

NG126 - GENÉTICA MOLECULAR - TURMA MM

Créditos: 3

Horário: Quarta-feira, 09:00 às 11:00

Local/Sala: **IB-19, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1º piso**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (**de acordo com o cronograma**)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Mariana Maschietto** - marianamasc@gmail.com

Colaboradores: **Renato Vicentini dos Santos, José Andrés Yunes e Michel Georges Albert Vincentz**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

A disciplina visa estabelecer conceitos de organização, atividade e evolução de genomas com enfoque em abordagens de genética molecular.

CRONOGRAMA:

Agosto

17 – Mariana - APRESENTAÇÕES E ENTREGA DE MATERIAL (cronograma, exercícios 1 e 4 etapa1 e Artigo o que é um gene, com explicação no quadro da estrutura do DNA e do gene)

24 – Andres - ESTRUTURA DO GENE O que é um gene, evolução seqüências splice-junction, UTRs, codon usage

31 – Andres - GENOMA DINÂMICO Organização dos genes no genoma, Genoma mitocondrial e elementos moveis (com McClintock - aula 3 nova)

Setembro

7 - feriado

14 – Andres - GENOMA 3D E EXPRESSÃO/RECOMBINAÇÃO GÊNICA Arquitetura nuclear e regulação da expressão gênica

21 – Andres - INTRODUÇÃO À ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA Aula de análise da expressão gênica, explicando o porquê da necessidade de estudar a expressão gênica, metodologias e análise

28 – Michel -Introdução à epigenética

Outubro

5 – Mariana - Conceitos gerais de epigenética e mecanismos epigenéticos

12 - feriado

19 – Mariana - Nucleossomo e as histonas, modificação de histonas, remodelamento de cromatina, metilação de DNA, métodos de análise estudos epidemiológicos

26 – Mariana - Discussão

Novembro

2- feriado

9 – Renato - Genômica Comparativa

16 – Renato - Redes de Regulação Gênica

23 – Michel – A descoberta dos Pequenos RNAs, miRNA

30 – Michel - Epigenética e os RNA de Interferência (siRNA)

Dezembro

7 – Michel - Análise de artigos

14 – Michel - Análise de artigos

BIBLIOGRAFIA:

Gendrel AV e Colot V (2005) Arabidopsis epigenetics:when RNA meets chromatin. Current Opinion in Plant Biology 8, 142-147.

Matzke M e Birchler J (2005) RNAi-mediated pathways in the nucleus. Nature Review Genetics 6, 24-35

RNA Interference (2004) Nature 431, 337.

Strachan A , Read A. 2002. Genética Molecular Humana. 2nd. ed. BIOS Scientific Publishers Ltd, 1999.

Tradução, Artmed Editora Ltda.

NG245 - SEMINÁRIOS DO CURSO PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR - TURMA A

Tema: Ciclo de Seminários da Pós-Graduação do IB

Os seminários serão obrigatoriamente presenciais, com transmissão simultânea pelo canal do Youtube para todos os interessados e não matriculados.

Créditos: 2

Horário: Quarta-feira, das 11:00 às 13:00

Local/Sala: **Auditório 1, Prédio da CPG-IB - Bloco O - Térreo, Exceto dia 28/09 será na Sala de defesa, Prédio da CPG-IB - Bloco O - 1º piso**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 17/08/2022 a 14/12/2022)

Vagas: 200

Mínimo de alunos: 1

Responsável: **Alessandro de Santos Farias**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA: Programa de seminários do Instituto de Biologia (em elaboração).

CRONOGRAMA: Quarta-feira, das 11h às 13h.

BIBLIOGRAFIA: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

~~NG281 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM II - TURMA CEM - CANCELADA~~

Tema: Tópicos Especiais e Fisiologia e Genética de Bactérias

Responsável: **Cristina Elisa Alvarez Martinez**

~~NG281 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM II - TURMA JVO - CANCELADA~~

Tema: Ômicas e a geração de OGM para produção de bioprodutos

Responsável: **Juliana Velasco de Castro Oliveira** - juliana.velasco@lnbr.cnpem.br

Colaboradores: **Gabriela Persinoti, Nádia Sampaio, Cíntia Sargo e Tiago Balbuena**

NG283 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM IV - TURMA KBM

Tema: Curso de Terapias Avançadas, Disciplina Nacional. Propiciar aos alunos os conhecimentos fundamentais de terapia gênica in vivo e ex vivo, engenharia de vetores e nanocarreadores, e tecnologia de edição genômica e suas aplicações para desenvolvimento de medicamentos e tratamento de doenças. Esta disciplina será nacional, proporcionando integração e exposição aos professores de referência na área. A organização do curso é feita pela ABTCEL-GEN (Associação Brasileira de Terapia Celular e Gênica).

Créditos: 4

Horário: Quinta-feira, das 9:00 às 13:30

Local/Sala: **online/ plataformas Google Meeting e ou Zoom**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 18/08/2022 a 08/12/2022)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 2

Responsável: **Katlin Brauer Massirer**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO:

1. Introdução do curso e Vetor do Plasmídeo
2. Vetor do Adenovírus
3. Vetor do Vírus adeno-associado
4. Vetor do Retrovírus e Lentivírus
5. Pequenos RNAs para terapia
6. Nanocarreadores sintéticos para transporte de vetores
7. Carreadores biológicos
8. Tecnologia de edição genômica
9. iPSC e suas aplicações
10. Terapia gênica de doenças cardiovasculares
11. Terapia gênica de cânceres
12. Terapia com CAR-T
13. Terapia gênica de doenças monogênicas
14. Terapia gênica de doenças neurológicas
15. Vacinação gênica
16. Regulamentação de terapia gênica

CRONOGRAMA:

HORÁRIO: 3 horas/aula/semana

CARGA HORÁRIA: 15 aulas x 3 = 45 horas

CRÉDITO: 45 horas assistidas + 15 horas de estudo = 60 horas

INÍCIO: 18/8/2022 (quintas feiras) 9:00-11:30 online, seguido de estudo

METODOLOGIA DE ENSINO:

Este curso será dado via as plataformas Google Meeting e ou Zoom.

Recurso necessário para participação: internet e computador ou tablet.

Material didático será distribuído uma semana antes de cada aula (artigos e ou vídeos) pelo professor responsável do dia de aula.

E no dia dessa aula, um professor fará apresentação sobre o tópico programado, depois, haverá discussão e debate on-line.

Os artigos enviados na semana anterior serão apresentados pelos alunos e debatidos na sala de aula com todos.

A estrutura de aula de cada dia será seguinte:

9:00-9:40 Aula de um professor (40 min) para todos os participantes

9:40-10:00 Discussão sobre esta aula com todos os participantes.

Terá um link de aula para todos.

10:00-10:20 Intervalo

10:20-11:00 Seminários sobre os artigos do tema do dia. Esta seção será coordenada pelos coordenadores de cada instituição.

Os artigos serão selecionados e enviados pelo professor palestrante numa semana anterior.

i. Sugestão: sortear no dia os alunos para seminários. Serão 2 seminários com 20 min/seminário + 20 min discussão. Cada instituição deverá fornecer um link dessa aula.

Discussão sobre os artigos com todos (30 min). Esta seção será feita com todos os participantes e coordenado pelo professor palestrante do dia.

Esta seção é para tirar dúvidas geradas durante os seminários apresentados por alunos e provocar debates sobre o tema do dia.

Terá um link de aula para todos.

11:00-11:30 Discussão sobre os artigos com todos (30 min). Esta seção será feita com todos os participantes e coordenado pelo professor palestrante do dia.

Esta seção é para tirar dúvidas geradas durante os seminários apresentados por alunos e provocar debates sobre o tema do dia.

Terá um link de aula para todos.

BIBLIOGRAFIA: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

1. BIBLIOGRAFIAS:

- Artigos científicos distribuídos por cada professor palestrante
- Gene and Cell Therapy. Therapeutic Mechanisms and Strategies. Edited by Nancy Smyth Templeton. CRC Press, 2015. 4th edition.

NG296 - ESCRITA ACADÊMICA - TURMA MFN

Obs.: A disciplina será ministrada em conjunto com a NF140-Elaboração de Artigos Científicos (PPG-BFM)

Créditos: 4

Horário: Quinta-feira, das 14:00 às 17:00

Local/Sala: **IB-18, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1º piso**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 18/08/2022 a 08/12/2022)

Vagas: 10

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Mariana Freitas Nery**

Colaborador: **Marcelo Bispo de Jesus**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

The course is based on activities done in class and homework. Proofreading is not part of this discipline; instead, students will plan, write, and revise theirs and peers' manuscripts. We aim to improve students' writing skills by raising their awareness about text organization, flow, and coherence. Students will build up their toolkit to self-improve their writing skills after the course.

CRONOGRAMA:

Syllabus:

Week 1: Need Analysis, Outline of the Course, Characteristics of Scientific Writing

Week 2: Sentence

Week 3: Paragraph

Week 4: Mind mapping

Week 5: Title & Abstract

Week 6: Introduction

Week 7: Methods

Week 8: Figures, Tables, Legends

Week 9: Results

Week 10: Discussion

Week 11: Conclusions & Acknowledgement

Week 12: Peer review of students writing

Week 13: Peer analysis (S-S) and improving your writing

Week 14: Presentations

BIBLIOGRAFIA:

Bibliografia sugerida (não obrigatória):

- English for Research Papers: A Handbook for Brazilian Authors. Kindle Edition by Jim Hesson.
- Scientific Writing = Thinking in Words by David Lindsay (Author)

NG297 - MECANISMOS GENÉTICOS DE RESPOSTA A ESTRESSE BIÓTICO E ABIÓTICO EM PLANTAS - TURMA AAS

Créditos: 8

Horário: Quinta-feira, das 8:00 às 14:00

Local/Sala: **Prédio da PG do IAC - Avenida Barão de Itapura, nº 1.481 - Botafogo, Campinas-SP**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 18/08/2022 a 08/12/2022)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 4

Responsável: **Alessandra Alves de Souza** - aasdcoletta@gmail.com

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

Mecanismos genéticos de resistência de plantas a fatores bióticos: **bactérias, fungos, vírus, insetos e herbivoria;**

Interação molecular planta-patógeno: **PTI, PTS, ETI, ETS; genes de resistência, via de sinalização primária e secundária, hormônios e sua relação com resistência e suscetibilidade a patógenos.**

Resistência sistêmica adquirida (SAR) e Resistência sistêmica induzida (ISR)

Mecanismos genéticos de resistência de plantas a fatores abióticos: **seca, salinidade, temperatura, metais;**

Respostas das plantas aos estresses bióticos e abióticos e aplicações na agricultura; **Genes de interesse no melhoramento genético de plantas**

Melhoramento genético e biotecnologia

Transformação genética - **teoria e aplicação.**

Edição gênica – **teoria e aplicação**

Forma de avaliação: A avaliação será através de seminários individuais e discussões em grupos do "Journal Club", provas quinzenais com consulta (feita em casa) e apresentação de um "reels" ou infográfico, em equipe, explicando para um público geral um artigo científico com foco: "Ciência no Brasil: o que fazemos?". O artigo será dentro do tema da disciplina e escolhido durante o curso. A divulgação fará parte do projeto "Descascando com a PG" com a colaboração da equipe do "Descascando a Ciência"

CRONOGRAMA: Todas as quintas-feiras das 8 as 12:00. As aulas serão híbridas entre online e presencial.

BIBLIOGRAFIA:

1. Akpinar BA, Avsar B, Lucas SJ, Budak. Plant abiotic stress signaling. Annu Rev Phytopathol. 2013;51:245-66.
2. Atkinson NJ, Urwin PE. The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field. J Exp Bot. 2012 Jun;63(10):3523-43.
3. Kazan K, Lyons R. Intervention of Phytohormone Pathways by Pathogen Effectors. Plant Cell. 2014 Jun 10;26(6):2285-2309
4. Macho AP, Zipfel C. Mol Cell. 2014 Apr 24;54(2):263-72
5. Meng X, Zhang S. MAPK cascades in plant disease resistance signaling.
6. Plant PRRs and the activation of innate immune signaling. Plant Signal Behav. 2012, (11):1450-5.
7. Senthil-Kumar M, Mysore KS. Nonhost resistance against bacterial pathogens: retrospectives and prospects. Annu Rev Phytopathol. 2013;51:407-27.
8. Shigeoka S, Maruta T. Cellular redox regulation, signaling, and stress response in plants. Biosci Biotechnol Biochem. 2014 Sep;78(9):1457-70.
9. Zhang J, Zhou JM. Plant immunity triggered by microbial molecular signatures. Mol Plant. 2010 Sep;3(5):783-93.

NG300 - DO GENE AO FENÓTIPO: UMA INTRODUÇÃO AO PIPELINE DE BIOTECNOLOGIA AVANÇADA - TURMA PA

Obs.: Disciplina será ministrada em Inglês

Créditos: 3

Horário: de acordo com o programa/cronograma

Local/Sala: **Embrapa Agricultura Digital**

Período de oferecimento: 1ª metade do 2º semestre (**de acordo com o programa/cronograma**)

Vagas: 100

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Paulo Arruda** - parruda@unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

September 12th

08:30 - 10:00 - Welcome: The GCCRC "From Gene to Trait" platform - Paulo Arruda (UMIP/GCCRC Unicamp)

10:30 - 12:00 - Overview on gene discovery: an industry biotech program to enhance maize agronomic traits - Carl Simmons - Pioneer

13:30 - 15:00 - Use of transcriptomics for discovering candidate genes – TBC

15:30 - 17:00 - Gene discovery in wild species for abiotic stress tolerance - Isabel Gerhardt – (UMIP/GCCRC Embrapa)

September 13th

08:30 - 10:00 - CRISPR-Cas9 genome editing in maize/for sustainable Agriculture - José H. Lopes Filho (UMIP/GCCRC Embrapa)

10:30 - 12:00 - Maize transformation using Agrobacterium tumefaciens - Laurens Paul(VIB, Belgium)

13:30 - 15:00 - Designing strategies for vectors and constructs- TBC

15:30 - 17:00 - Model plants as a tool for proof of concept of candidate genes - Paulo Arruda (UMIP/GCCRC Unicamp)

September 14th

08:30 - 10:00 - Genotyping of transformed/edited TROPICAL maize plants - Fernanda R Fernandes (UMIP/GCCRC Embrapa)

10:30 - 12:00 - Trait introgression in commercial maize hybrids - Ivan Schuster(Long Ping Sementes)

13:30 - 15:00 - Experimental design and field trials for biotech traits - Juliana Yassitepe(UMIP/GCCRC Embrapa)

15:30 - 17:00 - How the Xylella genome sequence boosted the citrus industry in São Paulo–TBC

September 15th

08:30 - 10:00 - Plant microbiome for genes and traits - Rafael Souza (Symbiomics)

10:30 - 12:00 - The world scenario of Microbiome for sustainable food production - TBC

13:30 - 15:00 - Synthetic microbial communities for stress tolerance in plants - Jader Armanhi (Symbiomics)

15:30 - 17:00 - The Brazilian case of biological nitrogen fixation in sustainable crop production - Solon Araujo (SCA-Consultoria)

September 16th

08:30 - 10:00 - Dereglulation of biotechnological traits - Angela Ferrari(Bayer Crop Science)

10:30 - 12:00 - The regulatory scenario of genome editing for agriculture in Europe - TBC

13:30 - 15:00 - Intellectual property of biotechnological traits - Leticia Covesi (i9 Pi)

15:30 - 17:00 - Final considerations and concluding remarks - Paulo Arruda (UMIP/GCCRC Unicamp)

CRONOGRAMA: disciplina condensada de 12/09/22 - 16/09/2022

BIBLIOGRAFIA:

A disciplina será ministrada por pesquisadores nacionais e internacionais associados ao GCCRC (Genomics for Climate Change Research Center), vinculado a UMIPGenClima, Unidade Mista de Pesquisa Embrapa Unicamp.

NG301 - DE FENÓTIPOS A MECANISMOS MOLECULARES - TURMA MHB

Créditos: 3

Horário: Sexta-feira, das 9:00 às 12:00

Local/Sala: **IB-17, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1º piso**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 19/08/2022 a 09/12/2022)

Vagas: 12

Mínimo de alunos: 6

Responsável: **Mario Henrique Bengtson**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

1. Argumentação experimental lógica; 2. Métodos genéticos e bioquímicos usados na identificação de genes e vias moleculares envolvidas em fenômenos biológicos de interesse; 3. Métodos "Omics" (Genomics, proteomics, etc) usados na identificação de genes e vias moleculares envolvidas em fenômenos biológicos de interesse; 4. Dissecção genética de vias moleculares (Forward and Reverse genetics; highthouput screenings); 5. Dissecção bioquímica de vias moleculares; 6. O uso de bioinformática na criação de hipóteses para serem testadas experimentalmente; 7. Métodos para estudo de interação proteína-proteína; 8. Métodos para estudo de modificações pós traducionais; 9. Ensaio Bioquímicos "in vitro" no estabelecimento de mecanismos moleculares; 10. Insights da Biologia estrutural na elaboração de modelos de mecanismos biológicos

CRONOGRAMA: Todas as sextas-feiras das 9h00 às 12h00

BIBLIOGRAFIA:

- Handbook of Systems Biology. Elsevier, 2013. <https://doi.org/10.1016/C2010-0-67190-2>.
- Michels, Corinne A. Genetic Techniques for Biological Research: A Case Study Approach. 1st ed. Wiley, 2002. <https://doi.org/10.1002/0470846623>.
- Lesk, A.M. Introduction to Protein Science: Architecture, Function, and Genomics. Oxford University Press, 2016. <https://books.google.com.br/books?id=tGHcsgEACAAJ>.
- Bittker, Joshua A, and Nathan T Ross, eds. High Throughput Screening Methods: Evolution and Refinement. Chemical Biology. Cambridge: Royal Society of Chemistry, 2016. <https://doi.org/10.1039/9781782626770>.

NG302 - BIOLOGIA SISTÊMICA E INTEGRATIVA APLICADA NA ANÁLISE DE DADOS MOLECULARES - TURMA MMB

Créditos: 3

Horário: Segunda-feira e quarta-feira, das 14:00 às 17:00

Local/Sala: **Auditório do CBMEG**

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de 10/10/2022 a 12/12/2022)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 8

Responsável: **Marcelo Mendes Brandão** - brandaom@unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

O advento das tecnologias de sequenciamento de alto desempenho, também conhecido como de nova geração, ocasionou a possibilidade de obtenção de um grande volume de dados biológicos, com efeitos diretos no estudo de questões ligadas ao dogma central da Biologia Molecular. Assim, as propostas atuais de projetos de pesquisa, passaram a incorporar questões mais complexas, com traveses mais preditivos, descritivos e agrupando informações de diferentes fontes de dados moleculares para o estudo dos sistemas e componentes biológicos envolvidos no projeto proposto. Esta revolução na aquisição de dados está sendo acompanhada de perto pela Biologia Computacional e Bioinformática, com o desenvolvimento de novas ferramentas estatísticas, matemáticas e computacionais capazes de lidar com esses grandes volumes de dados e a correlação destes com diferentes bancos de dados biológicos. Esta disciplina visa apresentar aos estudantes abordagens práticas de Biologia Computacional e Bioinformática capacitando-os para análise qualitativa dos arquivos de sequenciamentos, proposição de montagens de transcritos de novo ou baseada em modelos genômicos disponíveis, avaliação da expressão diferencial de genes/contigs entre situações diversas e anotação funcional dos transcritos envolvidos na análise. Adicionalmente, capacitar ou atualizar os alunos na utilização de ferramentas disponíveis no sistema operacional GNU/LINUX para a execução de todas as metodologias apresentadas durante o curso.

CRONOGRAMA:

- 1 – Introdução à disciplina, Linux Básico e uso de containers computacionais para análises de dados moleculares
- 2 – Bancos de dados: construção, consulta e qualidade das informações
- 3 – Lógica de programação para uso em Bioinformática
- 4 – Bio Big-data e integração de dados de diferentes repositórios
- 5 – Tecnologia de sequenciamento e controle de qualidade destes dados
- 6 – Expressão Diferencial
- 7 – Anotação funcional
- 8 – Enriquecimento de ontologias e proposta de alvos gênicos, ou transcritos, de interesse.

BIBLIOGRAFIA:

- Buchfink B, Xie C, Huson DH. 2015. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. *Nat Methods* 12(1): 59-60.
- Calvo B, Larranaga P, Lozano JA. 2007. Learning Bayesian classifiers from positive and unlabeled examples. *Pattern Recognition Letters* 28(16): 2375-2384.
- Chevreur B, Pfisterer T, Drescher B, Driesel AJ, Muller WE, Wetter T, Suhai S. 2004. Using the miraEST assembler for reliable and automated mRNA transcript assembly and SNP detection in sequenced ESTs. *Genome Res* 14(6): 1147-1159.
- Clarke K, Yang Y, Marsh R, Xie L, Zhang KK. 2013. Comparative analysis of de novo transcriptome assembly. *Sci China Life Sci* 56(2): 156-162.
- Dean J, Ghemawat S. 2004. MapReduce: simplified data processing on large clusters. In: *Proceedings of the 6th conference on Symposium on Operating Systems Design & Implementation - Volume 6*. San Francisco, CA: USENIX Association. 10-10.
- Eddy SR. 2011. Accelerated Profile HMM Searches. *PLoS Comput Biol* 7(10): e1002195.
- Finn RD, Bateman A, Clements J, Coggill P, Eberhardt RY, Eddy SR, Heger A, Hetherington K, Holm L, Mistry J, Sonnhammer EL, Tate J, Punta M. 2014. Pfam: the protein families database. *Nucleic acids research* 42(Database issue): D222-230.
- Fu L, Niu B, Zhu Z, Wu S, Li W. 2012. CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data. *Bioinformatics* 28(23): 3150-3152.
- Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, Levin JZ, Thompson DA, Amit I, Adiconis X, Fan L, Raychowdhury R, Zeng Q, Chen Z, Mauceli E, Hacohen N, Gnirke A, Rhind N, di Palma F, Birren BW, Nusbaum C, Lindblad-Toh K, Friedman N, Regev A. 2011. Fulllength transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. *Nat Biotechnol* 29(7): 644-652.
- Haas BJ, Papanicolaou A, Yassour M, Grabherr M, Blood PD, Bowden J, Couger MB, Eccles D, Li B, Lieber M, Macmanes MD, Ott M, Orvis J, Pochet N, Strozzi F, Weeks N, Westerman R, William T, Dewey CN, Henschel R, Leduc RD, Friedman N, Regev A. 2013. De novo transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. *Nat Protoc* 8(8): 1494-1512.
- He JZ, Zhang Y, Li X, Shi P. 2012. Learning naive Bayes classifiers from positive and unlabelled examples with uncertainty. *International Journal of Systems Science* 43(10): 1805-1825.
- Kadota K, Nishiyama T, Shimizu K. 2012. A normalization strategy for comparing tag count data. *Algorithms Mol Biol* 7(1): 5.
- Kanehisa M, Araki M, Goto S, Hattori M, Hirakawa M, Itoh M, Katayama T, Kawashima S, Okuda S, Tokimatsu T, Yamanishi Y. 2008. KEGG for linking genomes to life and the environment. *Nucleic acids research* 36(Database issue): D480-484.
- Kersey PJ, Staines DM, Lawson D, Kulesha E, Derwent P, Humphrey JC, Hughes DST, Keenan S, Kerhornou A, Koscielny G, Langridge N, McDowall MD, Megy K, Maheswari U, Nuhn M, Paulini M, Pedro H, Toneva I, Wilson D, Yates A, Birney E. 2011. Ensembl Genomes: an integrative resource for genome-scale data from non-vertebrate species. *Nucleic acids research* 40(D1): D91-D97.
- Koski LB, Gray MW, Lang BF, Burger G. 2005. AutoFACT: an automatic functional annotation and classification tool. *Bmc Bioinformatics* 6: 151.
- Kumar S, Blaxter ML. 2010. Comparing de novo assemblers for 454 transcriptome data. *BMC Genomics* 11: 571.
- Li B, Dewey CN. 2011. RSEM: accurate transcript quantification from RNA-Seq data with or without a reference genome. *Bmc Bioinformatics* 12: 323.
- Ludwig W, Strunk O, Westram R, Richter L, Meier H, Yadhukumar, Buchner A, Lai T, Steppi S, Jobb G, Forster W, Brettske I, Gerber S, Ginhart AW, Gross O, Grumann S, Hermann S, Jost R, Konig A, Liss T, Lussmann R, May M, Nonhoff B, Reichel B, Strehlow R, Stamatakis A, Stuckmann N, Vilbig A, Lenke M, Ludwig T, Bode A, Schleifer KH. 2004. ARB: a software environment for sequence data. *Nucleic acids research* 32(4): 1363-1371.
- Manning CD, Raghavan P, Schütze H. 2008. *Introduction to information retrieval*. New York: Cambridge University Press.
- Mlecnik B, Scheideler M, Hackl H, Hartler J, Sanchez-Cabo F, Trajanoski Z. 2005. PathwayExplorer: web service for visualizing high-throughput expression data on biological pathways. *Nucleic acids research* 33(Web Server issue): W633-637.
- Moreno-Hagelsieb G, Latimer K. 2008. Choosing BLAST options for better detection of orthologs as reciprocal best hits. *Bioinformatics* 24(3): 319-324.
- R-Core-Team. 2013. *R: A language and environment for statistical computing*. Book R: A language and environment for statistical computing. Supek F, Bosnjak M, Skunca N, Smuc T. 2011. REVIGO summarizes and visualizes long lists of gene ontology terms. *PLoS One* 6(7): e21800.
- Waterhouse RM, Tegenfeldt F, Li J, Zdobnov EM, Kriventseva EV. 2013. OrthoDB: a hierarchical catalog of animal, fungal and bacterial orthologs. *Nucleic acids research* 41(Database issue): D358-365.
- Zhou S, Liao R, Guan J. 2013. When cloud computing meets bioinformatics: a review. *J Bioinform Comput Biol* 11(5): 1330002.
- Zou Q, Li XB, Jiang WR, Lin ZY, Li GL, Chen K. 2013. Survey of MapReduce frame operation in bioinformatics. *Brief Bioinform*.

Créditos: 3

Horário: Quarta-feira, das 9:00 às 12:00

Local/Sala: **IB-17, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1º piso**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 17/08/2022 a 14/12/2022)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Luana Walravens Bergamo** - lwb@unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

A disciplina abordará o uso de diferentes marcadores moleculares para a caracterização da diversidade biológica em diferentes níveis hierárquicos, contribuindo para a investigação dos padrões e processos evolutivos/ecológicos de populações naturais. Abordaremos análises de genética e genômica de populações, filogeografia, identificação molecular de espécies para resolução de incertezas taxonômicas, genética da conservação e filogenia. Serão realizadas atividades semanais (leitura de artigos e elaboração de resumos, exercícios práticos) e um projeto semestral.

Os temas a serem abordados serão:

1. Introdução a Ecologia Molecular;
2. Marcadores moleculares;
3. Sequenciamento de DNA e alinhamento;
4. Bancos de dados;
5. Novas tecnologias de sequenciamento (seq capture, RAD-seq e RNA-seq – filogenômica, genômica pop e adaptação);
6. Introdução à Genética de Populações;
7. Equilíbrio de Hardy-Weinberg;
8. Origem da variabilidade genética e forças evolutivas;
9. Estudo de uma única população;
10. Estudo de mais de uma população; Variabilidade interpopulacional, estrutura genética, fluxo gênico;
11. Programas de análises populacionais;
12. Filogeografia;
13. Genética/genômica da conservação;
14. Filogenia molecular
15. Abordagens moleculares na Ecologia Comportamental.

CRONOGRAMA: O cronograma será disponibilizado no início da disciplina.

BIBLIOGRAFIA:

Alendorf F., Luikart G., Aitken N. S. Conservation and the Genetics of Populations, Sec. Ed. Blackwell Publishing, 2013.

Falconer, D.S. & Macky, T. Introduction to Quantitative Genetics. 4 Ed. Longman Scientific & Technical, London, 1996.

Falconer, D.S. Quantitative genetics, 2nd Ed. Logman, News York.1981

Futuyma, D.J. Evolutionary Biology. 3 ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA, 2006.

Freeland, J. Molecular Ecology. Wiley. 2006.

Hartl, D.L. & Clark, A.G. Principios de Genética de Populações, 4ª ed. ArtMed Editora, Porto Alegre, RS, 2010.

Hedrick, P.W. Genetics of Populations. 3 ed. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, MA, USA, 2004. 737p.

Nei, M. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press. 1987.

Ridley, M. Evolução. 3 ed. ArtMed Editora, Porto Alegre, RS, 2006.

Weir, B.S. Genetics Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data. Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA, 1996.

Revisões e artigos são recomendados ao longo da disciplina.