

DISCIPLINA: PRÁTICAS EM FILOGENIA MOLECULAR

CÓDIGO: PPGBV-993

NATUREZA: Eletiva

NÚMERO DE CRÉDITOS: 03

CARGA HORÁRIA: 45 horas

NÍVEL: Mestrado e Doutorado

TIPO DE COMPONENTE: (X) DISCIPLINA () TÓPICOS ESPECIAIS () SEMINÁRIOS

EMENTA

Disponibilizar ao aluno a prática na interpretação e métodos de análise de métodos contemporâneos em Filogenia Molecular, incluindo discussões sobre conceitos em cladística, fontes de evidências para a sistemática, métodos de inferência filogenética, relógio molecular e métodos de reconstrução de caracteres.

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

TEORIAS (15 horas):

Introdução à Sistemática Filogenética vegetal:

- Conceito de sistemática
- Homologia
- Homoplasias: Paralelismo e reversão
- Grupos externos
- Fontes de informação filogenética
- Bioinformática
- Principais caracteres moleculares
- Como fazer uma filogenia molecular?

Métodos de Inferência filogenética:

- Conceitos básicos
- Montando um conjunto de dados
- Alinhamento de sequências
- Como são construídas as árvores filogenéticas?
- Neighbor Joining
- Máxima parcimônia
- Máxima verossimilhança
- Inferência Bayesiana

Filogeografia e Relógio Molecular:

- Dispersão x vicariância
- Estudos de caso

- Relógio molecular

Evolução de caracteres:

- Métodos
- Estudos de caso

PRÁTICAS (30 horas):

- Busca em bancos de dados e métodos de alinhamento
- Construção de árvores filogenéticas
- Análise de relógio molecular usando o BEAST
- Métodos de análise de evolução de caracteres
- Apresentação de relatórios

METODOLOGIA:

Aulas expositivas teóricas acompanhadas de discussão de textos científicos (capítulos de livros e artigos científicos) relativos ao tema abordado. Aulas práticas de bioinformática através de uso de diferentes softwares e abordagens em filogenia molecular.

AVALIAÇÃO:

Seminários de apresentação de relatórios referentes às atividades práticas.

BIBLIOGRAFIA

BIBLIOGRAFIA PRINCIPAL:

- BALDAUF, S. L. 2003. Phylogeny for the faint of heart: a tutorial. *TRENDS in Genetics*, 19(6), 345-351.
- DRUMMOND, A. J., & RAMBAUT, A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC evolutionary biology*, 7(1), 214.
- JUDD, W.; CAMPBELL, C.; KELLOG, E. & STEVENS, P. 1999. *Plant Systematics: a phylogenetic approach*. Sinauer, Sunderland.
- KEARSE, M., et al. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647-1649.
- LEMEY, P. (2009). *The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. Cambridge University Press.
- LOMOLINO, M. V., RIDDLE, B. R., BROWN, J. H., & BROWN, J. H. 2006. *Biogeography* (pp. 227-74). Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- MADDISON, W. P. and D.R. MADDISON. 2011. *Mesquite: a modular system for evolutionary analysis*. Version 2.75 [<http://mesquiteproject.org>]
- SIMPSON, M. 2006. *Plant Systematics*. Elsevier, Amsterdam
- SOLTIS, D. et al. 2005. *Phylogeny and evolution of Angiosperms*. Sinauer Ass, Sunderland.

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM

Biologia Vegetal

Universidade Federal de Pernambuco

SOLTIS, D.; SOLTIS, P. & DOYLE, J. 1998. Molecular Systematics. Edward Arnold, London.

Disciplina criada em maio de 2017.