

CÓDIGO: PBEA7350

DISCIPLINA: Métodos Estatísticos Aplicados à Genética Molecular

CARGA HORÁRIA TOTAL: 60h

CRÉDITOS: 04

- I. **Descrição:** O curso cobre métodos estatísticos utilizados para a análise de dados em biologia molecular, com ênfase em conjuntos de dados de genes e proteínas. A parte central do curso será sobre análise de seqüências e suas aplicações biológicas, tal como alinhamento, comparação ótima, busca de homologias, estimação de árvores filogenéticas, reconhecimento de *motifs*, estudo de frequências e proporções, dispersão de dados, variabilidade. O curso encoraja o uso de softwares aplicados bem como seu desenvolvimento. O estudo de casos é utilizado como exemplificação e aprofundamento.
- II. **Ementa:** Introdução. Conceitos básicos em genética molecular. Obtenção de dados em genética molecular. Mapeamento. Análise de frequências. Métodos de distância. Métodos de agrupamento. Métodos de filogenia. Alinhamento de seqüências. Análise de diversidade. Softwares aplicados.

Programa

1. Introdução: princípios de genética molecular, obtenção de dados em genética molecular, tipos de dados, armazenamento de dados, evolução da análise de dados em genética molecular, o problema da “quantificação”, dificuldades, problemas, lacunas e perspectivas
2. Uso de softwares: visão geral, tipos de análises e “quem faz o quê”, integração dos softwares (DAMBE, AMIADA, NTSysPC, Circos, Cytoscape, Arlequin, Structure, R)
3. Conceitos básicos em métodos de distância, agrupamento e filogenia: matriz de (dis)similaridade, distâncias e matriz de distâncias, métodos de agrupamento, dendograma
4. Análise de filogenia: dados qualitativos, dados quantitativos, frequências, métodos de filogenia
5. Alinhamento de sequência: conceitos básicos, metodologias
6. Análise de conteúdo de sequências: frequências de bases (A, C, G, T), frequências de dinucleotídeos, frequências de trinucleotídeos, frequências de substituições, uso de amino-ácidos, proporções de amino-ácidos, proporção $(C-G)/(C+G)$, padrões de substituição
7. Dispersão e variabilidade: normalização, PCA, análise de discriminante, análise de discriminante canônico
8. Estrutura populacional: estudo de pertinência e constituição
9. Busca de padrões: homologias, *motifs*

Referências Bibliográficas:

BALDING, D. J.; BISHOP, M.; CANNINGS, C. Handbook of statistical genetics. 3a. ed. 1 vol. Chichester: John Wiley & Sons, 2007.

BARNES, M. R.; GRAY, I. C.; SOUTHAN, C. et al. Bioinformatics for geneticists. Editores: Michael R. Barnes, Ian C. Gray. New York: John Wiley & Sons, 2003. 408p.

BAXEVANIS, A. D.; OSTELL, J. M.; WHEELAN, S. J. et al. Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins. 2a ed. Editores: BAXEVANIS, A. D.; OULLETTE, B. F. F. New York: John Wiley & Sons, 2001. 470p.

BLAZEJ, R. G.; GOODWIN, W.; HEATH, S. A. et al. Analytical techniques in DNA sequencing. Editor: NUNNALLY, B. K. Boca Raton: Taylor & Francis Group, 2005. 237p.

- BULMER, M. G. The mathematical theory of quantitative genetics. Oxford: Clarendon Press, 1980. 255p.
- CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B. de; BRITO, G. G. de; et al. Marcadores moleculares. Viçosa: JARD, 2006. 374p.
- FALCONER, D. J.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. Harlow-UK: Longman, 1996. 385p.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3a. ed. Brasília: Embrapa/CENARGEM, 1998. 220p.
- FOULKES, A. S. Applied statistical genetics with R: for population-based association studies. London: Springer, 2009.
- GILLESPIE, J. H. Population genetics: a concise guide. Baltimore: The John Hopkins University Press, 1998.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. Principles of population genetics. 3a. ed. Sunderland: Sinauer Associates, 1997.
- HIORTH, G. E. Genética Biométrica. Córdoba: Ministério de Agricultura, 1985. 349 p.
- KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistic. New York: John Wiley and Sons Inc., 1966. 545 p.
- KINGMAN, J. F. C. Mathematics of genetic diversity. Philadelphia: Society of Industrial and Applied Mathematics – SIAM, 1980.
- MANLY, B. F. J. Multivariate statistical methods: a primer. 3a. ed. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2005. 213p.
- NEI, M. Molecular population genetics and evolution. Amsterdam: North-Holland, 1975.
- PARIDA, L. Pattern discovery in bioinformatics: theory & algorithms. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2008.
- REGAZZI, A. J.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol. 1. 3a. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol. 2. 2a. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. Estatística genômica: aplicada a populações derivadas de cruzamentos dialélicos. Viçosa: UFV, 2004. 568p.
- TEMPLETON, A. R. Population genetics and microevolutionary theory. Hoboken: John Wiley & Sons, 2006.
- VALIENTE, G. Combinatorial pattern matching algorithms in computational biology using PERL and R. Boca Raton: Taylor & Francis Group, 2009.
- WEIR, B. S. Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data. Sunderland: Sinauer Associates, 1996.
- XIA, X. Data analysis in molecular biology and evolution. New York: Kluwer Academic Publishers, 2002. 280p.
- YANG, Z. Computational molecular evolution. Oxford: Oxford University Press, 2006.