

	UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDESTE DA BAHIA – UESB Recredenciada pelo Decreto Estadual nº 9.666 de 05.05.2006 Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação – PPGGBC			PLANO DE CURSO
CÓDIGO	CURSO	DISCIPLINA	PRÉ-REQUISITO	
MGBC083	Mestrado em Genética, Biodiversidade e Conservação	Delimitação de espécies com dados genéticos	Nenhum	
C.H. SEMESTRAL	PROFESSOR	C.CRÉDITO	ANO	PERÍODO LETIVO
45h		3		1º semestre
EMENTA				
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.				
OBJETIVO GERAL				
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.				
CONTEÚDO PROGRAMÁTICO				
<ul style="list-style-type: none"> ● Apresentação da ementa, objetivos e formas de avaliação da disciplina; ● Histórico da classificação Biológica; ● Crise na reprodutibilidade na delimitação de espécies; ● Espécies críptica e Complexo de espécies; ● Conceito X Delimitação de Espécies; ● Zonas Cinzentas; ● Taxonomia Integrativa; ● Escolha do grupo de interesse por parte dos alunos para avaliação da disciplina; ● Instalação de programas para as análises moleculares; ● Obtenção de sequências de plataformas gratuitas (GenBank e BOLD); ● Edição e alinhamento de sequências utilizando o software Bioedit; ● Construção de contigs utilizando o software DNA baser e Bioedit; ● Tradução de sequências software Mega7; ● Delimitação de espécies com dados moleculares (MOTUs) e suas vantagens; ● Como chegar à sequência; ● Introdução ao DNA barcode e ao Barcode Index Number (BIN); ● Utilização de filogenia moleculares na delimitação; ● Etapas da reconstrução de uma árvore: alinhamento e escolha de modelos evolutivos; ● Introdução aos métodos probabilísticos de reconstrução filogenética: Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana; ● Inferindo a confiabilidade dos ramos: Método de Bootstrap; ● Análises de distância e construção de árvores pelo método <i>Neighbor Joining</i> 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
