

	<b>UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB</b> Recredenciada pelo Decreto Estadual nº 9.666 de 05.05.2006 <b>Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação – PPGGBC</b>				<b>PLANO DE CURSO</b>
<b>CÓDIGO</b>	<b>CURSO</b>	<b>DISCIPLINA</b>	<b>PRÉ-REQUISITO</b>		
MGBC083	Mestrado em Genética, Biodiversidade e Conservação	Delimitação de espécies com dados genéticos	Nenhum		
<b>C.H. SEMESTRAL</b>	<b>PROFESSOR</b>	<b>C.CRÉDITO</b>	<b>ANO</b>	<b>PERÍODO LETIVO</b>	
45h	Jamille de Araújo Bitencourt	3		1º semestre	
<b>EMENTA</b>					
A disciplina procura desenvolver uma base teórica e prática para a delimitação de espécies utilizando ferramentas genéticas que incluem análise de DNA barcode, utilização de algoritmos de delimitação Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs), reconstrução de filogenias moleculares, caracterização citogenética e integração de dados cromossômicos em estudos filogenéticos. Nesse sentido, será abordado o histórico e arcabouço conceitual da classificação biológica, assim como os métodos taxonômicos tradicionais e suas limitações, as aplicações de dados moleculares na delimitação de espécies e reconstrução de filogenias, e a utilização dos dados cariotípicos voltados a estudos citotaxonomicos. A disciplina também inclui a utilização dos principais métodos e softwares para análise e interpretação dos dados a partir dos resultados gerados ao longo do curso.					
<b>OBJETIVO GERAL</b>					
Fornecer aos estudantes fundamentação teórica e capacitação para utilização de métodos padronizados e inovadores de delimitação de espécies por meio de marcadores moleculares e citogenéticos.					
<b>CONTEÚDO PROGRAMÁTICO</b>					
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Apresentação da ementa, objetivos e formas de avaliação da disciplina;</li> <li>• Histórico da classificação Biológica;</li> <li>• Crise na reprodutibilidade na delimitação de espécies;</li> <li>• Espécies críptica e Complexo de espécies;</li> <li>• Conceito X Delimitação de Espécies;</li> <li>• Zonas Cinzentas;</li> <li>• Taxonomia Integrativa;</li> <li>• Escolha do grupo de interesse por parte dos alunos para avaliação da disciplina;</li> <li>• Instalação de programas para as análises moleculares;</li> <li>• Obtenção de sequências de plataformas gratuitas (GenBank e BOLD);</li> <li>• Edição e alinhamento de sequências utilizando o software Bioedit;</li> <li>• Construção de contigs utilizando o software DNA baser e Bioedit;</li> <li>• Tradução de sequências software Mega7;</li> <li>• Delimitação de espécies com dados moleculares (MOTUs) e suas vantagens;</li> <li>• Como chegar à sequência;</li> <li>• Introdução ao DNA barcode e ao Barcode Index Number (BIN);</li> <li>• Utilização de filogenia moleculares na delimitação;</li> <li>• Etapas da reconstrução de uma árvore: alinhamento e escolha de modelos evolutivos;</li> <li>• Introdução aos métodos probabilísticos de reconstrução filogenética: Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana;</li> <li>• Inferindo a confiabilidade dos ramos: Método de Bootstrap;</li> </ul>					

- Análises de distância e construção de árvores pelo método *Neighbor Joining* no software Mega7;
- Determinação de modelos evolutivos utilizando os programas jModelTest e Kakuzan;
- Reconstrução filogenética com métodos probabilísticos: Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana utilizando os softwares RaxML e MrBayes, implementados na plataforma Cipres;
- Edição de árvores filogenéticas no Figtree 1.4.2;
- Abordagens coalescentes;
- Introdução aos algoritmos de delimitação de espécies;
- Funcionamento e interpretação do ABGD;
- Funcionamento e interpretação do bPTP e PhyloMap;
- Funcionamento e interpretação do PTP e mPTP PTP;
- Funcionamento e interpretação do GMYC e mGMYC;
- Determinação de haplótipos utilizando o software Haploview;
- Utilização dos algoritmos de delimitação de espécies ABGD, bPTP, PhyloMap, PTP, mPTP PTP, GMYC e mGMYC;
- Edição de imagem para apresentação dos resultados utilizando o Photoshop;
- Importância da citogenética na delimitação de espécies (Citotaxonomia);
- Obtenção de dados cariotípicos para delimitação de espécies;
- Integração de caracteres cromossômicos a filogenias;
- Métodos para análise integrada (Citogenética e Filogenia Molecular);
- Introdução ao Mesquite – modelos e reconstrução de caracteres;
- Determinação dos caracteres citogenéticos utilizados na reconstrução
- Reconstrução de caracteres ancestrais no Mesquite
- Fechamento dos trabalhos
- Avaliação da disciplina: Apresentação do trabalho;
- Avaliação da disciplina: Apresentação do trabalho;

#### **PROCEDIMENTO**

Aulas expositivas e exercícios práticos.

#### **AVALIAÇÃO**

Apresentação do trabalho que será construído ao longo da disciplina;

#### **DISTRIBUIÇÃO DA CARGA HORÁRIA**

UNIDADE	PERÍODO	Nº DE AULAS
I	1ª semana	15
II	2ª semana	15
III	3ª semana	15

#### **BIBLIOGRAFIA**

AMORIM, D. S. Fundamentos de sistemática filogenética. Ribeirão Preto: Holos Editora. 314 p., 2002.  
 COX, C.B.; MOORE, P.D. Biogeography, an Ecological and Evolutionary Approach. 5.ed. Cambridge: Blackwell Science, 1993.  
 MATIOLI, S. R. & FERNANDES, F. M. C. Biologia Molecular e Evolução. Ribeirão Preto: Ed. Hollos, 2ª. ed. 2012.  
 SCHNEIDER, H. Método de Análise Filogenética - Um guia Prático. 3a. Edição, Sociedade Brasileira de Genética, 2007.  
 WILEY, E. O. & LIEBERMAN, B. S. Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetic Systematics, 2a ed.. Wiley-Blackwell. John Wiley & Sons, Inc. 2011.  
 TURCHETTO-ZOLET, A. C.; SEGATTO, A. L. A.; TURCHETTO, C.; PALMA-SILVA, C.; FREITA, L. B. Guia prático para estudos filogeográficos. 1ª ed. Sociedade Brasileira de Genética, 2013.

Bibliografia complementar

Artigos científicos publicados nos periódicos *Evolution*, *Molecular Ecology*, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *BMC Evolutionary Biology* entre outros.

Blog do Horácio Schneider (<http://horacio-schneider.blogspot.com.br/>)

**RECURSOS MULTIMÍDIA**

Datashow