

Programa de Pós-Graduação em Genética

OFERTA DE NOVAS DISCIPLINAS

Disciplina: “TÓPICOS ESP. DE GENÉTICA E EVOLUÇÃO I e III- DIVERSIDADE GENÉTICA NA ERA ÔMICA: DO DELINEAMENTO AMOSTRAL ÀS ANÁLISES DE DADOS”.

Professores Prof. Dr. Evanguedes Kalapothakis e Doutoradas Ana Paula Vimieiro Martins; Izinara Rosse; Juliana Pimentel e Sandra Ludwig

Local: Laboratório de Informática – ICB e sala de aula no CAD.

Carga horária: 60hs/4 créditos

Número de vagas: 20

Código da Disciplina: BIG 846S e BIG 848S

1. EMENTA:

1.1 – Delineamento amostral:

- Importância do delineamento amostral e a definição das hipóteses do experimento
 - Viés das amostragens espacial-temporal
- Cuidados com amostragem e importância da individualização das amostras
 - Amostragem das condições abióticas e bióticas do local de estudo
- Planejamento
 - Custo x Tempo x Precisão x Tamanho da amostra

1.2 – Obtenção dos dados:

- Uso do NGS para busca de marcadores moleculares
- Metodologia de genotipagem usando NGS
 - Marcação dos primers
 - PCRs multiplex e pseudomultiplex
 - Purificação
 - PCR Index
 - Normalização (PCR quantitativa)
 - Preparo da amostra para entrar no Miseq
 - Corrida
- Metagenômica utilizando fragmentos mitocondriais
 - Marcadores universais
 - Metodologia utilizando o MiSeq® (Illumina)
 - obtenção das sequências

1.3 – Tratamento dos dados e genotipagem dos microssatélites

- Tratamento dos dados
 - Trimagem (ferramenta PRINSEQ)
 - Filtro (ferramenta PRINSEQ)
- Análise dos dados NGS e Genotipagem
 - Classificação das *reads* por indivíduo e por experimento (script desenvolvido in-house)
 - Alinhamento das sequências contra a referência (programa Bowtie)
 - Genotipagem dos marcadores microssatélites de cada indivíduo (ferramenta RepeatSeq e scripts desenvolvidos *in-house*)
 - Geração da tabela de genótipos (scripts desenvolvidos *in-house*)

1.4 - Análises de Diversidade Genética:

Análises de diversidade genética mitocondrial:

- análises de diversidade nucleotídica e haplotípica, H_e e H_o das sequências obtidas utilizando o programa DnaSP
- identificação dos haplótipos (programa DnaSP)
- montagem de rede de haplótipos utilizando o programa Network
- Análises diversidade genética de microssatélites:
 - Análise de parâmetros como Equilíbrio de Hardy e Weinberg, Estatística F, Heterozigosidade observada e esperada, frequência alélica e Análise dos Componentes Principais (PCA) utilizando o programa GenAlex;
 - Análises de estruturação populacional utilizando o programa R (pacotes *adegenet*, *poppr* e *pegas*);
 - Análise de correspondência dos fatores (3D-FCA) utilizando o programa Genetix;
 - Análise de tamanho populacional efetivo utilizando o programa Bottleneck.

1.5 - Aplicações:

- Estudos de bioinvasão tendo como exemplos os invertebrados, cujos objetivos são estudar o processo de invasão, a dinâmica populacional, estrutura genético-populacional e, fluxo gênico e migração na região invadida;
- Genotipagem de peixes migradores com objetivo de estudar a diversidade genética, estrutura populacional, fluxo gênico e paternidade, visando melhorar as medidas de conservação e de mitigação realizadas pelas companhias elétricas;
- Investigação da variação genética em um grande número de genes e famílias de genes aplicada a trabalhos de melhoramento de sementes. O NGS permite a rápida domesticação de espécies de plantas e a identificação eficiente de novas variações genéticas de espécies correlacionadas.

1.6 - Avaliação:

- No início da disciplina, serão repassados aos alunos, dados experimentais para que os mesmos possam processá-los de acordo com o conhecimento adquirido durante a disciplina. As análises geradas pelos alunos serão apresentadas no final da disciplina e os mesmos serão avaliados quanto a: (i) exposição clara e domínio do conhecimento adquirido; (ii) elaboração da apresentação; (iii) discussão dos dados; e (iv) arguições da banca. Esta atividade avaliativa será realizada em grupo, porém os alunos serão avaliados individualmente.
- Todas as professoras irão avaliar cada aluno e por fim a nota final será igual à média das notas, sendo atribuídos os conceitos A (nota ≥ 9.0), B (nota entre 8.0- 8.9), C (7.0- 7.9) e D(6.0-6.9).

2. CRONOGRAMA DA DISCIPLINA

Dia/horário	03/07 (seg)	04/07 (ter)	05/07 (qua)	06/07 (qui)	07/07 (sex)	10/07 (seg)	11/07 (ter)
8-9hs	Introdução à disciplina	Metodologia metagenômica	Metodologia NGS	Tratamento de Dados NGS	Análises de Diversidade Genética	Análises de Diversidade Genética	Aplicações
9-12hs	Delineamento Amostral						
12-13:30	INTERVALO	INTERVALO	INTERVALO	INTERVALO	INTERVALO	INTERVALO	INTERVALO
13:30-17:30	Delineamento amostral	Metodologia NGS	Tratamento de Dados NGS	Tratamento de Dados NGS	Tratamento de Dados NGS	Análises de Diversidade Genética	Avaliação

Observações: Trazer notebook com os seguintes programas instalados: DnaSP, R, Genetix, GenAlex, Bottleneck, Network.

Programa de Pós-Graduação em Genética

OFERTA DE NOVAS DISCIPLINAS

Disciplina: "TÓPICOS ESP. DE GENÉTICA E EVOLUÇÃO I - BIOINFORMATICS OF REDUCED-REPRESENTATION GENOMICS FOR POPULATION ANALYSES".

Professores: Prof. Fabrício R. Santos e Dr. Pierre Faux

Datas/Horários: 05 a 09 de junho de 14 às 18hs

Local: 05/06 à 08/06 – Sala B2 162

09/06 – I3 236

Carga horária: 15hs/1 crédito

Número de vagas: 20

Código da Disciplina: BIG 846P

Obs. Convite estendido aos alunos da Zoologia, Bioinformática e Ecologia.

1. EMENTA:

Bioinformatics of reduced-representation genomics for population analyses

1 Purpose and aims of the class, example of existing pipelines, installation and configuration of access to server (or platform) and (very) basics of Linux (2h)

2 Basics of Linux and Server, and overview of bioinformatics pipelines (2h)

3 Pipelines for genotype calling from RR data based on reference genome: theoretical aspect and practical use (4h)

4 Pipelines for genotype calling from RR data based on de novo assembly: theoretical aspect and practical use (4h)

5 Selection of SNPs for population analyses: how to make selection using VCFtools, how to convert files to dedicated programs for population analyses (4h)