



PROJETO PEDAGÓGICO DE CURSO
Pós-Graduação *Lato Sensu*
Ciência de Dados em Saúde

Sumário

1. Nome do Curso e Área do Conhecimento	3
2. Características Técnicas do Curso	3
3. Público-alvo	3
4. Critérios de Seleção	4
5. Justificativa do Curso	4
6. Objetivos do Curso	4
7. Competências e Habilidades do Egresso	5
8. Metodologia de Ensino e Aprendizagem	6
9. Estágio Não Obrigatório	9
10. Matriz Curricular	10
11. Carga Horária	10
12. Conteúdo programático	11
13. Infraestrutura Física e Pedagógica	31

1. Nome do Curso e Área do Conhecimento

Nome do curso: Ciência de Dados em Saúde

Área de Avaliação (CAPES): INTERDISCIPLINAR

Grande Área (CAPES): MULTIDISCIPLINAR

Área do Conhecimento (CAPES): INTERDISCIPLINAR

Classificação OCDE: Computação e Tecnologias da Informação e Comunicação (TIC)

2. Características Técnicas do Curso

Modalidade: Educação a Distância

Número máximo de vagas por Polo/Unidade: 1000 alunos

Período de Oferecimento: O curso possui entrada intermitente, respeitadas as datas de início e de fim cadastradas na oferta, bem como observado o período indicado para a sua integralização.

Limitações legais

Resolução CNE/CES Nº 1, de 06 de abril de 2018, que estabelece normas para o funcionamento de cursos de pós-graduação lato sensu.

O candidato deverá ser graduado com diploma devidamente registrado segundo as normas estabelecidas pelo MEC.

3. Público-alvo

O curso é voltado para profissionais que buscam compreender como a medicina está sendo moldada por meio do uso de dados visando um tratamento cada vez mais individualizado. Especificamente, o curso é

destinado aos profissionais da saúde e das áreas de ciências exatas e afins que desejam uma especialização em ciência de dados com foco em aplicações na medicina personalizada.

4. Critérios de Seleção

O ingresso na pós-graduação será realizado por meio de inscrição no portal da Instituição e entrega dos documentos solicitados. Em seguida, analisados pela área competente.

5. Justificativa do Curso

A área da saúde está passando por uma revolução impulsionada pela capacidade de geração de um grande volume de dados a partir das diversas tecnologias digitais. Por outro lado, para atingir o objetivo de transformar esses dados em informações úteis e acionáveis que contribuirão para a medicina de precisão, os profissionais precisam aprender como maximizar as decisões médicas a partir da análise de características individuais dos pacientes, incluindo clínicas, comportamentais e a partir de biomarcadores moleculares.

6. Objetivos do Curso

6.1. Objetivo Geral

- Entender como a convergência do uso de dados e tecnologias analíticas modernas auxiliam no avanço do tratamento individualizado e pesquisa translacional.

6.2. Objetivos Específicos

- Introduzir os fundamentos teóricos e práticos necessários à análise de dados complexos;
- Fundamentar os bases moleculares do indivíduo e suas relações com as doenças;
- Apresentar os aspectos gerais das principais tecnologias responsáveis pela geração de dados na medicina;
- Explorar exemplos do uso e análise de dados em oncologia de precisão;

7. Competências e Habilidades do Egresso

Competências

Contribuir para uma compreensão sólida dos determinantes moleculares associados a doenças, com foco nas neoplásicas. Capacitar o aluno a reconhecer e implementar as melhores práticas no uso de dados na prática da medicina moderna. Identificar as tecnologias analíticas atuais e emergentes, capazes de suportar o apoio à tomada de decisão em processos complexos durante a jornada de tratamento do paciente. Consolidar os conceitos aprendidos por meio a resolução de problemas práticos obtidos a partir de dados experimentais e do mundo real.

Habilidades

- Interpretar resultados gerados pelas plataformas de sequenciamento de dados genéticos e outras fontes de dados;
- Estabelecer e propor boas práticas durante o desenvolvimento de sistemas baseados em inteligência artificial e outras técnicas analíticas modernas;
- Avaliar a jornada do paciente de maneira integrada a fim de modelar soluções orientadas por dados no ambiente clínico e na pesquisa translacional.

- Compreender como boas práticas de pesquisa científica contribuem e são traduzidas para aplicações clínicas;

8. Metodologia de Ensino e Aprendizagem

O desenvolvimento das disciplinas do curso se dará no ambiente virtual, onde o aluno cumprirá 40 horas por disciplina.

Estas 40 horas são compostas pelo estudo dos diversos insumos pedagógicos disponibilizados, como:

- ✓ materiais de leitura;
- ✓ videoaulas;
- ✓ slides;
- ✓ podcasts;
- ✓ indicações de leituras extras como artigos e capítulos de livros.

Como parte do modelo acadêmico, também contabilizamos:

- ✓ a interação com os tutores para esclarecimentos de dúvidas pedagógicas (via Fórum);
- ✓ a realização da avaliação disciplinar pelo aluno.

Vale ressaltar que cada aluno é único e tem seu próprio tempo para aprendizagem. Alguns conseguem assimilar o conteúdo com mais agilidade, outros precisam retomar as leituras e videoaulas para tornar sua aprendizagem efetiva.

O tempo gasto pelo aluno para o entendimento de cada disciplina depende também da sua familiaridade com o tema, ou seja, o conhecimento prévio que o aluno tem em relação a temática abordada.

No ambiente virtual, o aluno encontrará o conteúdo das disciplinas, organizados em temas/webaulas.

Para cada um deles, o aluno realizará um conjunto de atividades baseadas em leitura de textos de fundamentação teórica e acesso a recursos audiovisuais.

Um tutor apoiará as atividades realizadas no ambiente virtual, atendendo o aluno nas suas dúvidas por meio de ferramentas de comunicação.

O aluno, ao iniciar os seus estudos, terá um encontro presencial para acolhida/ambientação; esse encontro terá como objetivos:

- ✓ Integrar o aluno ao curso de Pós-Graduação.
- ✓ Dialogar e esclarecer as dúvidas sobre a proposta pedagógica do curso e as regras acadêmicas.
- ✓ Apresentar ao aluno o Ambiente Virtual de Aprendizagem (o primeiro acesso; o envio de documentos; os serviços de secretaria e financeiro; a disciplina Ambientação; a tutoria online; o boletim acadêmico; as disciplinas e seus conteúdos; a biblioteca virtual; entre outros).
- ✓ Proporcionar um momento de Network aos pós-graduandos.

Avaliação do Desempenho do Aluno

O aluno deverá realizar as atividades propostas no ambiente virtual. A realização das atividades irá compor sua frequência no curso, que será considerada para a sua aprovação.

A atividade avaliativa que o aluno realizará para compor a sua média é a Avaliação Virtual (AV); essa atividade é obrigatória e estará disponível no Ambiente Virtual de Aprendizagem – AVA, conforme cronograma de seu curso.

Para a aprovação em cada uma das disciplinas, o aluno deverá obter frequência de, no mínimo, 75% (setenta e cinco por cento) e nota igual ou superior a 7,0 (sete).

As notas devem ser expressas no intervalo de 0 (zero) a 10 (dez).

O aluno que obtiver média inferior a 7,0 (sete) nas disciplinas terá direito ao Programa de Dependência e Recuperação – PDR, mediante a solicitação de requerimento e respeitando o período de jubramento do curso.

O PDR será realizado no ambiente virtual de aprendizagem, sendo que o aluno terá acesso ao conteúdo da disciplina e realizará uma Avaliação Virtual - AV, e a nota obtida substituirá a média do aluno.

Para a obtenção do **Certificado** de Pós-graduação *Lato Sensu* – especialização, o aluno deverá cumprir todas condições seguintes:

- ✓ Frequência mínima de 75% (setenta e cinco por cento) em todas as disciplinas;
- ✓ Nota igual ou superior a 7,0 (sete) em todas as disciplinas.

Certificação

O Certificado de conclusão de curso de Especialização será acompanhado por histórico escolar, em cumprimento às exigências da Resolução CNE/CES nº1, de 06 de abril de 2018, da Câmara de Educação Superior do Conselho Nacional de Educação.

Composição do Corpo Docente

O corpo docente do curso é constituído por profissionais qualificados, com comprovado saber em sua área de atuação, conforme Resolução CNE/CES nº1, de 06 de abril de 2018, sendo integrado, no mínimo, por 30% (trinta por cento) de portadores de título de pós-graduação *stricto sensu*, isto é, portadores de títulos de Mestrado e Doutorado, obtidos em programas de pós-graduação *stricto sensu* devidamente reconhecidos pelo poder público em território nacional, ou revalidados, conforme legislação vigente. Os demais docentes são certificados em nível de especialização, pós-graduação *lato sensu*, de reconhecida capacidade técnico-profissional.

9. Estágio Não Obrigatório

O estágio curricular não obrigatório tem como finalidade estimular o aluno a desenvolver atividades extracurriculares, para que possa inter-relacionar os conhecimentos teóricos e práticos adquiridos durante o curso e aplicá-los na solução de problemas reais da profissão, proporcionando o desenvolvimento da análise crítica e reflexiva para os problemas socioeconômicos do país, de acordo com a Resolução de Estágio curricular não obrigatório vigente na Instituição.

Os principais objetivos da prática do estágio curricular não obrigatório são:

- I. proporcionar o exercício do aprendizado comprometido com a realidade socioeconômica-política do país;
- II. propiciar a realização de experiências de ensino e aprendizagem visando à educação profissional continuada, alicerçada no desenvolvimento de competências e habilidades e ao exercício do pensamento reflexivo e criativo; e
- II. incentivar o trabalho de pesquisa e investigação científica, visando ao desenvolvimento da ciência, da tecnologia e da cultura.

A carga horária é definida pela concedente de estágio, não podendo ultrapassar a carga horária máxima de 6 (seis) horas diárias e 30 (trinta) horas semanais, as quais podem ser realizadas em empresas públicas ou privadas, instituição de pesquisa, órgãos governamentais e não governamentais, e as próprias unidades da Universidade, desde que sigam às condições adequadas para que o estagiário possa aprofundar os seus conhecimentos teóricos e práticos adquiridos no curso.

Para o Curso de Pós-Graduação EAD, a prática do estágio curricular não obrigatório é permitida durante a vigência do curso, não podendo exceder em um mesmo campo de estágio o período de 2 (dois) anos.

Os estágios curriculares não obrigatórios devem estar apoiados em Termo de Compromisso e de comum acordo com a Instituição, devendo explicitar não somente os aspectos legais específicos, como também os aspectos educacionais e de compromisso com a realidade social.

O Planejamento do Estágio Curricular Não Obrigatório é de responsabilidade do coordenador de curso/professor orientador e também do Departamento de Estágios.

10. Matriz Curricular

DISCIPLINAS	CH PRÁTICA	CH TEÓRICA
Ambientação	0 h	0 h
Ambiente de desenvolvimento e análise	0 h	10h
Fundamentos de programação	0 h	50h
Tópicos em estatística	0 h	50h
Inteligência artificial - IA	0 h	50h
Gestão de dados	0 h	10h
Dogmas da biologia molecular	0 h	20h
Mecanismos de origem do câncer	0 h	20h
Tecnologia genômica	0 h	20h
Análise de dados genômicos	0 h	70h
Medicina personalizada	0 h	80h
Registro eletrônico de saúde	0 h	20h

11. Carga Horária

A carga horária de 400 horas constitui o conteúdo ministrado em 11 (onze) disciplinas.

12. | Conteúdo programático

Disciplina: Ambientação

Ementa: Ensino a distância: características desta modalidade de estudo. A tecnologia e o ensino à distância. Legislação do Ensino a Distância no Brasil. Aspectos relacionados ao perfil no Ensino a Distância.

Competências e Habilidades:

- Compreender a modalidade de ensino a distância.
- Identificar uma relação entre tecnologia e educação no contexto do EAD;
- Discutir elementos da legislação do ensino a distância no Brasil;
- Refletir sobre o perfil do aluno em ensino a distância.

Conteúdo Programático 1: Introdução ao Ensino a Distância.

Conteúdo Programático 2: Tecnologia e educação.

Conteúdo Programático 3: Legislação do Ensino a Distância no Brasil.

Conteúdo Programático 4: Perfil do aluno no Ensino a Distância.

Bibliografia básica:

BRASIL. Ministério da Educação. **Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional - Lei n. 9.394/96**. Brasília, 1996. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l9394.htm. Acesso em: 6 dez. 2022.

BRASIL. Ministério da Educação. **Resolução CNE/CP n. 7, de 18 de dezembro de 2018**. Brasília, 2018. Disponível em: https://normativasconselhos.mec.gov.br/normativa/view/CNE_RES_CNECESN72018.pdf. Acesso em: 6 dez. 2022.

GIL, H. A passagem da Web 1.0 para a Web 2.0 e... Web 3.0: potenciais consequências para uma 'humanização' em contexto educativo. 2014. **Boletim informativo Cybercentro Castelo Branco**. Castelo Branco, 2014. Disponível em: <https://repositorio.ipcb.pt/bitstream/10400.11/2404/1/A%20passagem%20da%20Web%20> Henrique.pdf. Acesso em: 6 dez. 2022.

MEYER, A. I. da S. Conceituando a Educação a Distância. **Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação**, v. 8, n. 1, p. 590-601, [s. l.], 2022. Disponível em: <https://periodicorease.pro.br/rease/article/view/3835>. Acesso em: 6 dez. 2022.

VAZ, M. L. de L.; RIBEIRO, F.; COSTA, L. A. da. Os desafios da educação a distância on-line e a remotividade na nova engenharia educacional. **Brazilian Journal of Science**, v. 1, n. 4, p. 79-86. Goiás, 2022. Disponível em: <https://www.brazilianjournalofscience.com.br/revista/article/view/79>. Acesso em: 6 dez. 2022.

VIEIRA, D. M. L.; COSTA, L. A.; VAZ, M. L. L. Um novo olhar para a educação a distância. In: MACHADO, G. E.; COSTA, S. C.; SILVA, K. R. P. **Debates contemporâneos: perspectivas e reflexões atuais**. Santa Maria: Arco, 2021.

Bibliografia Complementar:

BAPTISTA, M. M. Internet: auxílio à educação. **BIBLOS - Revista do Instituto de Ciências Humanas e da Informação**, v. 16, p. 37- 44, [s. l.], 2004. Disponível em: <http://hdl.handle.net/20.500.11959/brapci/23717>. Acesso em: 6 dez. 2022.

MOORE, M.; KEARSLEY, G. **Educação a distância: uma visão integrada**. São Paulo: Thomson Learning, 2007.

MORAN, J. M.; MASETTO, M. T.; BEHRENS, M. A. **Novas tecnologias e mediação pedagógica**. 21. ed. Campinas: Papirus, 2013.

PIVA, D. J.; PUPO, R.; GAMEZ, L. et al. **EAD na prática: planejamento, métodos e ambientes de educação on-line**. São Paulo: Elsevier, 2011.

Disciplina: Ambiente de Desenvolvimento e Análise

Ementa: Criação de ambientes para desenvolvimentos e análises. Configuração de ambiente de trabalho para desenvolvimento de soluções. Introdução ao sistema Linux e sua história. *Software* livre e *Open Source*. Estrutura de diretórios. Comandos úteis. Gerenciador de pacotes. Máquinas virtuais. Subsistema Windows para Linux. Jupyter notebook. Ambiente local e em nuvem. Google Colab.

Competências e Habilidades:

- Conceituar a origem e finalidade do sistema operacional Linux.

- Compreender a filosofia de software livre e open source.
- Manipular recursos no sistema Linux.
- Criar e manter ambiente de desenvolvimento e análise, local ou remoto.

Conteúdo Programático 1: História do Linux e seu funcionamento. Conceito de software livre e Open Source. Estrutura de diretórios (/home, /bin/, etc). Comandos úteis para manipulação de arquivo e processos (ls, cd, cp, pwd, kill, etc). Gerenciador de pacotes para Linux (apt-get). Conceito hypervisor, criação de máquinas virtuais e conceito do WSL2 (subsistema Windows para Linux). Instalação e inicialização de servidores para notebook (jupyter notebook). Criação de ambiente em nuvem para notebook e diferença entre o local e nuvem.

Bibliografia básica:

SIQUEIRA, L. A. Certificação LPI-1. Rio de Janeiro: Alta Books, 2019.

LUNARDI. Comandos Linux - 1. São Paulo: Ciencia Moderna, 2007.

MCKINNEY, W. Python Para Análise de Dados: Tratamento de Dados com Pandas, NumPy e IPython. São Paulo: NOVATEC, 2018.

Bibliografia Complementar:

BARRETT, D. J. Linux Eficiente na Linha de Comando: Aumente Suas Habilidades na Linha de Comando. São Paulo: NOVATEC, 2022.

BARNES, H. Pro Windows Subsystem for Linux (Wsl): Powerful Tools and Practices for Cross-Platform Development and Collaboration. EUA: Apress, 2021.

GRUS, J. Data Science Do Zero: Noções Fundamentais com Python. Rio de Janeiro: Alta Books, 2021.

Disciplina: Fundamentos de programação

Ementa: Ensino e aprendizagem do “pensar” algorítmico e sistêmico fundamental para a modelagem e desenvolvimento de soluções computacionais. Introdução à Lógica de Programação. Conceitos fundamentais. Programação Estruturada. Algoritmos e seus elementos. Fluxograma. Tipos de dados. Variáveis. Operadores. Constantes. Comentários. Expressões. Estrutura sequencial. Seleção simples e múltipla. Repetição contada, com pré-condição e pós condição. Sub-rotinas sem retorno de valor e com retorno de valor. Passagem de parâmetros. Estruturas de dados homogêneas. Estruturas de dados heterogêneas. Grafos. Manipulação de arquivos. Expressões regulares. Depuração de código. Tratamento de exceção.

Competências e Habilidades:

- Introduzir os conceitos básicos de desenvolvimento de algoritmos e lógica de programação.
- Desenvolver no aluno o raciocínio lógico aplicado à solução de problemas em nível computacional.
- Ter visão crítica e sistemática sobre resolução de problemas.
- Compreender os conceitos fundamentais de algoritmos como forma de solução de problemas.
- Desenvolver e modelar algoritmos visando soluções práticas.

Conteúdo Programático 1: Lógica de programação, Estrutura de Dados Básicas. Tipos básicos de dados. Operadores aritméticos, relacionais e lógicos. Comandos básicos de entrada e saída e atribuição.

Conteúdo Programático 2: Conceito de bloco de comandos. Estruturas de controle de fluxo - condicionais (se, se-senão e caso). Estruturas de controle de fluxo - repetições (para, enquanto e repita -enquanto). Funções.

Conteúdo Programático 3: Estruturas de Dados Homogêneas: Vetores e Matrizes. Estruturas de Dados Heterogêneas: Registros. Lista, pilha, fila; Ordenação e busca; Função HASH.

Conteúdo Programático 4: Ciência de dados em Python -- NumPy: arrays, operações básicas, funções universais; Pandas: Series, DataFrames, operações básicas, leitura e escrita de dados; Matplotlib: figuras, títulos, tipos de gráficos, personalização de gráficos. Seaborn.

Conteúdo Programático 5: Ciência de dados em R -- readr: leitura e escrita de dados, formatos de dados, argumentos das funções; dplyr: manipulação de dados, verbos do dplyr, operador %>%; ggplot2: visualização de dados, gramática dos gráficos, tipos de gráficos, personalização de gráficos.

Bibliografia Básica:

SOUZA, Marco. **Algoritmos e lógica de programação:** um texto introdutório para engenharia. São Paulo: Cengage, 2019.

GRUS, J. Data Science Do Zero: Noções Fundamentais com Python. Rio de Janeiro: Alta Books, 2021.

WICKHAM, H. R Para Data Science. Rio de Janeiro: Alta Books, 2019.

SILVA, Flávio. **Lógica para computação.** São Paulo: Cengage, 2017.

XAVIER, Gley. **Lógica de Programação.** São Paulo: Editora Senac SP, 2017.

GUEDES, Sérgio (org). **Lógica de programação algorítmica.** São Paulo: Pearson, 2014.

Bibliografia Complementar:

MEIO, Ana Cristina. **Princípios de linguagem de programação**. São Paulo: Blucher, 2003.

GOLDSTEIN, Laur. **Lógica: conceitos chave em filosofia**. Porto Alegre: Bookman, 2007.

ALVES, William. **Linguagem e lógica de programação**. São Paulo: Érica, 2014.

Disciplina: Tópicos em Estatística

Ementa: Estatística descritiva: Variáveis, medidas de tendência central, medidas de dispersão e visualização gráfica de dados. Fundamentos de probabilidade. Distribuições de probabilidade. Inferência estatística: estimação de parâmetros e testes de hipóteses. Análises univariada e multivariada e regressão linear.

Competências e Habilidades:

- Identificar e compreender os tipos de variáveis.
- Calcular e interpretar medidas de tendência central e dispersão.
- Compreender os conceitos básicos de probabilidade e desenvolver a habilidade utilizar as regras de probabilidade nos contextos adequados.
- Aplicar o Teorema de Bayes e compreender os conceitos de probabilidade condicional e independência.
- Identificar e compreender os tipos de distribuições de probabilidade.
- Compreender o conceito de inferência estatística e aplicar e compreender suas técnicas.
- Realizar análises univariada e multivariada.
- Utilizar regressão linear e interpretar seus resultados.
- Compreender a relação entre os conceitos teóricos da disciplina com aplicações práticas em medicina personalizada.

Conteúdo Programático 1: Estatística descritiva: Introdução à estatística descritiva; Tipos de variáveis; Medidas de tendência central: média, moda, mediana e quartis; Medidas de dispersão: desvio padrão, variância e amplitude; Visualização gráfica dos dados; Exemplos práticos em medicina personalizada.

Conteúdo Programático 2: Fundamentos de probabilidade: Conceitos básicos de probabilidade; Espaço amostral e eventos; Regras de probabilidade: adição e multiplicação; Probabilidade condicional e independência; Teorema de Bayes. Exemplos práticos em medicina personalizada.

Conteúdo Programático 3: Distribuições de probabilidade: Distribuições de probabilidade discretas e contínuas; Distribuição uniforme; Distribuição binomial; Distribuição normal; Exemplos práticos em medicina personalizada.

Conteúdo Programático 4: Inferência estatística: Conceitos básicos de inferência estatística; Estimação de parâmetros: intervalo de confiança e estimadores; Testes de hipóteses: hipóteses nulas e alternativa, nível de significância e valor-p; Tipos de erros e poder do teste. Exemplos práticos em medicina personalizada.

Conteúdo Programático 5: Análises univariada, multivariada e regressão linear: Análises univariada e multivariada: correlação e regressão linear simples; Regressão linear múltipla: ajuste do modelo, interpretação dos coeficientes e avaliação da qualidade do ajuste; Exemplos práticos em medicina personalizada.

Bibliografia básica:

Bussab, W.O., Morettin, P.A. Estatística Básica. São Paulo: Editora Saraiva, 2017 (9ª Edição).

Modesto, M. Métodos quantitativos de apoio à decisão. Londrina: Editora e Distribuidora Educacional S.A., 2021.

Anon, I.C. Análise multivariada e modelos de regressão. São Paulo: Platos Soluções Educacionais S.A., 2022.

Silva, A.S. Análise de dados. Londrina: Editora e Distribuidora Educacional S.A., 2020.

Neto, P.L.O.C. Estatística. São Paulo: Editora Blucher, 2002.

Rosner, B. Fundamentos de Bioestatística. São Paulo: Cengage do Brasil, 2016 (8ª Edição).

VIEIRA, Sonia. Introdução à bioestatística. 3. ed. Rio de Janeiro: Campus, 1980.

Long, J.D., Teetor, Paul. R Cookbook: Proven Recipes for Data Analysis, Statistics, and Graphics. Estados Unidos: O'Reilly Media, 2019.

Bibliografia Complementar:

Soares, J.F., Siqueira, A.L. Introdução à estatística médica. Departamento de Estatística - UFMG, Belo Horizonte, 1999.

Krzywinski, M., Altman, N. Significance, P values and t-tests. *Nat Methods* 10, 1041–1042 (2013).

Altman, N., Krzywinski, M. P values and the search for significance. *Nat Methods* 14, 3–4 (2017).

Greenland, S., Senn, S.J., Rothman, K.J. et al. Statistical tests, P values, confidence intervals, and power: a guide to misinterpretations. *Eur J Epidemiol* 31, 337–350 (2016).

Disciplina: Inteligência Artificial - IA

Ementa: Conceito de IA e histórico. Probabilidade e teoria da decisão. Aprendizado. Aprendizagem de máquina supervisionada, não supervisionada e por reforço. Bibliotecas para IA (*Scikit learn*, *Keras*, *PyTorch*) e de visualização (*matplotlib*, *seaborn*, *ggplot2*). Redes neurais profundas. Redes neurais convolucionais. Transferência de aprendizagem (*transfer learning*). Aprendizagem federado (*Federated learning*). Processamento de linguagem natural (NLP, *Natural Language Processing*).

Competências e Habilidades:

- Introduzir o conceito de IA, sua história e evolução até o momento atual.
- Entender o papel dos agentes inteligentes e o que é raciocínio.
- Compreender as diferenças de abordagens em soluções de IA e aprendizagem de máquina.
- Decidir e criar soluções para problemas reais utilizando aprendizagem de máquina.
- Adequar soluções pré-existentes para um novo contexto.
- Escalar soluções de aprendizagem de máquina em escala global.
- Desenvolver soluções de aprendizagem de máquina em Python.

Conteúdo Programático 1: Fundamentos da inteligência artificial;

Conteúdo Programático 2: Aprendizagem de máquina supervisionado, não supervisionado e por reforço;

Conteúdo Programático 3: Redes neurais convolucionais e profundas;

Conteúdo Programático 4: Transferência de aprendizagem (*transfer learning*) e aprendizagem federado (*Federated learning*);

Conteúdo Programático 5: Processamento de linguagem natural.

Bibliografia básica:

RUSSELL, S.; NORVIG, P. Inteligência artificial – Uma abordagem Moderna. 4 ed. GEN LTC, 2022.

COPPIN, B; Inteligência artificial. LTC, 2010.

GRUS, J. Data Science Do Zero: Noções Fundamentais com Python. Rio de Janeiro: Alta Books, 2021.

WICKHAM, H. R Para Data Science. Rio de Janeiro: Alta Books, 2019.

Bibliografia Complementar:

HAYKIN, S. Redes neurais: princípios e prática. 2 ed. Bookman, 2001.

GOODFELLOW, I. Deep Learning. The Mit Press, 2016.

HASTIE, T; TIBSHIRANI, R; FRIEDMAN, J. Elements of Statistical Learning, the Data Mining, Inference, and Prediction. 2 ed. SPRINGER VERLAG, 2008.

GERON. A. Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and Tensorflow: Concepts, Tools, and Techniques to Build Intelligent Systems. 2 ed. O'Reilly Media, 2019.

Disciplina: Gestão de Dados

Ementa: A governança de dados, a ética e bioética e a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD) são três pilares interligados e essenciais para a gestão de dados na área da saúde. A governança refere-se às estruturas e processos que garantem a tomada de decisões eficazes e a prestação de contas na gestão dos dados na medicina. A ética e a bioética são áreas fundamentais para a gestão adequada dos dados na medicina. A LGPD é uma legislação que visa proteger os direitos fundamentais de liberdade e privacidade, bem como a formação da personalidade de cada indivíduo.

Competências e Habilidades:

- Possuir visão geral da gestão de dados, estruturando a governança de dados e a governança e a arquitetura de dados.
- Conhecer sobre a autonomia do paciente, dignidade humana, consentimento informado, ética na pesquisa e fim de vida.
- Reconhecer a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD): panorama da proteção de dados pessoais no Brasil, princípios, fundamentos, aplicação, conceitos e bases legais da LGPD, ANPD, sanções, boas práticas e segurança.

Conteúdo Programático 1: Nesta disciplina, abordamos a governança de dados na área da saúde, incluindo a gestão ética de informações médicas, privacidade do paciente, conformidade regulatória e segurança cibernética. Também discutimos a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD) com seus princípios e requisitos essenciais.

Bibliografia básica:

Silva, Angélica Baptista, and E. Souza Vanessa de Lima. "Governança de dados sobre a saúde como direito humano." (2022).

Pinto, Hêider Aurélio, José Santos Souza Santana, and Arthur Chioro. "Por uma transformação digital que assegure o direito à saúde e à proteção de dados pessoais." *Saúde em Redes* 8.2 (2022): 361-371.

Melo, Laura Vieira, et al. "COMPLIANCE NA SAÚDE: A GOVERNANÇA DE RISCOS." *Congresso Interdisciplinar-ISSN: 2595-7732*. Vol. 9. No. 1. 2022.

Bibliografia Complementar:

dos Santos, Ranieri Alves, Daniel Henrique Scandolara, and Eduarda Talita Bramorski Mohr. "DESAFIOS DA LGPD NA GOVERNANÇA DE DADOS PESSOAIS EM CENÁRIOS DE BIG DATA." 2ª: 9.

Vetis Zaganelli, Margareth, and Douglas Luis Binda Filho. "A Lei Geral de Proteção de Dados e suas implicações na saúde: as Avaliações de Impacto no tratamento de dados no âmbito clínico-hospitalar." *Revista de Bioética y Derecho* 54 (2022): 215-232.

de Azevedo BUSSINGUER, Elda Coelho, and Juliana Costa ZAGANELLI. "GOVERNANÇA DA PRIVACIDADE E AS ORGANIZAÇÕES SOCIAIS DE SAÚDE: UMA ANÁLISE DA LEI GERAL DE PROTEÇÃO DE DADOS." *Revista Juridica* 4.71 (2022): 855-869.

Disciplina: Dogmas da Biologia Molecular

Ementa: O componente curricular busca fornecer o embasamento teórico sobre o os aspectos moleculares e celulares do funcionamento das células, possibilitando a compreensão dos processos moleculares de armazenamento, transmissão e expressão da informação genética.

Competências e Habilidades:

- Conhecer o histórico da descoberta do DNA.
- Compreender os processos biológicos moleculares relacionados ao armazenamento, transmissão e expressão da informação associada aos ácidos nucleicos.

Conteúdo Programático 1: Histórico da descoberta do DNA, replicação do DNA, estrutura do genoma humano.

Conteúdo Programático 2: Transcrição, tradução e regulação da expressão gênica.

Bibliografia básica:

OLIVEIRA, Talles Henrique Gonçalves de. O DNA: uma sinopse histórica. Revista Brasileira de Ensino de Bioquímica e Biologia Molecular, n. 1, p. A1-A16, 2004Tradução .

Souza, Gonçalo A. de. Biologia molecular. v. 3. - Gonçalo A. de Souza. – Rio de Janeiro : Fundação CECIERJ, 2008. - Módulos 3 e 4.

Bibliografia Complementar:

WATSON, J.D. et al. Biologia Molecular do Gene. 7 ed. Porto Alegre: Artmed, 2015.

SNUSTAD, D.P.; SIMMONS, M.J. Fundamentos de Genética. 6 ed. Rio de Janeiro: Editora Guanabara Koogan S.A, 2013.

GRIFFITHS, A.J.F.; et al. Introdução à Genética. 11 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016

Disciplina: Mecanismos de origem do câncer

Ementa: O componente curricular busca fornecer o embasamento teórico e atualizado para a compreensão dos mecanismos de origem e progressão do câncer, incluindo tipos e causas de mutações somáticas e germinativas, alterações na regulação gênica da célula tumoral (incluindo alterações epigenéticas), funções e características dos oncogenes e genes supressores de tumor. Ainda, a disciplina irá contextualizar as alterações moleculares do câncer com os seus hallmarks (habilidades).

Competências e Habilidades:

- Conhecer as causas e consequências das mutações somáticas e germinativas para o desenvolvimento do câncer.
- Compreender mecanismos de desregulação da expressão gênica que operam nas células tumorais.
- Aprofundar o entendimento a respeito de características e diferenças entre Oncogenes e Genes supressores de tumor.
- Subsidiar o entendimento crítico dos Hallmarks do câncer.

Conteúdo Programático 1: Mutações somáticas e germinativas: Oncogenes e Genes supressores de tumor; Banco de dados de variantes germinativas: ClinVar; Banco de dados de variantes somáticas: COSMIC, OncoKB, cBioPortal.

Conteúdo Programático 2: Alterações de regulação gênica e Hallmarks do câncer; Ciclo celular e os mecanismos de controle do ciclo celular; Expressão gênica alterada em câncer.

Bibliografia básica:

Claussnitzer M, Cho JH, Collins R, Cox NJ, Dermitzakis ET, Hurles ME, Kathiresan S, Kenny EE, Lindgren CM, MacArthur DG, North KN, Plon SE, Rehm HL, Risch N, Rotimi CN, Shendure J, Soranzo N, McCarthy MI. A brief history of human disease genetics. *Nature*. 2020 Jan;577(7789):179-189. doi: 10.1038/s41586-019-1879-7. Epub 2020 Jan 8. PMID: 31915397; PMCID: PMC7405896.

Sondka Z, Bamford S, Cole CG, Ward SA, Dunham I, Forbes SA. The COSMIC Cancer Gene Census: describing genetic dysfunction across all human cancers. *Nat Rev Cancer*. 2018 Nov;18(11):696-705. doi: 10.1038/s41568-018-0060-1. PMID: 30293088; PMCID: PMC6450507.

Hanahan D, Weinberg RA. The hallmarks of cancer. *Cell*. 2000 Jan 7;100(1):57-70. doi: 10.1016/s0092-8674(00)81683-9. PMID: 10647931.

Bibliografia Complementar:

Richards S, Aziz N, Bale S, Bick D, Das S, Gastier-Foster J, Grody WW, Hegde M, Lyon E, Spector E, Voelkerding K, Rehm HL; ACMG Laboratory Quality

Assurance Committee. Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: a joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics and the Association for Molecular Pathology. *Genet Med*. 2015 May;17(5):405-24. doi: 10.1038/gim.2015.30. Epub 2015 Mar 5. PMID: 25741868; PMCID: PMC4544753.

Horak P, Griffith M, Danos AM, Pitel BA, Madhavan S, Liu X, Chow C, Williams H, Carmody L, Barrow-Laing L, Rieke D, Kreutzfeldt S, Stenzinger A, Tamborero D, Benary M, Rajagopal PS, Ida CM, Lesmana H, Satgunaseelan L, Merker JD, Tolstorukov MY, Campregher PV, Warner JL, Rao S, Natesan M, Shen H, Venstrom J, Roy S, Tao K, Kanagal-Shamanna R, Xu X, Ritter DI, Pagel K, Krysiak K, Dubuc A, Akkari YM, Li XS, Lee J, King I, Raca G, Wagner AH, Li MM, Plon SE, Kulkarni S, Griffith OL, Chakravarty D, Sonkin D. Standards for the classification of pathogenicity of somatic variants in cancer (oncogenicity): Joint recommendations of Clinical Genome Resource (ClinGen), Cancer Genomics Consortium (CGC), and Variant Interpretation for Cancer Consortium (VICC). *Genet Med*. 2022 May;24(5):986-998. doi: 10.1016/j.gim.2022.01.001. Epub 2022 Jan 29. Erratum in: *Genet Med*. 2022 Sep;24(9):1991. PMID: 35101336; PMCID: PMC9081216.

Horton C, Cass A, Conner BR, Hoang L, Zimmermann H, Abualkheir N, Burks D, Qian D, Molparia B, Vuong H, LaDuca H, Grzybowski J, Durda K, Pilarski R, Profato J, Clayback K, Mahoney M, Schroeder C, Torres-Martinez W, Elliott A, Chao EC, Karam R. Mutational and splicing landscape in a cohort of 43,000 patients tested for hereditary cancer. *NPJ Genom Med*. 2022 Aug 25;7(1):49. doi: 10.1038/s41525-022-00323-y. PMID: 36008414; PMCID: PMC9411123.

Hanahan D, Weinberg RA. Hallmarks of cancer: the next generation. *Cell*. 2011 Mar 4;144(5):646-74. doi: 10.1016/j.cell.2011.02.013. PMID: 21376230.

Hanahan D. Hallmarks of Cancer: New Dimensions. *Cancer Discov*. 2022 Jan;12(1):31-46. doi: 10.1158/2159-8290.CD-21-1059. PMID: 35022204.

ICGC/TCGA Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes Consortium. Pan-cancer analysis of whole genomes. *Nature*. 2020 Feb;578(7793):82-93. doi: 10.1038/s41586-020-1969-6. Epub 2020 Feb 5. Erratum in: *Nature*. 2023 Feb;614(7948):E39. PMID: 32025007; PMCID: PMC7025898

Disciplina: Tecnologia Genômica

Ementa: O componente curricular busca fornecer o embasamento teórico sobre o histórico dos avanços das tecnologias de sequenciamento de DNA, abordar os aspectos técnicos de diferentes metodologias de sequenciamento de DNA (incluindo painéis genéticos, whole exome sequencing, whole genome sequencing, long-read, bulk e single-cell RNA sequencing), enfatizando as aplicações dessas tecnologias para o estudo do câncer e outras doenças humanas.

Competências e Habilidades:

- Conhecer o histórico e os avanços das tecnologias genômicas.
- Compreender as diferentes tecnologias de sequenciamento de DNA e RNA.
- Aprofundar o entendimento a respeito das aplicações das tecnologias genômicas para o estudo do câncer e de outras doenças humanas.

Conteúdo Programático 1: Sequenciamento de próxima geração (NGS) - painéis genéticos, whole exome sequencing, whole genome sequencing, long-read sequencing e outros avanços.

Conteúdo Programático 2: Sequenciamento de RNA – Bulk e Single cell.

Bibliografia básica:

Shendure J, Ji H. Next-generation DNA sequencing. Nat Biotechnol. 2008 Oct;26(10):1135-45. doi: 10.1038/nbt1486. PMID: 18846087.

SHICKH, Salma; MIGHTON, Chloe; ULERYK, Elizabeth; PECHLIVANOGLU, Petros; BOMBARD, Yvonne. The clinical utility of exome and genome sequencing across clinical indications: a systematic review. Human Genetics, [S. l.], v. 140, n. 10, p. 1403–1416, 2021. DOI: 10.1007/s00439-021-02331-x.

van Dijk EL, Jaszczyszyn Y, Naquin D, Thermes C. The Third Revolution in Sequencing Technology. Trends Genet. 2018 Sep;34(9):666-681. doi: 10.1016/j.tig.2018.05.008. Epub 2018 Jun 22. PMID: 29941292.

HRDLICKOVA, Radmila; TOLOUE, Masoud; TIAN, Bin. RNA-Seq methods for transcriptome analysis. Wiley interdisciplinary reviews. RNA, [S. l.], v. 8, n. 1, 2017. DOI: 10.1002/wrna.1364.

Paolillo C, Londin E, Fortina P. Single-Cell Genomics. Clin Chem. 2019 Aug;65(8):972-985. doi: 10.1373/clinchem.2017.283895. Epub 2019 Mar 14. PMID: 30872376.

Bibliografia Complementar:

Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. Nat Rev Genet. 2016 May 17;17(6):333-51. doi: 10.1038/nrg.2016.49. PMID: 27184599.

Metzker ML. Sequencing technologies - the next generation. Nat Rev Genet. 2010 Jan;11(1):31-46. doi: 10.1038/nrg2626. Epub 2009 Dec 8. PMID: 19997069.

NAKAGAWA, Hidewaki; FUJITA, Masashi. Whole genome sequencing analysis for cancer genomics and precision medicine. Cancer Science, [S. l.], v. 109, n. 3, p. 513–522, 2018. DOI: 10.1111/cas.13505.

Cieřlik M, Chinnaiyan AM. Cancer transcriptome profiling at the juncture of clinical translation. Nat Rev Genet. 2018 Feb;19(2):93-109. doi: 10.1038/nrg.2017.96. Epub 2017 Dec 27. PMID: 29279605.

ARAN, Dvir. Single-Cell RNA Sequencing for Studying Human Cancers. Annual Review of Biomedical Data Science, [S. l.], v. 6, p. 1–22, 2023. DOI: 10.1146/annurev-biodatasci-020722-091857

Disciplina: Análise de Dados Genômicos

Ementa: Ferramentas de apoio. Bancos de dados biológicos. Alinhamento de sequências de DNA e RNA. Detecção de variantes genéticas. Análise de expressão gênica. Análise epigenética. Metagenômica.

Competências e Habilidades:

- Associar os conceitos biológicos nos diversos tipos de análises de bioinformática.
- Compreender e utilizar as principais ferramentas de apoio nas análises de bioinformática.
- Reconhecer os principais tipos de formatos de arquivos e dados usados na bioinformática.
- Identificar e utilizar os principais bancos de dados biológicos públicos disponíveis.
- Compreender os métodos de alinhamento de sequências de DNA e RNA.
- Reconhecer os tipos de mutações genéticas e utilizar os principais métodos para detecção, anotação e classificação de variantes genéticas.
- Interpretar os resultados de análises de expressão gênica e epigenética.
- Compreender os principais conceitos de metagenômica e suas aplicações.

Conteúdo Programático 1: Ferramentas de apoio; Ferramentas de suporte e análise de dados genômicos.

Conteúdo Programático 2: Repositórios e bancos de dados biológicos

Conteúdo Programático 3: Alinhamento de sequências de DNA e RNA

Conteúdo Programático 4: Detecção de variantes genéticas

Conteúdo Programático 5: Análise de expressão gênica

Conteúdo Programático 6: Análise epigenética

Conteúdo Programático 7: Metagenômica

Bibliografia básica:

The Cancer Genome Atlas Research Network., Weinstein, J., Collisson, E. et al. The Cancer Genome Atlas Pan-Cancer analysis project. Nat Genet 45, 1113–1120 (2013). <https://doi.org/10.1038/ng.2764>.

McKenna A, Hanna M, Banks E, Sivachenko A, Cibulskis K, Kernytsky A, Garimella K, Altshuler D, Gabriel S, Daly M, DePristo MA. (2010). The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. Genome Res, 20:1297-303. DOI: 10.1101/gr.107524.110.

Heng Li , Richard Durbin, Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform, Bioinformatics, Volume 25, Issue 14, July 2009, Pages 1754–1760, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>

Bibliografia Complementar:

Sandve GK, Nekrutenko A, Taylor J, Hovig E (2013) Ten Simple Rules for Reproducible Computational Research. PLoS Comput Biol 9(10): e1003285. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003285>.

Venter, J C et al. “The sequence of the human genome.” Science (New York, N.Y.) vol. 291,5507 (2001): 1304-51. doi:10.1126/science.1058040.

WATSON, J., CRICK, F. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. Nature 171, 737–738 (1953). <https://doi.org/10.1038/171737a0>.

Gentleman, R.C., Carey, V.J., Bates, D.M. et al. Bioconductor: open software development for computational biology and bioinformatics. Genome Biol 5, R80 (2004). <https://doi.org/10.1186/gb-2004-5-10-r80>.

Caporaso, J Gregory et al. “QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data.” Nature methods vol. 7,5 (2010): 335-6. doi:10.1038/nmeth.f.303.

Krueger, Felix, and Simon R Andrews. "Bismark: a flexible aligner and methylation caller for Bisulfite-Seq applications." *Bioinformatics* (Oxford, England) vol. 27,11 (2011): 1571-2. doi:10.1093/bioinformatics/btr167.

Wang Z, Gerstein M, Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature reviews. Genetics*. 2009 Jan;10(1):57-63. DOI: 10.1038/nrg2484. PMID: 19015660; PMCID: PMC2949280.

Disciplina: Medicina Personalizada

Ementa: Síndromes de Predisposição Hereditária ao Câncer. Sangue como fator diagnóstico e terapêutico. Diagnóstico Molecular. Terapias em Oncologia. Fundamentos de Imagens médicas.

Competências e Habilidades:

- Conhecer as principais SPHC e suas causas genéticas.
- Compreender as implicações clínicas do diagnóstico das SPHC
- Após o curso o aluno será capaz de entender os fundamentos dos biomarcadores sanguíneos e em quais situações usá-los;
- Entenderá como funcionam as doenças alérgicas e auto-imunes e como tratá-las;
- Compreenderá os conceitos e aplicabilidades da biópsia líquida (células tumorais circulantes, DNA livre tumoral, vesículas extracelulares e RNA livre circulante);
- Será capaz de entender bases da imunoterapia em câncer (inibidores de checkpoints, CAR-T cells e vacinas).
- Definição de biomarcadores para compreender e aplicar a medicina personalizada.
- Aplicabilidade clínica dos principais biomarcadores utilizados em neoplasias mais prevalentes.
- Conhecimento e compreensão das diversas técnicas existentes para detecção de biomarcadores
- Conhecer a história do desenvolvimento e os princípios gerais das terapias em oncologia;

- Entender os mecanismos de ação básicos das terapias em oncologia;
- Conhecer a utilidade e os cenários de uso das terapias em oncologia;
- Identificar as diferenças entre as principais terapias em oncologia;
- Reconhecer os benefícios e as toxicidades das principais terapias em oncologia.

Conteúdo Programático 1: Síndromes de Predisposição Hereditária ao Câncer

Conteúdo Programático 2: Sangue como fator diagnóstico e terapêutico: Biópsia líquida

Conteúdo Programático 3: Sangue como fator diagnóstico e terapêutico: Aspectos básicos de imunologia em câncer e doenças autoimunes

Conteúdo Programático 4: Diagnóstico Molecular: Fundamentos de Biomarcadores

Conteúdo Programático 5: Diagnóstico Molecular: Técnicas de diagnóstico

Conteúdo Programático 6: Terapias em Oncologia: Bases gerais de quimioterapia em oncologia

Conteúdo Programático 7: Terapias alvo (anti-angiogênicos, inibidores de ciclinas, inibidores de tirosina-quinases, inibidores hormonais, imunoterapia e teranóstica

Conteúdo Programático 8: Fundamentos de Imagens médicas

Bibliografia básica:

Ferreira, Carlos Gil e Rocha, José Cláudio Casali da. Oncologia Molecular - PARTE 3 - Oncogenética, 2 ed, Rio de Janeiro: Atheneu, 2010.

Rahman N. Realizing the promise of cancer predisposition genes. Nature. 2014 Jan 16;505(7483):302-8. Review.

Abbas A, Lichtman A, Pillai S. Cellular and Molecular Immunology, 10th Edition, 2021.

Janeway's Immunobiology (Murphy) 10th Edithion, 2022.

Delves PJ, Martin SJ, Burton DR, Roitt IM. Roitt´s Essential Immunology 13th Edition, 2017.

Basic Concepts of Molecular Pathology. Editors Philip T. Cagle, MD Pathology and Laboratory Medicine Weill Medical College of Cornell University New York, NY The Methodist Hospital Houston, Texas. Timothy Craig Allen, MD, JD Department of Pathology University of Texas Health Science Center at Tyler Tyler, TX.

Molecular oncology. Diagnostic Pathology. Mohammad A. Vasef, MD Professor of Pathology Director, MGP Fellowship Program University of New Mexico Health Sciences Center Director, Molecular Diagnostics TriCore Reference Laboratories Albuquerque, New Mexico Aaron Auerbach, MD, MPH. Department of Hematopathology The Joint Pathology Center (JPC) Bethesda, Maryland.

Sawyers, C. The cancer biomarker problem. Nature 452, 548–552 (2008). <https://doi.org/10.1038/nature06913>

DeVita VT, et al. DeVita, Hellman, and Rosenberg's cancer: Principles & Practice of Oncology. Wolters Kluwer Health; 2015.

Saito RF, et al. Fundamentos de oncologia molecular. São Paulo: Atheneu, 2015.

Kleinsmith LJ. Principals of cancer biology. Pearson; 2014.

Hoff PMG. Tratado de oncologia. São Paulo: Atheneu, 2013.

Linardi A, et al. Farmacologia essencial. Guanabara Koogan: Rio de Janeiro, 2016.

Bibliografia Complementar:

Stoffel EM, Yurgelun MB. Genetic predisposition to colorectal cancer: Implications for treatment and prevention. Semin Oncol. 2016 Oct;43(5):536-542. Epub 2016 Sep 1. Review. PubMed PMID: 27899184.

Tung N, Battelli C, Allen B, et al. Frequency of mutations in individuals with breast cancer referred for BRCA1 and BRCA2 testing using next-generation sequencing with a 25-gene panel. Cancer, 2015; 121:25-33

Alberts B, Heald R, Johnson A, et al. Molecular Biology of the Cell. 7th Edition, 2022.

Alberts B, Heald R, Johnson A, et al. Essentil Cell Biology. 5th Edition, 2019.

Goldman-Cecil Medicine 26th Edition, 2022

Sarhadi VK, Armengol G. Molecular Biomarkers in Cancer. *Biomolecules*. 2022 Jul 23;12(8):1021. doi: 10.3390/biom12081021. PMID: 35892331; PMCID: PMC9331210.

Ciardiello F, Arnold D, Casali PG, Cervantes A, Douillard JY, Eggermont A, Eniu A, McGregor K, Peters S, Piccart M, Popescu R, Van Cutsem E, Zielinski C, Stahel R. Delivering precision medicine in oncology today and in future-the promise and challenges of personalised cancer medicine: a position paper by the European Society for Medical Oncology (ESMO). *Ann Oncol*. 2014 Sep;25(9):1673-1678. doi: 10.1093/annonc/mdu217. Epub 2014 Jun 20. PMID: 24950979.

Dong F. Pan-Cancer Molecular Biomarkers: A Paradigm Shift in Diagnostic Pathology. *Surg Pathol Clin*. 2021 Sep;14(3):507-516. doi: 10.1016/j.path.2021.05.012. PMID: 34373099.

O'Sullivan B, et al. *Manual of clinical oncology*. 9 ed. Wiley Blackwell: Chichester; 2015.

Gerber DE. Targeted therapies: a new generation of cancer treatments. *Am Fam Physician*. 2008 Feb 1;77(3):311-9.

Esfahani K, Roudaia L, Buhlaiga N, et al. A review of cancer immunotherapy: from the past, to the present, to the future. *Curr Oncol*. 2020 Apr;27(Suppl 2):S87-S97.

Choi E, Buie J, Camacho J, Sharma P, de Riese WTW. Evolution of Androgen Deprivation Therapy (ADT) and Its New Emerging Modalities in Prostate Cancer: An Update for Practicing Urologists, Clinicians and Medical Providers. *Res Rep Urol*. 2022 Mar 30;14:87-108.

Disciplina: Registro Eletrônico de Saúde

Ementa: Conhecer as questões relacionadas com o uso de sistemas de informação em saúde (registro eletrônico de saúde), tais como usabilidade, construção do banco de dados (repositório), interface com outros sistemas dentro do ambiente hospitalar.

Competências e Habilidades:

- Entender o uso de registros eletrônicos de saúde
- Usabilidade dos sistemas de informação em saúde
- Papel dos profissionais de saúde com a equipe de TI para construção desses registros eletrônicos de saúde
- Identificar riscos no desenvolvimento dos

Conteúdo Programático 1: Sistema de Informação em Saúde – importância, evolução do prontuário digital, aspectos regulatórios.

Conteúdo Programático 2: Interface com profissionais de saúde – usabilidade – riscos e cuidados

Bibliografia básica:

Windle JR, Windle TA, Shamavu KY, Nelson QM, Clarke MA, Fruhling AL, Tcheng JE. Roadmap to a more useful and usable electronic health record. *Cardiovasc Digit Health J.* 2021 Oct 9;2(6):301-311. doi: 10.1016/j.cvdhj.2021.09.007. PMID: 35265926; PMCID: PMC8890352

Hill RG Jr, Sears LM, Melanson SW. 4000 clicks: a productivity analysis of electronic medical records in a community hospital ED. *Am J Emerg Med.* 2013 Nov;31(11):1591-4. doi: 10.1016/j.ajem.2013.06.028. Epub 2013 Sep 21. PMID: 24060331

Aguirre RR, Suarez O, Fuentes M, Sanchez-Gonzalez MA. Electronic Health Record Implementation: A Review of Resources and Tools. *Cureus.* 2019 Sep 13;11(9):e5649. doi: 10.7759/cureus.5649. PMID: 31700751; PMCID: PMC6822893

Bibliografia Complementar:

Biomedical Informatics: Computer Applications in Health Care and Biomedicine 5th ed. 2021 Edition Edward H. Shortliffe (Editor), James J. Cimino (Editor), Michael F. Chiang (Editor)

Nguyen L, Bellucci E, Nguyen LT. Electronic health records implementation: an evaluation of information system impact and contingency factors. *Int J Med Inform.* 2014 Nov;83(11):779-96. doi: 10.1016/j.ijmedinf.2014.06.011. Epub 2014 Jul 22. PMID: 25085286

Haux R. Health Information Systems - from Present to Future? *Methods Inf Med.* 2018 Jul;57(S 01):e43-e45. doi: 10.3414/ME18-03-0004. Epub 2018 Jul 17. PMID: 30016816; PMCID: PMC6178198

|

13. Infraestrutura Física e Pedagógica

O aluno encontrará todo o conteúdo do curso e assistirá às aulas gravadas no ambiente virtual. Para assistir às aulas é fundamental que as especificações abaixo sejam obedecidas, possibilitando, assim, uma recepção de maior qualidade dos vídeos.

Hardware:

- Processador Intel Core 2 Duo ou superior.
- 2Gb de Memória RAM.
- Placa de vídeo com resolução 1024x768, qualidade de cor 32 bits e compatível com Microsoft DirectShow.
- Microsoft DirectX 9.0c ou posterior.

Software:

- Navegador: Firefox, Google Chrome, Internet Explorer (sempre atualizado).
- Sistema Operacional: Windows XP ou posterior.
- Adobe Flash Player (atualizado).
- *Plugin* de vídeos SilverLigth (atualizado)

Rede:

- Conexão com a Internet banda larga de no mínimo 2 MB.
- Em caso de acesso em ambientes corporativos além da velocidade, é necessário verificar as condições de segurança de rede de sua empresa e se certificar que o site não estará bloqueado.

Adicionalmente, é prevista a utilização da biblioteca virtual para consultas bibliográficas e pesquisa de assuntos referentes às disciplinas ministradas.

