

Table of Contents

Ementa	1
Detalhes	1
Programa	1
Dia 24 - Introdução	1
Dia 25 - Evolução de caracteres + Filogenia e Taxonomica	2
Dia 26 - Gene Trees vs Species Trees	3
Dia 27 Parcimônia	4
Dia 28	5
Dia 02 Inferência Filogenética - Máxima Verosimilhança e métodos Bayesianos	5
Dia 03 Estatística para Teste de Hipóteses Filogenéticas	5
Dia 04 Usando Árvore para entender diversificação no espaço e no tempo	6
Dia 05 Usando Árvores para entender evolução de caracteres	6
Projeto Final	6
Links	7
Apoio à Professores	7

Teoria e Prática de Sistemática Filogenética

Ementa

Princípios da sistemática filogenética e pensamento filogenético (tree thinking), reconstrução filogenética, interpretação de árvores filogenéticas e uso de filogenias.

Detalhes

Local: Sala de aula da Pós-Graduação em Botânica do INPA

Data: 24 de abril a 05 de Maio de 2017

Professores:

- Alberto Vicentini - alberto.vicentini@inpa.gov.br
- Mário Henrique Terra Araujo - araujo.mht@gmail.com
- Eduardo Prata - eduardombprata@gmail.com

Programa

Durantes a disciplina estudaremos o livro [Tree Thinking de Baum & Smith 2013](#), um ou dois capítulos por dia. E completaremos a sua leitura com atividades práticas, para as quais cada aluno deverá trabalhar dados moleculares (e traits) de sua escolha, que poderão ser obtidos da internet, de artigos científicos, ou seus dados preeliminares.

Como a leitura será feita em sala de aula seguida de discussão e atividade de estruturação das idéias em grupo, é muito importante a participação ativa de todos os alunos durante o período das aulas.

Para a avaliação serão pontuados: a participação nas atividades em sala de aula, os exercícios feitos em sala de aula e um relatório final das análises feitas com os dados moleculares de sua escolha.

PARTE I - INTERPRETANDO FILOGENIAS

Dia 24 - Introdução

- **Manhã - 8:00 as 12:00**
- Leitura em sala de aula *Capítulo II - Tree Thinking and Its Importance in the Development of Evolutionary Biology* de [Baum & Smith 2013](#).
- Apresentação [Tree Thinking vs. Escala da Natureza](#)
- **Tarde - 14:00 as 18:00**

- Leitura em sala de aula *Capítulo III - What a Phylogenetic Tree Represents* de [Baum & Smith 2013](#).
- <http://www.wwnorton.com/college/biology/evolution/animations.aspx> - ver animação sobre árvore filogenética
- [quizcapitulo03.pdf](#) - Quiz do capítulo 03 - fazer em aula, anotando as respostas no PDF
- Correção do Teste e do Quiz
- TAREFA DE CASA
- Fazer o Quiz dos Capítulos 2
- Leitura Adicional Recomendada:
 - [\(Crisp and Cook, 2005\)](#)
 - [\(Gontier, 2011\)](#)
 - [\(Nee et al., 2005\)](#)
 - [\(Ohara, 1997\)](#)
 - [\(Omland et al., 2008\)](#)

A. M. Crisp, L. Cook, Mar 2005. [Do early branching lineages signify ancestral traits?](#). *Trends in Ecology & Evolution*, 20, Elsevier BV, pp.122–128, ISSN 0169-5347.

B. Nathalie Gontier, 2011. [Depicting the Tree of Life: the Philosophical and Historical Roots of Evolutionary Tree Diagrams](#). *Evolution: Education and Outreach*, 4, pp.515–538, ISSN 1936-6434.

C. Sean Nee, May 2005. [The great chain of being](#). *Nature*, 435, Nature Publishing Group, pp.429–429, ISSN 1476-4679.

D. Robert Ohara, 1997. [Population Thinking and Tree Thinking in Systematics](#). *Zoologica Scripta*, 26, pp.323-329.

E. Kevin E. Omland, Lyn G. Cook, Michael D. Crisp, Sep 2008. [Tree thinking for all biology: the problem with reading phylogenies as ladders of progress](#). *BioEssays*, 30, Wiley-Blackwell, pp.854–867, ISSN 1521-1878.

Dia 25 - Evolução de caracteres + Filogenia e Taxonomica

- **Manhã - 8:00 as 12:00**
 - Leitura em sala de aula *Capítulo III - Trait Evolution* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Apresentação [Evolução de Caracteres](#)
- **Tarde - 14:00 as 18:00**
 - Fazer o [Quiz do Capítulo 4](#)
 - Leitura em sala de aula *Capítulo IV - Relatedness and Taxonomy* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Construção coletiva da apresentação
 - [05_filogeniaetaxonomia.pptx](#) - arquivo powerpoint com as imagens do capítulo
- TAREFA DE CASA
 - Fazer o Quiz dos Capítulos 5 [quizcapitulo05.pdf](#)
 - Conceitos para explorar:
 - [Evolução concertada](#) - caso do marcador ITS, que é muito usado em filogenia apesar da paralogia de suas múltiplas cópias. Em função de Evolução concertada, o efeito da paralogia das múltiplas cópias é minimizado, pois elas se tornam homólogas
 - [O que é deriva genética](#)
 - Leitura Adicional Recomendada:

- Filogenia e Taxonomia:
 - (Kevin de Queiroz, 2006)
 - (Max C. Langer, 2001)
 - (Stevens, 1997)
 - (Stevens, 1997)
- Evolução e Homologia
 - (Mario C. C. Pinna, 1991)
 - (Russell D. Fernald, 2004)
 - (Quentin C. B. Cronk, 2001)
 - (BRIAN K. HALL, 2003)
 - (Heard et al., 2014)

A. Kevin de Queiroz, 2006. [The PhyloCode and the Distinction between taxonomy and Nomenclature](#). *Systematic Biology*, 55, pp.160 - 162.

B. Max C. Langer, 2001. [Linnaeus and the PhyloCode: where are the differences?](#). *Taxon*, pp.1091 - 1096.

C. Peter F. Stevens, 1997. [How to Interpret Botanical Classifications: Suggestions from History](#). *BioScience*, 47, American Institute of Biological Sciences, Oxford University Press, pp.243-250, ISSN 00063568, 15253244.

D. Peter F. Stevens, 1997. [Mind, memory and history: How classifications are shaped by and through time, and some consequences](#). *Zoologica Scripta*, 26, Blackwell Publishing Ltd, pp.293-302, ISSN 1463-6409.

E. Mario C. C. Pinna, Dec 1991. [CONCEPTS](#). *Cladistics*, 7, Wiley-Blackwell, pp.367-394, ISSN 1096-0031.

F. Russell D. Fernald, 2004. [Eyes: Variety Development and Evolution](#). *Brain Behav Evol*, 64, S. Karger AG, pp.141-147, ISSN 0006-8977.

G. Quentin C. B. Cronk, Aug 2001. [Plant evolution and development in a post-genomic context](#). *Nature Reviews Genetics*, 2, Nature Publishing Group, pp.607-619, ISSN 1471-0064.

H. BRIAN K. HALL, 2003. [Descent with modification: the unity underlying homology and homoplasy as seen through an analysis of development and evolution](#). *Biological Reviews*, 78, Blackwell Publishing Ltd, pp.409-433, ISSN 1469-185X.

I. Edith Heard, Robert A. Martienssen, 2014. [Transgenerational Epigenetic Inheritance: Myths and Mechanisms](#). *Cell*, 157, pp.95 - 109.

Dia 26 - Gene Trees vs Species Trees

• Manhã - 8:00 as 12:00

- Leitura em sala de aula *Capítulo 6 - Gene Trees and Species Trees* de [Baum & Smith 2013](#).
- Apresentação [06_genetreesvsspeciestrees_bot99_2017.pdf](#)

• Tarde - 14:00 as 18:00

- Preparação de dados para as atividades práticas. Você deverá preparar:
 - Uma ou duas matrizes de dados moleculares para um grupo taxonômico de sua escolha. Não deve ser muito grande (10-20 terminais) e deve incluir alguns grupos externos (para enraizamento das filogenias)
 - Uma matriz de caracteres morfológicos, ecológicos e/ou geográficos (e.g. área de ocorrência) para esses táxons, que serão usados para reconstrução de caracteres

ancestrais. Não precisa de muitos caracteres, mas precisa da informação para todos os táxons da sua matriz molecular (incluindo para os grupos externos).

- Pode usar seus dados
- [Tutorial e links para repositórios e dados](#)

• TAREFA DE CASA

- Fazer o Quiz dos Capítulos 6
- Instalar softwares no seu computador
- [Edição especial da Science sobre uso de Genomas Completos em estudos evolutivos](#)
- Leitura Adicional Recomendada:
 - [\(Flagel et al., 2009\)](#)
 - [\(Wendel et al., 2015\)](#)
 - [\(van Heerwaarden et al., 2011\)](#)
 - [\(Szollosi et al., 2014\)](#)
 - [\(Gogarten et al., 2005\)](#)
 - [\(Jakob et al., 2006\)](#)

A. Lex E. Flagel, Jonathan F. Wendel, Aug 2009. [Gene duplication and evolutionary novelty in plants](#). *New Phytologist*, 183, Wiley-Blackwell, pp.557-564, ISSN 1469-8137.

B. Jonathan F. Wendel, Corrinne E. Grover, 2015. [Taxonomy and Evolution of the Cotton Genus, *Gossypium*](#). *Cotton*, Madison, WI: American Society of Agronomy, Inc., Crop Science Society of America, Inc., and Soil Science Society of America, Inc.

C. Joost van Heerwaarden, John Doebley, William H. Briggs, Jeffrey C. Glaubitz, Major M. Goodman, Jose de Jesus Sanchez Gonzalez, Jeffrey Ross-Ibarra, 2011. [Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces](#). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108, pp.1088-1092.

D. Gergely J. Szöllősi, Eric Tannier, Vincent Daubin, Bastien Boussau, 2014. [The inference of gene trees with species trees](#). *Systematic Biology*.

E. J. Peter Gogarten, Jeffrey P. Townsend, 2005. [Horizontal gene transfer, genome innovation and evolution](#). *Nat Rev Micro*, 3, Nature Publishing Group, pp.679-687, ISSN 1740-1526.

F. Sabine S. Jakob, Frank R. Blattner, 2006. [A Chloroplast Genealogy of *Hordeum* \(Poaceae\): Long-Term Persisting Haplotypes, Incomplete Lineage Sorting, Regional Extinction, and the Consequences for Phylogenetic Inference](#). *Molecular Biology and Evolution*, 23, pp.1602-1612.

PARTE II - INFERÊNCIA FILOGENÉTICA

Dia 27 Parcimônia

- **Manhã - 8:00 as 12:00 e Tarde - 14:00 as 18:00**
 - Leitura em sala de aula *Capítulo 7 - Phylogenetic Inference with Parsimony* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Quiz do capítulo em sala de aula (pgs. 208-215) e [exercicio_parcimonia.doc](#)
 - Análises dos dados

- [Etapa 01 - Inferência de Homologia Primária](#)
- [Etapa 02 - Inferência por Parcimônia](#)
- TAREFA DE CASA
 - Leitura Adicional Recomendada
 - [\(Bergsten, 2005\)](#)
 - [\(Morrison, 2015\)](#)

A. J. Bergsten, 2005. [A review of long-branch attraction](#). *Cladistics*, 21, pp.163–193.

B. David A. Morrison, 2015. [Is Sequence Alignment an Art or a Science?](#). *Systematic Botany*, 40, pp.14–26.

Dia 28

GREVE GERAL NO BRASIL - NÃO HAVERÁ AULA - PARTICIPE

Dia 02 Inferência Filogenética - Máxima Verosimilhança e métodos Bayesianos

- **Manhã - 8:00 as 12:00 e Tarde - 14:00 as 18:00**
 - [Apresentação Modelos Evolutivos e ML](#)
 - Leitura em sala de aula *Capítulo 8 - Phylogenetic Inference with Distance Maximum Likelihood and Bayesian Methods* de [Baum & Smith 2013](#).
 - [Prática de Máxima Verosimilhança](#)

Dia 03 Estatística para Teste de Hipóteses Filogenéticas

- **Manhã - 8:00 as 12:00 e Tarde - 14:00 as 18:00**
 - Leitura em sala de aula *Capítulo 9 - Statistical Tests of Phylogenetic Hypotheses* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Quiz do capítulo em sala de aula
 - [Preparação de dados de múltiplos genes](#)
 - [Bootstrap - suporte dos clados](#)
 - [HPT - testando congruência entre marcadores](#)
-

Dia 04 Usando Árvore para entender diversificação no espaço e no tempo

- **Manhã - 8:00 as 12:00 e Tarde - 14:00 as 18:00**
 - Leitura em sala de aula *Capítulo 11 - Using Trees to Study Space, Time and Evolutionary Diversification* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Quiz do capítulo em sala de aula
 - [Prática de datação molecular](#)
 - [Prática de Species Tree](#)

Dia 05 Usando Árvores para entender evolução de caracteres

- **Manhã - 8:00 as 12:00 e Tarde - 14:00 as 18:00**
 - [Breve aula sobre reconstrução de caracteres](#)
 - Leitura em sala de aula *Capítulo 10 - Using Trees to Study Character Evolution* de [Baum & Smith 2013](#).
 - Quiz do capítulo em sala de aula
 - [Práticas de reconstrução de caracteres](#)
- TAREFA DE CASA
 - Leitura Adicional Recomendada: [\(Vicentini et al., 2008\)](#)



A. Alberto Vicentini, Janet C. Barber, Sandra S. Aliscioni, Liliana M. Giussani, Elizabeth A. Kellogg, 2008. [The age of the grasses and clusters of origins of C4 photosynthesis](#). *Global Change Biology*, 14, Blackwell Publishing Ltd, pp.2963-2977, ISSN 1365-2486.

Projeto Final

Prazo máximo: 05-06-2017

O projeto final da disciplina deve conter as análises dos dados que você compilou do GenBank durante a disciplina e deve conter, minimamente, as práticas de cada capítulo da parte II do livro:

- Uma descrição dos dados baixados (espécies, marcadores, outgroups) a partir dos arquivos gerados na [Preparação de dados de múltiplos genes](#). A tabela de metadados gerada, com os identificadores das sequências utilizadas deve ser incluída no relatório (um anexo ou tabela).
- Contextualize os dados de acordo com algumas perguntas do que você quer responder com eles
- Faça os alinhamentos dos dados gerados [Inferência de Homologia Primária](#), explore no Aliview os comandos no menu *Edit* (na parte de baixo, *reverse complement* e outros *reverse* e *complements*), e entenda porque é importante considerar isso no alinhamento do Mafft (adjust direction of sequence based on the 1st options). Brinque com o Gap Penalty e gere dois alinhamentos: 1) com o gap penalty padrão (PADRÃO); 2) outro com um gap penalty menor que 1 (GAPPY); 3) explore outros parâmetros

- [HPT - testando congruência entre os marcadores](#) - pode simplificar concatenando marcadores e cloroplasto e comparando cpdna com cada marcador nuclear e eles entre si. Faça uma tabela mostrando o resultado desses testes.
- Faça [Inferências por Parcimônia](#) dos dois alinhamentos gerados para apenas 1 marcador e produza dois gráficos mostrando o consenso stricto de cada análise. Compare os resultados.
- Com alinhamento PADRÃO, faça [Inferências por Parcimônia](#) para cada marcador ou marcadores concatenados (para os grupos que a comparação HPT não der significativa). Pode usar marcadores de cloroplasto concatenados nessas análises. Gere um consenso stricto para cada análise e compare os resultados.
- Faça uma [análise de bootstrap](#) para suporte dos cladogramas numa inferência de parcimônia para os dados usados no passo acima. (pode implementar este passo e o anterior na mesma análise no CIPRES, de fato tudo o que quiser fazer com os dados)
- Faça [inferências de Máxima Verossimilhança \(ML\)](#) para os dados usados no passo acima, usando PAUP e PhyML. Compare os resultados. Não precisa fazer análise de bootstrap no PAUP para ML.
-  **Fix Me!** Fazer uma análise bayesiana no Beast para todos os marcadores, fazendo uma datação relativa dos seus dados (se tiver calibrações por fósseis melhor)
-  **Fix Me!** Fazer uma reconstrução de caracteres ancestrais na topologia gerada no passo anterior para todas as variáveis, ecológicas, fenotípicas e geográficas que você quiser. (no mínimo 1).
- Discutir os resultados obtidos, escrevendo um pequeno artigo científico com tudo isso. Deve ter Resumo, Introdução, Metodologia, Resultados & Discussão, Referências.

Recursos Adicionais

Links

- <http://www.wwnorton.com/college/biology/evolution/animations.aspx> - excelente animações sobre evolução
- http://geneed.nlm.nih.gov/topic_subtopic.php?tid=48 - rico material para aulas em vários tópicos de biologia e auto-ensino. Inclui animações, vídeos, games e material de apoio à professores.
- [DNA Learning Center](#) - vários recursos visuais sobre biologia molecular e genética
- <http://www.tree-thinking.org/>
- <http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/home.php>

Apoio à Professores

- [Material de apoio à professores](#)

From:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/> - **Ecologia e Evolução de Plantas
Amazônicas**

Permanent link:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/doku.php?id=cursos:bot99:versao2017>

Last update: **13/14/2020 16:14**