



Universidade Estadual de Maringá
Centro de Ciências Agrárias
Departamento de Agronomia
Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento



RESOLUÇÃO N° 031/2021-PGM

CERTIDÃO

Referenda a Portaria nº 006/2021-PGM.

Certifico que a presente resolução foi afixada em local de costume, nesta Pós-Graduação, no dia 03/12/2021.


Secretário

Considerando o Regulamento dos Programas de Pós-Graduação *Stricto Sensu* da Universidade Estadual de Maringá (UEM), aprovado pela Resolução nº 013/2018-CEP; considerando o Regulamento do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, aprovado pela Resolução nº 066/2018-CI/CCA; considerando a Portaria nº 006/2021-PGM; considerando a necessidade de expansão da oferta de disciplinas pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento no Primeiro Período Letivo de 2021; considerando as decisões tomadas durante a 191ª reunião do Conselho Acadêmico do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, realizada no dia 03 de dezembro de 2021.

O CONSELHO ACADÊMICO DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO APROVOU E EU, COORDENADOR, SANCIONO A SEGUINTE RESOLUÇÃO:

Artigo 1º - Fica referendada a Portaria nº 006/2021-PGM, que aprovou *ad referendum*, a proposta de oferta da disciplina DAG4317 - Problemas Especiais: Análises Moleculares e Estrutura Genética em Feijão Comum e Mandioca.

Artigo 2º - Ficam aprovados, para a referida disciplina, o programa e as referências bibliográficas propostas conforme o anexo, que é parte integrante desta Resolução.

Artigo 3º - Esta Resolução entra em vigor na data de sua publicação, revogadas as disposições em contrário.

Dê-se Ciência.

Cumpra-se

Maringá, 03 de dezembro de 2021.


Prof. Dr. Ronald José Barth Pinto
- Coordenador do PGM -





DAG4317 - Problemas Especiais

IDENTIFICAÇÃO

CRÉDITOS			CARGA HORÁRIA TOTAL
TOTAL:	PRÁTICOS:	TEÓRICOS:	45 horas / aula
3	0	3	

PROFESSOR(ES) RESPONSÁVEL(EIS) PELA ELABORAÇÃO:
Maria Celeste Gonçalves Vidigal
Pedro Soares Vidigal Filho

DEPARTAMENTO:
Departamento de Agronomia

SUB-TÍTULO

Análises Moleculares e Estrutura Genética em Feijão Comum e Mandioca.

EMENTA

Tópicos especiais não constantes das disciplinas oferecidas, mas importantes para o treinamento global do estudante.

PROGRAMA

- Marcadores moleculares na caracterização de germoplasmas de feijão comum e de mandioca;
- Estrutura de população e diversidade genética de germoplasmas de feijão comum e de mandioca.
- Mapeamento genético de feijão comum e de mandioca: atualidades.

BIBLIOGRAFIA

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C., GILIO, T. A. S., VALENTINI, G., VAZ-BISNETA, M., VIDIGAL FILHO, P. S., SONG, Q., OBLESSUC, P., MELOTTO, M. New Andean source of resistance to anthracnose and angular leaf spot: Fine-mapping of disease-resistance genes in California Dark Red Kidney common bean cultivar. **PLOS ONE**, 15(6).2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235215>.

KWAK, M.; GEPTS, P. Structure of genetic diversity in two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Theoretical and Applied Genetics**, 118:979-992, 2009.

LIU, K.J.; MUSE, S.V. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. **Bioinformatics**, 21: 2128-2129, 2005.

ORTIZ, A.H.T.; VIDIGAL FILHO, P.S.; ROCHA, V.P.C.; FERREIRA, R.C.U.; GONÇALVES, T.M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Population structure and genetic diversity of sweet cassava accessions from the Midwestern, Southeastern and Southern regions of Brazil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, 62: 1-16, 2019.



Universidade Estadual de Maringá
Centro de Ciências Agrárias
Departamento de Agronomia
Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento

- PEAKALL, R.; SMOUSSE, P.E. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics**, 28: 2537-2539, 2012.
- PEAKALL, R.; SMOUSSE, P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology Notes**, 6: 288-295, 2006.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENSAND, M.; DONELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 155: 945-959, 2000.
- ROCHA, V.P.C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; ORTIZ, A. H. T.; VALENTINI, G.; FERREIRA, R.C.U.; GONÇALVES, T.M.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. Population structure and genetic diversity in sweet cassava accessions in Paraná and Santa Catarina, Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, 38: 25-38, 2019.
- SOTO, J.C.; ORTIZ, J.F.; PERLAZA-JIMÉNEZ, L.; VÁSQUEZ, A.X.; LOPEZ-LAVALLE, L.A.B.; BOBY MATHEW, B.; LÉON, J.; BERNAL, A.J.; BALLVORA, A.; LÓPEZ, C.E. A genetic map of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) with integrated physical mapping of immunity-related genes. **BMC Genomics**, 16: 190, 2015. doi.org/10.1186/s12864-015-1397-4
- SRAPHET, S.; BOONCHANAWIWAT, A.; TANGPHATSORNROUNG, S.; BOON-SENG, O.; TABATA, S.; LIGHTFOOT, D.A.; TRIWITAYAKORN, K. SSR and EST-SSR-based genetic linkage map of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Theoretical and Applied Genetics**, 122:1161-1170, 2011.
- VALENTINI, G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; ELIAS, J.C.F.; MOIANA, L.D.; MINDO, N.A. Population structure and genetic diversity of common bean accessions from Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, 36: 897-906, 2018.
- VAZ BISNETA, M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Integration of anthracnose resistance loci and RLK and NBS-LRR-encoding genes in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. **Crop Science**, 60: 2901-2918, 2020.