



Universidade Federal de Uberlândia – Instituto de Biologia

Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais
Campus Umuarama – Bloco 2D – Sala 26 – Uberlândia (MG) – CEP: 38405-320



(034) 3225-8641 www.ppgeco.ib.ufu.br ecologia@umuarama.ufu.br

CURSO DE MESTRADO ACADÊMICO

CURSO DE DOUTORADO

FICHA DA DISCIPLINA

DISCIPLINA: Tópicos Especiais em Ecologia I: Estimativa Filogenética e Relógio Molecular

CÓDIGO: ECR42B

U.A.: Instituto de Biologia

CRÉDITOS: 02

CH TOTAL: 30 h/a

CH Prática:

CH Teórica: 30 h/a

PRÉ-REQUISITO: computador/notebook pessoal com no mínimo 4GB de espaço livre. Sistema Operacional: Windows 7 ou superior.

CORREQUISITO:

DOCENTES: Profa. Dra. Camila Vieira

COLABORADOR: Msc. Maryanna Cristiano Simão (UNESP – S. J. Rio Preto)

OBRIGATÓRIA

OPTATIVA

EMENTA E PROGRAMA

PROGRAMA DA DISCIPLINA:

1- Princípios da Biologia Evolutiva e Processo de Ramificação

1.1- Evolução e Tipos de Seleção

1.2- Deriva genética

1.3- Especiação

1.4- Evolução molecular

Endereço postal – Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais
Av. Pará, 1720, Bloco 2D Sala 26 – Campus Umuarama
Uberlândia – MG
CEP: 38.405-320



1.4.1. Teoria Neutra e Teoria Aproximadamente Neutra

1.4.2. Relógio Molecular

1.4.3. Testes de Seleção (Positiva, Purificadora e Neutra)

2- Busca de sequências em bancos de dados genéticos

2.1-Alinhamento de sequências

2.1.1-Algoritmos de alinhamento

3-Modelos de substituição nucleotídica

4- Inferências filogenéticas

4.1- Máxima Verossimilhança

4.2 -Inferência Bayesiana

5- Estimativas de Tempo de Divergência

Programas a serem utilizados:

MEGA 7.1

MEGA 6.0

BIOEDIT

MESQUITE

BEAST V1.6.1

TRACER V1.6.1

FIGTREE V1.4.2

BIBLIOGRAFIA:

Livros

Barton, N. H., D. E. G. Briggs, J. A. Eisen, D. B. Goldstein, N. H. Patel. 2007. Cold Spring

Endereço postal – Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais

Av. Pará, 1720, Bloco 2D Sala 26 – Campus Umuarama

Uberlândia – MG

CEP: 38.405-320



Harbor Laboratory Press.

Bolstad, W. M. & J. M. Curran. 2016. Introduction to Bayesian Statistics. John Wiley & Sons.

Drummond, A. J. & R. R. Bouckaert. 2015. Bayesian Evolutionary Analysis with BEAST. Cambridge University Press.

Li, H.-H. & D. Graur, D. 1991. Fundamentals of molecular evolution. Sinauer Associates, Sunderland.

Matioli, S. R. 2004. Biologia Molecular e Evolução. Holos.

Nei, M. & S. Kumar. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York.

Salemi, M. & A. M. Vandamme. 2003. The Phylogenetic Handbook: A Practical approach to DNA and Protein Phylogeny. Cambridge University Press.

Artigos:

Altschul, S. F., et al. 1990. Basic local alignment search tool. Journal of Molecular Biology 215: 403-410.

Ayala, F. J. 1997. Molecular clock mirages. Primates 8: 9.

Benjamin, S. P., et al. 2008. Family ties: molecular phylogeny of crab spiders (Araneae: Thomisidae). Cladistics 24: 708-722.

BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D. & Rambaut, A. 2012.

Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. Molecular Biology & Evolution 29: 1969-1973.

Bromham, L. & Penny, D. 2003. The modern molecular clock. Nature Reviews Genetics 4: 216-224.

Duffy, S., Shackelton, L. A. & Holmes, E. C. Rates of evolutionary change in viruses: patterns



and determinants. *Nature Reviews Genetics* 9.4: 267-276.

Cutter, A. D. 2008. Divergence times in *Caenorhabditis* and *Drosophila* inferred from direct estimates of the neutral mutation rate. *Molecular Biology and Evolution* 25: 778-786.

Drummond, A. J., et al. 2006. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. 2006. *PLoS Biology* 4.5: e88.

Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: A multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC Bioinformatics* 19: 113.

Ho, S. Y. W. et al. 2011. Time-dependent rates of molecular evolution. *Molecular Ecology* 20: 3087-3101.

Holder, M. & Lewis, P. O. 2003. Phylogeny estimation: Traditional and Bayesian approaches. *Nature Reviews Genetics* 4: 275-284.

Huelsenbeck, J. P. & Ronquist, F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny trees. *Bioinformatics* 17:754-755.

Huelsenbeck, J. P., et al. 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology. *Science* 294: 2310-2314. Katoh, K., et al. 2002.

MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic Acids Research* 30: 3059-3066.

Katoh, K., Kuma, K., Toh, H. & Miyata, T. 2005. MAFFT version 5: improvement in accuracy of multiple sequence alignment. *Nucleic Acids Research* 33: 511-518.

Katoh, K. & Standley, D. M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* 30: 772-780.

Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16:111-120.

Kumar, S. 2005. Molecular clocks: four decades of evolution. *Nature Reviews Genetics*. 6: 654-662.

Kumar, S.; Stecher, G. & Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetic Analysis



version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870-1874.

Long, M. et al. 2013. New gene evolution: little did we know. *Annual Review of Genetics* 47: 307-333.

Obbard, D. J. et al. 2012. Estimating divergence dates and substitution rates in the *Drosophila* phylogeny. *Molecular Biology and Evolution* 29: 3459-3473.

Pulquerio, M. J. F. & Nichols, R. A. 2007. Dates from the molecular clock: how wrong can we be? *Trends in Ecology & Evolution* 22: 180-184.

Russo, C. A., Takezaki, N. & Nei, M. Molecular phylogeny and divergence times of drosophilid species. *Molecular Biology and Evolution* 12: 391-404.

Tamura, K. & Nei, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10: 512-26.

Tamura, K., Nei, M. & Kumar, S. 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 101:11030-11025.

Yang, Z. & Rannala, B. 2012. Molecular phylogenetics: principles and practice. *Nature Reviews Genetics* 13: 303-314.