



RESOLUÇÃO N° 033/2021-PGM

CERTIDÃO

Referenda a Portaria n° 017/2021-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 n° 013/2018-CEP; considerando o Regulamento do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, aprovado pela Resolução n° 066/2018-CI/CCA; considerando a Portaria n° 017/2021-PGM; considerando a necessidade de expansão da oferta de disciplinas pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento no Segundo 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 n° 017/2021-PGM, que aprovou *ad referendum*, a proposta de oferta da disciplina DAG4327 - Problemas Especiais: Genomics Applied to Plant Breeding.

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 -





DAG4327 - Problemas Especiais

IDENTIFICATION

CREDITS			TOTAL HOURS
TOTAL: 3	PRÁTIC: 0	THEORETICAL: 3	45
PROFESOR: Maria Celeste Gonçalves Vidigal			
DEPARTAMENT: Department of Agronomy			

TITLE

Genomics Applied to Plant Breeding

SYLLABUS

Special topics not contained in the courses offered, but important to the overall training of the student.

OBJECTIVES

Provide information on advances in genomics using a new set of tools and techniques that allow the study of the whole genome, bioinformatics, complex traits, genetic maps, marker assisted selection, molecular markers, next-generation-sequencing, quantitative trait loci.

PROGRAM

- 1- Populations for genetic mapping
- 2- Bulk Segregant Analysis (BSA)
- 3- Genotyping with BeadChip
- 4- Selection of SNPs in the program GenomeStudio
- 5- Development and use of SNPs e SSR markers
- 6- Mapping Softwares (JoinMap, MapMaker, MapChart)
- 7- Fine-mapping
- 8- Genome-wide association study (GWAS)
- 9- Candidate genes identification
- 10- Homology and gene similarity using TAIR.

BIBLIOGRAPHY

BRADBURY, P. J.; ZHANG, Z.; KROON, D. E.; CASSTEVENS, T. M.; RAMDOSS, Y.; BUCKLER, E. S. TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*. 23: 2633-2635, 2007.

CRUZ, C. D.; SALGADO, C. C.; BHERING, L. L. *Genômica aplicada*. Viçosa, MG: Suprema, 2013. 424p.



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

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>

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium**, 41: 95-98, 1999.

HEFFELFINGER, C.; FRAGOSO, C. A.; LORIEUX, MATHIAS. Constructing linkage maps in the genomics era with MapDisto 2.0. **Bioinformatics**, 33(14): 2224-2225, 2017.

HURTADO-GONZALES, O. P.; VALENTINI, G.; GILIO, T. A. S.; MARTINS, A. M.; SONG, Q.; PASTOR-CORRALES, M. A. Fine mapping of Ur-3, a historically important rust resistance locus in common bean. **G3** (7): 557-569.

HYTEN, D. L.; SMITH, J. R.; FREDERICK, R. D.; TUCKER, M. L.; SONG, Q.; CREGAN, P. B. Bulked Segregant Analysis using the GoldenGate Assay to locate the Rpp3 locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, 49: 265-271, 2009.

ILLUMINA. **GenomeStudio® genotyping module v2.0: software guide**. Illumina, inc, 2018. 70p.

LINCOLN, S. E.; LANDER, S. L. **Mapmaker/exp 3.0 and Mapmaker/ QTL 1.1**. Cambridge, MA: Whitehead Inst. of Med. Res. Tech Report, 1993. 230p.

LORIEUX, M. MapDisto: fast and efficient computation of genetic linkage maps. **Molecular Breeding**, 30:1231-1235, 2012.

MICHELMORE, R. W.; PARAN, I.; KESSELI, R.V. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions using segregating populations. **Proc Natl Acad Sci USA**, 88: 9828-9832, 1991.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. **Estatística Genômica**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2008. 568p.

SONG, Q.; JIA, G.; HYTEN, D. L.; JENKINS, J.; HWANG, E-Y., SCHROEDER, S.; OSORNO, J. M.; SCHMUTZ, J.; JACKSON, S. A.; MCCLEAN, P. E.; CREGAN, P. B. SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole genome sequence and other genetic and genomic applications in common bean. **G3**, 5: 2285-2290, 2015.

TAMURA, K.; PETERSON, D.; PETERSON, N.; STECHER, G.; NEI, M.; KUMAR, S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular Biology and Evolution**, 28(10): 2731-2739, 2011.

VAN OOIJEN, J. W. Multipoint maximum likelihood mapping in a full-sib family of an outbreeding species. **Genetics Research**, 93:343-349, 2011.



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

VOORRIPS, R. E. Mapchart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. **Journal of Heredity**, 93(1,1): 77-78, 2002.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>

<https://www.arabidopsis.org>