

Disciplina: BIOINFORMÁTICA E EVOLUÇÃO APLICADA A DIVERSIDADE ANIMAL (2002079)

Créditos: 03

Carga Horária: 45 horas

Objetivos: Apresentar ao estudante de pós-graduação métodos computacionais que possam ser aplicados em qualquer grupo animal de interesse do estudante, integrando o estudo da diversidade animal à outras áreas da biologia, como bioinformática, evolução, ecologia e paleontologia.

Ementa: Aulas teóricas e práticas abordando os conceitos e técnicas computacionais utilizadas no estudo evolutivo dos diversos grupos de animais.

- 1) Bioinformática: conceitos, histórico e aplicabilidade
- 2) Banco de dados públicos de sequências: Acesso aos bancos de dados e obtenção de sequências dos grupos de interesse.
- 3) Edição de texto e montagem dos datasets: Preparação dos datasets de interesse, manipulação dos programas de edição de texto, apresentação de arquivos de texto em diferentes formatos, como Fasta, Phylip, Newick, Nexus, txt;
- 4) Alinhamento das sequências: conceitos e principais softwares para alinhamento de sequências nucleotídicas, como Mega, Mafft e SeaView;
- 5) Modelos Evolutivos de Sequências: conceitos e estimativa de modelos evolutivos utilizando o programa JModelTest na plataforma Mega;
- 6) Reconstrução filogenética: conceitos e softwares para estimativa de árvores filogenética com base em dados moleculares;
- 7) Datação molecular: conceitos, calibrações, e estimativas do tempo de origem e divergência dos diversos grupos de animais de interesse;
- 8) Reconstrução de caracteres ancestrais: escolha dos caracteres morfológicos, comportamentais, ecológicos, dentre outros para traçar a história evolutiva dos mesmos dentro do grupo de interesse;
- 9) Diversificação das espécies: estimativas da taxa de diversificação ao longo do tempo evolutivo do grupo de interesse;
- 10) Delimitação de espécies: conceitos e estimativas para delimitar agrupamentos estatisticamente evolutivos com base no conceito filogenético de espécies;
- 11) Apresentar softwares para edição de árvores filogenéticas para confecção de pranchas e publicação dos dados;

Bibliografia:

Bromham, L. 2008. *Reading the Story in DNA. A beginner's guide to molecular evolution.* Oxford, 369p.

Bromham, L. 2016. An Introduction to Molecular Evolution and Phylogenetics. 2nd UK ed. Edition, 536p.

Nei, M; Kumar, S. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics, Oxford University Press, USA;333p.

Lemey, P.; Salemi, M;Vandamme, A. 2016. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. Cambridge University Press, 723p.

Wiley, E.O.; Lieberman, B.S. 2011. Phylogenetics: The Theory of Phylogenetic Systematics, Wiley-Blackwel, 406p.

Felsenstein, J. 2003. Inferring Phylogenies, Sinauer Associates is an imprint of Oxford University Press, 580p