*. 10(6):e1003662, 2014. doi: 10.1371/journal.pcbi.1003662.

[Disponível no Portal de Periódicos da CAPES].

Artigos e livros indicados pelos palestrantes referentes aos tópicos apresentados.

TÓPICOS EMERGENTES EM BIOINFORMÁTICA I

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 15 horas / 01 créditos

EMENTA

Exploração de conceitos inovadores na área da Bioinformática.

BIBLIOGRAFIA

Artigos científicos em periódicos especializados pertinentes aos assuntos e problemas tratados na disciplina, acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

TÓPICOS EMERGENTES EM BIOINFORMÁTICA II

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 30 horas / 02 créditos

EMENTA

Oficinas sobre novas metodologias e técnicas de bioinformática.

BIBLIOGRAFIA

Artigos científicos em periódicos especializados pertinentes aos assuntos e problemas tratados na disciplina, acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

TÓPICOS EMERGENTES EM BIOINFORMÁTICA III

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 45 horas / 03 créditos

EMENTA

Oficinas sobre novas metodologias e técnicas de bioinformática.

BIBLIOGRAFIA

Artigos científicos em periódicos especializados pertinentes aos assuntos e problemas tratados na disciplina, acessados através do Portal de Periódicos da CAPES <www.periodicos.capes.gov.br> ou formato Open Access (OA), tais como: Bioinformatics, PLOS Computational Biology, entre outros.

PRÁTICA DE DOCÊNCIA EM BIOINFORMÁTICA I

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 30 horas / 02 créditos

EMENTA

Vivência e treinamento didático em disciplinas correlatas à área de bioinformática. O aluno irá assistir aulas teóricas e/ou práticas em disciplinas correlatas à área de bioinformática, ministrar aulas teóricas e/ou práticas sob a supervisão de professor responsável e participar de avaliação parcial de conteúdos programáticos, bem como praticar métodos e técnicas pedagógicas tais como seminários e estudos dirigidos.

BIBLIOGRAFIA

FARIAS, I.M. Didática e docência: aprendendo a profissão. Brasília, DF: Liber Livro, 2011.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

FRANCO, M.A.R.S. Docência em Formação - Pedagogia e Prática Docente. 1a ed. São Paulo: Editora Cortes, 2012.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

RISTOFF, D.I. Formação de professores para educação profissional e tecnológica. Brasília: INEP, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

Periódicos, livros didáticos e demais materiais pertinentes à disciplina, acessados em sites como: <www.periodicos.capes.gov.br>, <www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> e <www.bireme.br> e <www.scielo.org>

PRÁTICA DE DOCÊNCIA EM BIOINFORMÁTICA II

LINHAS DE PESQUISA: Biologia Computacional / Biologia Estrutural e Funcional

DOCENTES: Todos docentes estão aptos a ministrar a disciplina

CARGA HORÁRIA: 30 horas / 02 créditos

EMENTA

Seguimento ao treinamento didático em disciplinas correlatas à área de bioinformática, visando fixação e refinamento de práticas, métodos e técnicas pedagógicas.

BIBLIOGRAFIA

FARIAS, I.M. Didática e docência: aprendendo a profissão. Brasília, DF: Liber Livro, 2011.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

FRANCO, M.A.R.S. Docência em Formação - Pedagogia e Prática Docente. 1a ed. São Paulo: Editora Cortes, 2012.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

RISTOFF, D.I. Formação de professores para educação profissional e tecnológica. Brasília: INEP, 2008.

[Disponível Bibliotecas UFPR e UTFPR-CP]

Periódicos, livros didáticos e demais materiais pertinentes à disciplina, acessados em sites como: <www.periodicos.capes.gov.br>, <www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> e <www.bireme.br> e <www.scielo.org>