



EDITAL DE SELEÇÃO – PROGRAMA DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E TECNOLÓGICA (Edital 2026)

Planos de trabalho disponíveis para discentes de Iniciação Científica e/ou Iniciação Tecnológica para atuação no projeto “**Influência da dinâmica entre controle e proliferação de elementos transponíveis na evolução e adaptação de Dothideomycetes**”.

Informações gerais

Coordenadora: Desirre Alexia Lourenço Petters Vandresen

Departamento: Genética (Setor de Ciências Biológicas)

Modalidades: PIBIC e PIBIT

Carga horária: 20 horas semanais

Vigência: 01/09/2026 a 31/08/2027

Todos os planos envolvem também participação em atividades do grupo de pesquisa, como seminários e reuniões semanais, e capacitação em análises genômicas a partir de treinamentos e cursos disponibilizados pelo grupo de pesquisa BioGeMM

Dúvidas sobre os planos de trabalho e eventuais adaptações de atividades deverão ser encaminhadas **exclusivamente** para o e-mail da coordenadora desirre.petters@ufpr.br

Planos

- 01 – Avaliação estrutural de proteínas efetoras e antimicrobianas em espécies de *Phyllosticta* associadas a citros
- 02 – Enzimas secretadas em Dothideomycetes: lipases, proteases e CAZymes
- 03 – Caracterização do perfil de sintenia em genomas de Dothideomycetes
- 04 – Repertório de tRNAs e eficiência traducional em espécies de *Sporothrix*
- 05 – Caracterização de elementos transponíveis em espécies de *Sporothrix*
- 06 – Filogenômica de elementos transponíveis em Dothideomycetes
- 07 – Curadoria e qualidade de genomas públicos de Dothideomycetes
- 08 – Mecanismos de defesa contra elementos transponíveis: RIP e metilação em Dothideomycetes

Plano 01 - Avaliação estrutural de proteínas efetoras e antimicrobianas em espécies de *Phyllosticta* associadas a citros

Objetivo geral

Identificar e caracterizar estruturalmente o repertório de proteínas efetoras e antimicrobianas (AMPs) nos secretomas de espécies de *Phyllosticta* associadas a citros com modos de vida contrastantes, visando compreender como diferenças no perfil estrutural dessas proteínas se relacionam com estratégias de patogenicidade e interação com o hospedeiro.

Metas

- Identificar *in silico* o repertório de candidatos a efetores e proteínas antimicrobianas (AMPs) nos secretomas de espécies de *Phyllosticta* associadas a citros com modos de vida contrastantes
- Gerar modelos tridimensionais (3D) dessas proteínas candidatas utilizando o AlphaFold2.
- Agrupar os efetores e AMPs por similaridade estrutural e avaliar suas características físico-químicas básicas
- Comparar os perfis estruturais encontrados buscando relacionar perfis e padrões específicos à diferentes modos de vida

Metodologia simplificada

- Mineração do Secretoma utilizando ferramentas combinadas para avaliação de presença de peptídeo sinal, ausência de domínios transmembrana e localização subcelular (SignalP, TMHMM, Phobius, DeepLoc);
- Triagem de Candidatos utilizando EffectorP para prever efetores e do AMAPEC para prever proteínas com atividade antimicrobiana (AMPs) a partir das sequências primárias;
- Modelagem 3D Direcionada a partir de predição estrutural com AlphaFold2 para proteínas efetoras e com atividade antimicrobiana;
- Alinhamento e Clusterização Simples para comparação das estruturas geradas entre si usando Foldseek ou TM-align para identificar folds (dobramentos) conservados, e extração das propriedades físico-químicas básicas (tamanho, carga, hidrofobicidade).

Cronograma Simplificado de Atividades (considerando período de vigência do edital em 12 meses):

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas, servidores Galaxy;



- **Outubro a dezembro de 2026:** Predição do secretoma, identificação de efetores (EffectorP) e AMPs (AMAPEC);
- **Janeiro a março de 2027:** Rodadas de predição de estrutura 3D com AlphaFold2 apenas para as proteínas candidatas selecionadas;
- **Março de 2027:** Redação de relatório parcial e submissão no sistema;
- **Abril a julho de 2027:** Alinhamento estrutural (Foldseek/TM-align), extração de propriedades físico-químicas e análise comparativa dos dados;
- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema, elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica.

Plano 02 - Análise e classificação de enzimas hidrolíticas em Dothideomycetes

Objetivo geral

Identificar, classificar e organizar o repertório de enzimas hidrolíticas secretadas ativas em lipídeos (lipases), proteínas (proteases) e carboidratos (CAZymes) em genomas de Dothideomycetes, visando fornecer informações sobre patogenicidade em fungos fitopatogênicos e subsídios para futuros ensaios de caracterização funcional e aplicações biotecnológicas. A pessoa selecionada para este plano indicará preferência por uma das três categorias enzimáticas e aprofundará a análise nessa frente.

Metas

- Identificação *in silico* do repertório da categoria enzimática escolhida (lipases, proteases ou CAZymes) em espécies de Dothideomycetes
- Classificação e categorização das enzimas identificadas de acordo com família, superfamília e previsão de possíveis substratos
- Levantamento de substratos potenciais disponíveis comercialmente para planejamento de ensaios enzimáticos futuros
- Comparação dos repertórios enzimáticos encontrados buscando relacionar perfis e padrões específicos à diferentes modos de vida e adaptações à nichos ocupados por Dothideomycetes

Metodologia simplificada

- Mineração enzimática: lipases a partir de perfis do Lipase Engineering Database (LED); proteases a partir do MEROPS; CAZymes a partir do dbCAN3
- Detecção de enzimas secretadas: predição utilizando ferramentas combinadas para avaliação de presença de peptídeo sinal, ausência de domínios transmembrana e localização subcelular (SignalP, TMHMM, Phobius, DeepLoc).
- Levantamento de substratos com base em pesquisas bibliográficas e em bancos de dados especializados.
- Comparação de repertórios de enzima entre diferentes grupos de Dothideomycetes empregando testes estatísticos adequados para cada tipo de dado.

Cronograma Simplificado de Atividades (considerando período de vigência do edital em 12 meses):

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas, servidores Galaxy;



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICRORGANISMOS



- **Outubro a janeiro de 2027:** mineração enzimática a partir do banco de dados da categoria escolhida e distinção entre enzimas secretadas e não secretadas;
- **Janeiro a abril de 2027:** levantamento de substratos em pesquisas bibliográficas e bancos de dados especializados.
- **Março de 2027:** Redação de relatório parcial e submissão no sistema
- **Abril a julho de 2027:** Análise comparativa dos dados entre diferentes grupos de Dothideomycetes.
- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema, elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica.

Plano 03 – Caracterização do perfil de sintenia em genomas de Dothideomycetes

Objetivo geral

Caracterizar o perfil de sintenia em genomas de Dothideomycetes em múltiplos níveis de resolução, quantificando eventos de rearranjo cromossômico e identificando regiões conservadas e regiões de maior plasticidade genômica, com foco em mesosintenia.

Metas

- Seleção e curadoria de genomas representativos de Dothideomycetes para as análises comparativas
- Realizar comparações de sintenia em nível nucleotídico (NUCmer), proteico (PROmer) e de genes ortólogos (Orthofinder, BLASTp/DIAMOND)
- Identificar e quantificar eventos de translocação e inversão entre genomas comparados
- Visualizar os perfis de sintenia por meio de Circos plots e dotplots
- Comparar os perfis de sintenia entre grupos com diferentes modos de vida e graus de proximidade evolutiva

Metodologia simplificada

- Seleção de genomas com base em métricas de qualidade de montagem (completude e contiguidade);
- Comparações de sintenia em múltiplos níveis, via comparações nucleotídicas e proteicas par a par com NUCmer e PROmer (MUMmer4); inferência de ortólogos (OrthoFinder, ProteinOrtho ou outras ferramentas equivalentes) e comparação de sequências entre ortólogos (BLASTp/DIAMOND);
- Identificação de rearranjos a partir da detecção e quantificação de eventos de translocação e inversão com base nos alinhamentos gerados;
- Obtenção de Circos plots e dotplots (MUMmerplot ou equivalente) para visualização dos perfis de sintenia
- Análise comparativa dos perfis de sintenia entre grupos de Dothideomycetes com diferentes modos de vida e relações filogenéticas

Cronograma Simplificado de Atividades (considerando período de vigência do edital em 12 meses):

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas, servidores Galaxy;



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICROORGANISMOS



- **Outubro a janeiro de 2027:** Seleção e curadoria de genomas; comparações NUCmer e PROmer;
- **Janeiro a abril de 2027:** Inferência de ortólogos e comparações no nível de genes; identificação e quantificação de eventos de rearranjo;
- **Março de 2027:** Redação de relatório parcial e submissão no sistema
- **Abril a julho de 2027:** Obtenção de visualizações (Circos plots, dotplots) e análise comparativa entre grupos;
- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema, elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica.

Plano 04 - Repertório de tRNAs e eficiência traducional em espécies de *Sporothrix*

Caracterizar sequências de tRNAs e genes associados à patogenicidade utilizando genomas de diferentes espécies de *Sporothrix* e avaliar a otimização de códons e índice de adaptação de tRNAs

Metas

- Análise de genomas de *Sporothrix* existentes em bancos de dados (NCBI Assembly, JGI Mycocosm) e anotação de tRNAs
- Anotação de genes de patogenicidade e virulência em genomas de *Sporothrix*
- Classificação e categorização de tRNAs de acordo com tipos de códons/anti-códons
- Obtenção de índices de adaptação de tRNAs e de otimização de códons
- Análises de eficiência traducional para genes de patogenicidade e virulência

Metodologia simplificada

- Seleção de genomas com base em métricas de conteúdo gênico e contiguidade e anotação de tRNAs com ferramentas especializadas (tRNA-SCAN)
- Detecção de genes de patogenicidade e virulência utilizando pipelines de anotação funcional
- Classificação e categorização de tRNAs de acordo com tipos de códons/anti-códons
- Obtenção de índices de adaptação de tRNAs e de otimização de códons
- Análises de eficiência traducional para genes de patogenicidade e virulência

Cronograma Simplificado de Atividades (considerando período de vigência do edital em 12 meses):

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas, servidores Galaxy;
- **Outubro a fevereiro de 2027:** Seleção de genomas com base em métricas de conteúdo gênico e contiguidade e anotação de tRNAs com ferramentas especializadas (tRNAscan-SE);
- **Janeiro a abril de 2027:** detecção de genes de patogenicidade e virulência utilizando pipelines de anotação funcional.
- **Março de 2027:** Redação de relatório parcial e submissão no sistema
- **Março a abril de 2027:** classificação e categorização dos de acordo com tipos de códons/anti-códons, obtenção de índices de adaptação de tRNAs e de otimização de códons
- **Abril a julho de 2027:** análises de eficiência traducional para genes de patogenicidade e virulência



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICRORGANISMOS



- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema, elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica.

Plano 05 - Caracterização de elementos transponíveis em espécies de *Sporothrix*

Avaliar e caracterizar sequências de elementos transponíveis utilizando genomas de diferentes espécies de *Sporothrix* e detectar elementos fisicamente associados à genes de patogenicidade e virulência

Metas

- Análise de genomas de *Sporothrix* existentes em bancos de dados (NCBI Assembly, JGI Mycocosm) e anotação de elementos transponíveis
- Anotação de genes de patogenicidade e virulência em genomas de *Sporothrix*
- Classificação e categorização de elementos transponíveis de acordo com a classificação de Wicker et al. (2007)
- Análises de associação física e proximidade entre elementos transponíveis e genes de patogenicidade e virulência

Metodologia simplificada

- Seleção de genomas com base em métricas de conteúdo gênico e contiguidade e anotação de elementos transponíveis com ferramentas especializadas (EarlGrey)
- Detecção de genes de patogenicidade e virulência utilizando pipelines de anotação funcional
- Classificação e categorização dos elementos transponíveis a partir dos dados de anotação
- Análises de associação física e proximidade entre elementos transponíveis e genes de patogenicidade e virulência empregando análises estatísticas.

Cronograma Simplificado de Atividades (considerando período de vigência do edital em 12 meses):

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas, servidores Galaxy;
- **Outubro a fevereiro de 2027:** Seleção de genomas com base em métricas de conteúdo gênico e contiguidade e anotação de elementos transponíveis com ferramentas especializadas (EarlGrey);
- **Janeiro a abril de 2027:** detecção de genes de patogenicidade e virulência utilizando pipelines de anotação funcional.
- **Março de 2027:** Redação de relatório parcial e submissão no sistema
- **Março a abril de 2027:** classificação e categorização dos elementos transponíveis a partir dos dados de anotação



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICROORGANISMOS



- **Abril a julho de 2027:** Análises de associação física e proximidade entre elementos transponíveis e genes de patogenicidade e virulência empregando análises estatísticas.
- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema, elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica.

Plano 06 – Filogenômica de elementos transponíveis em Dothideomycetes

Objetivo geral

Caracterizar a diversidade e a história evolutiva dos elementos transponíveis (TEs) em Dothideomycetes por meio de abordagens filogenômicas, investigando padrões de expansão, perda e possível transferência horizontal de TEs em fungos com diferentes modos de vida.

Metas

- Anotar e classificar elementos transponíveis em genomas representativos de Dothideomycetes
- Construir bancos de sequências de TEs por superfamília para análises filogenéticas
- Inferir relações filogenéticas entre TEs de diferentes espécies e superfamílias
- Investigar padrões de expansão e contração de famílias de TEs ao longo da filogenia do grupo
- Identificar candidatos a eventos de transferência horizontal de TEs (HT-TEs) entre linhagens

Metodologia simplificada

- Anotação de elementos transponíveis com EarlGrey e classificação segundo Wicker et al. (2007)
- Extração de sequências de domínios funcionais conservados (ex.: transcriptase reversa, integrase) por superfamília
- Inferência filogenética via alinhamentos múltiplos com MAFFT (ou equivalente) e análise filogenética de Máxima Verossimilhança com IQ-TREE por superfamília de TE
- Mapeamento na filogenia de espécies a partir integração dos perfis de TEs com filogenias de referência inferidas a partir de genes de cópia única (BUSCO/OrthoFinder + IQ-TREE), geradas pelo grupo de pesquisa
- Identificação de candidatos a HT-TEs com base em incongruência de topologias e identidade de sequência anormalmente alta entre espécies filogeneticamente distantes

Cronograma simplificado de atividades

- **Setembro a outubro de 2026:** Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas e servidores Galaxy
- **Outubro a janeiro de 2027:** Anotação e classificação de elementos transponíveis nos genomas selecionados
- **Janeiro a março de 2027:** Extração de domínios conservados, alinhamento múltiplo e inferência filogenética por superfamília



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICRORGANISMOS



- **Março de 2027:** Redação do relatório parcial e submissão no sistema
- **Abril a junho de 2027:** Mapeamento dos perfis de TEs na filogenia de espécies; análise de expansão/contração e identificação de candidatos a HT-TEs
- **Julho a agosto de 2027:** Redação do relatório final e submissão no sistema; elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica

Plano 07 – Curadoria e qualidade de genomas públicos de Dothideomycetes

Objetivo geral

Avaliar sistematicamente a qualidade dos genomas de Dothideomycetes disponíveis em bancos de dados públicos (NCBI Assembly, JGI Mycocosm) quanto à completude, contiguidade e contaminação, e consolidar os resultados em um dashboard interativo de acesso interno ao grupo BioGeMM, fornecendo subsídio para a seleção de genomas de boa qualidade em diferentes projetos do grupo de pesquisa.

Metas

- Compilar e organizar metadados dos genomas públicos de Dothideomycetes disponíveis no NCBI Assembly e no JGI Mycocosm
- Avaliar a completude gênica por meio de BUSCO
- Avaliar a contiguidade das montagens por meio de métricas padrão (N50, L50, número de contigs/scaffolds, tamanho total do genoma)
- Avaliar contaminação com ferramentas especializadas
- Consolidar todos os dados em um dashboard interativo para uso interno do grupo BioGeMM

Metodologia simplificada

- Compilação de metadados: coleta e organização de informações taxonômicas e de montagem dos genomas disponíveis nos bancos de dados públicos
- Avaliação de completude: execução do BUSCO com linhagem Ascomycota ou Dothideomycetes
- Avaliação de contiguidade: cálculo de métricas de montagem (N50, L50, número de contigs/scaffolds, tamanho total)
- Avaliação de contaminação: detecção de sequências contaminantes com ferramentas especializadas
- Desenvolvimento do dashboard: construção de dashboard interativo (R/Shiny ou equivalente) integrando todas as métricas, com filtros por táxon, modo de vida, fonte e nível de qualidade

Cronograma simplificado de atividades

Setembro a outubro de 2026: Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas e bancos de dados públicos

Outubro a dezembro de 2026: Compilação de metadados e avaliação de completude nos genomas selecionados

Janeiro a março de 2027: Avaliação de contaminação e cálculo de métricas de contiguidade



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
LABORATÓRIO BIOGEMM – BIOPROSPECÇÃO E GENÉTICA
MOLECULAR DE MICRORGANISMOS



Março de 2027: Redação do relatório parcial e submissão no sistema

Abril a junho de 2027: Desenvolvimento e refinamento do dashboard interativo

Julho a agosto de 2027: Redação do relatório final e submissão no sistema; elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica

Plano 08 – Mecanismos de defesa contra elementos transponíveis: RIP e metilação em *Dothideomycetes*

Objetivo geral

Caracterizar a ocorrência e a extensão do processo de RIP (*Repeat-Induced Point mutation*, mutação de ponto induzida por repetição) e identificar genes codificadores de metilases envolvidas nesse mecanismo em genomas de *Dothideomycetes*, investigando a relação entre a atividade de RIP e a composição e dinâmica de elementos transponíveis.

Metas

- Detectar e quantificar assinaturas de RIP em genomas de *Dothideomycetes* utilizando a ferramenta The RIPper
- Identificar genes duplicados potencialmente sujeitos a RIP por meio de BLASTp
- Identificar e caracterizar genes codificadores de metilases do tipo RID e homólogas nos genomas analisados
- Correlacionar a extensão do RIP com o perfil e a abundância de elementos transponíveis
- Comparar os padrões de RIP e a presença de metilases entre espécies com diferentes histórias evolutivas e modos de vida

Metodologia simplificada

- Detecção de RIP a partir de análises com a ferramenta The RIPper, que emprega índices TpA/ApT e perfil de composição de dinucleotídeos como assinaturas de RIP
- Identificação de genes duplicados a partir da busca recíproca de melhores hits por BLASTp para detecção de duplicações potencialmente sujeitas a RIP
- Busca por metilases do tipo RID e homólogas usando perfis HMM (Pfam/HMMER) e BLASTp contra sequências de referência já caracterizadas para outros ascomycetos
- Correlação com TE a partir da integração das métricas de RIP com dados de anotação de elementos transponíveis (gerados por outros projetos do grupo de pesquisa BioGeMM e também obtidos de outros trabalhos na literatura)
- Análise comparativa e investigação dos padrões de RIP observados entre grupos de *Dothideomycetes* com diferentes histórias evolutivas, modos de vida e estratégias reprodutivas

Cronograma simplificado de atividades



Setembro a outubro de 2026: Revisão bibliográfica, familiarização com o ambiente Linux/ferramentas e bancos de dados públicos

Outubro a dezembro de 2026: Seleção de genomas e execução do The RIPper; identificação de genes duplicados por BLASTp

Janeiro a março de 2027: Busca e caracterização de metilases; correlação com o perfil de elementos transponíveis

Março de 2027: Redação do relatório parcial e submissão no sistema

Abril a junho de 2027: Análise comparativa entre grupos; integração e interpretação dos resultados

Julho a agosto de 2027: Redação do relatório final e submissão no sistema; elaboração de resumo e preparação do pôster/apresentação para o evento institucional de Iniciação Científica

Atualização 01 (26 de maio de 2026): documento corrigido para incluir o plano de trabalho 08, que estava ausente na versão original.

Curitiba, 26 de maio de 2026

Prof^a Desirrê Petters Vandresen

Departamento de Genética, Setor de Ciências Biológicas (UFPR)