

PPG-BIOLOGIA VEGETAL

Disciplinas do 2º semestre/2018 e da 1ª e 2ª metade do 2º semestre /2018

NT256 - TÓPICOS ESPECIAIS EM BIOLOGIA VEGETAL I – TURMA AOS

Tema: Métodos em Sistemática Molecular Vegetal II

Créditos: 3

Horário: Segunda-feira a sexta-feira, das 08:00 às 12:00 e das 14:00 – 18:00

Local/Sala: **IB-08, Exceto dia 07/11 que será no (IB-06), Prédio da CPG-IB**

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de 01/10/2018 a 01/12/2018) – **SERÁ MINISTRADA NO PERÍODO DE 05/11 a 09/11**

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **André Olmos Simões (Obs.: no caderno de horário da DAC consta a Samantha Koehler)**

Colaboradores: **Marcelo Monge Egea e Renata Souza de Oliveira**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Programa:

Serão apresentadas distintas abordagens em sistemática molecular vegetal com o intuito de introduzir os alunos abordagens diversas e contemporâneas da área. Nas duas últimas décadas, a sistemática filogenética assiste uma franca expansão relacionada ao desenvolvimento de novas técnicas analíticas e de ferramentas de bioinformática, por sua vez associadas à redução dos custos e à facilidade de obtenção dos dados. Tamanho progresso é evidenciado pela massiva quantidade de filogenias e novas ferramentas de análise disponíveis. Em razão da grande quantidade de dados existente, tornou-se possível o estudo de diversos eventos biológicos, como polimorfismos ancestrais, duplicação de genomas, permitindo a formação de parálogos e pseudogenes, e radiação adaptativa. O avanço da sistemática filogenética vem tornando-a cada vez mais integrada a outras áreas, com destaque para biogeografia, evolução, ecologia e conservação.

O curso de curta duração tem por objetivo fornecer aos estudantes de pós-graduação um panorama teórico-prático sobre algumas das atuais abordagens e desafios da sistemática filogenética vegetal, principalmente aquelas ligadas ao uso de dados gerados em sequenciamento de última geração. Espera-se que, ao final da disciplina, os alunos sejam capazes de começar o delineamento experimental de seus estudos de tese, através da seleção das mais promissoras abordagens e meios de análise do seu conjunto de dados, tendo em vista os diferentes problemas biológicos que podem ser enfrentados no desenvolvimento de seu trabalho.

Conteúdo: O curso tem como seu principal propósito a apresentação de diferentes metodologias de análise em bioinformática e de seus conceitos fundamentais, complementada por leitura e discussão de bibliografia básica, exposições teóricas e atividade prática.

Avaliação: Os alunos serão avaliados por seu desempenho nas atividades desenvolvidas em sala de aula ao longo do curso.

Organização: A disciplina será dividida em dois turnos, sendo aulas teóricas e práticas durante a manhã e atividades práticas ocorrendo no período da tarde (sala a confirmar no Instituto de Biologia).

Cronograma:

Aula 1: Apresentação da disciplina. Introdução ao histórico de metodologias utilizadas na Sistemática Vegetal.

Diferentes metodologias em sequenciamento de última geração (NGS) para aquisição de dados para filogenia.

Aula 2: Principais métodos computacionais para tratamento dos dados de NGS, controle de qualidade, montagem de gene e genomas. **Aula Prática:** Mapeamento de *reads* em referências e construção de contigs de regiões

genômicas de interesse para reconstrução filogenética.

Aula 3: Dificuldades na montagem de regiões genômicas de interesse e implicações biológicas. **Aula**

Prática: Programas de análise de cópias e alelos.

Aula 4: Introdução à análise de coalescência em sistemática vegetal, potencialidades, aplicações e limitações. Uso desta ferramenta para inferência filogenética. **Aula-prática:** Star_Beast2

Aula 5: Introdução à análise de coalescência em sistemática vegetal, potencialidades, aplicações e limitações. Uso desta ferramenta para delimitação de espécies com dados moleculares. **Aula-prática:** BPP e Star_Beast2

Bibliografia:

Godden GT.; Jordon-Thaden IE, Chamala S, Crowl AA, García N, Germain-Aubrey, CC, Heaney JM, Latvis M, Qi X, Gitzendanner MA. 2013. Making next-generation sequencing work for you: approaches and practical considerations for marker development and phylogenetics. *Plant Ecology & Diversity* 5(4): 427-450.

Kamneva OK, Syring J, Liston A, Rosenberg NA. 2017. Evaluating allopolyploid origins in strawberries (*Fragaria*) using haplotypes generated from target capture sequencing. *BMC Evol. Biol.* 17: 180.

Liu L, Wu S, Yu L. 2015. Coalescent methods for estimating species trees from phylogenomic data. *Jnl of Systematics Evolution* 53: 380-390. doi:10.1111/jse.12160

McCormack JE, Hird SM, Zellmer AJ, Carstens BC, Brumfield RT. 2013. Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. *Mol Phylogenet Evol.* 66(2):526-38.

Maddison WP. 1997. Gene Trees in Species Trees. *Systematic Biology* 46(3): 523–536.

NT256 - TÓPICOS ESPECIAIS EM BIOLOGIA VEGETAL I – TURMA MCA

Tema: Botanical Nomenclature Workshop: International Code of Nomenclature for algae, fungi and plants (Shenzhen Code, 2018)

(Lectures by: Dr. Kanchi N. Gandhi, Senior Nomenclatural Registrar, Harvard University Herbaria, U.S.A.)

Observação: A disciplina será ministrada em inglês

Créditos: 3

Horário: Segundas-feiras a Sextas-feiras das 09 às 10:00

Local/Sala: **IB-10, Prédio da CPG-IB**

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de 01/10/2018 a 01/12/2018) - **SERÁ MINISTRADA NO PERÍODO DE 29/10 a 02/11**

Vagas: 100

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Maria do Carmo Estanislau do Amaral**

Visitante: **Kanchi N. Gandhi**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Programa:

1st Day - 29.Oct.2018

1st lecture: An overview of nomenclature from pre-Linnaeus to the Shenzhen Code

2nd lecture: Review of the physical structure of the Shenzhen Code

2nd Day – 30.Oct.2018

3th lecture [Preamble, Ranks and Names of Taxa (appropriate Articles 1 – 5 and 16 – 28 of the Shenzhen Code)]

4th lecture [Status, Typification, Starting Points, Conservation, Sanctioning (Articles 6 – 15 of the Shenzhen Code)]

3rd Day - 31. Oct.2018

5th lecture [Effective Publication; Validity of Names Part I (Articles 29 – 39 of the Shenzhen Code)]

6th lecture [Validity of Names Part II] (Articles 40 – 45 of the Shenzhen Code)]

4th Day- 01.Nov.2018

7th lecture [Authorship Citation (Articles 46 – 50 of the Shenzhen Code)]

8th lecture [Rejection of Names-I (Articles 51 – 53 of the Shenzhen Code)]

9th lecture [Rejection of Names-II (Articles 54 – 59 of the Shenzhen Code)]

5th Day- 02.Nov.2018

10th lecture [Orthography (Articles 60 – 62 of the Shenzhen Code)]

11th lecture [hybrid names]

12th lecture [Fungal Code]

Cronograma:

As aulas serão ministradas de 29/10/2018 a 02/11/2018 (inclusive)

Bibliografia:

McNeill, J. et al. 2018. International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code)

Nicolson, D. N. 1974. Orthography of names and epithets. *Taxon* **23**: 163-177; 549-561; 843-851.

Nicolson, D. N. 1986. Species Epithets and Gender Information. *Taxon* **35**: 323-328.

Nicolson, D. N. 1991. A history of botanical nomenclature. *Ann. Missouri Bot. Gard.* **78**: 33-56.

Stearn, W. T. 1983. *Botanical Latin*, ed. 3rd. David & Charles. London.

NT265 - TÓPICOS ESPECIAIS EM BIOLOGIA VEGETAL III – TURMA RSO

Tema: Preparação de gráficos para publicação em linguagem R

Créditos: 4

Horário: Segundas-feiras a sexta-feira das 08:00 às 12:00

Local/Sala: **IB-06, Prédio da CPG-IB**

Período de oferecimento: 1^a metade do 2^o semestre (de 01/08/2018 a 29/09/2018) -(será ministrada nas datas de acordo com cronograma)

Vagas: 25

Mínimo de alunos: 3

Responsável: **Rafael Silva Oliveira**

Colaboradores: **Anna Abrahão, Patrícia de Britto Costa, André Gilles, André Mouro, Mário José Marques**

Azevedo e Paulo Bittencourt

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Programa:

Breve introdução à linguagem R. Formatação e entrada de dados no R. Manipulação de planilhas no R. Análise exploratória de dados. Gráficos do pacote base (ponto, barra, boxplots). Gráficos no pacote ggplot2. Formatação de gráficos e exportação para diversos formatos (Microsoft Word, PDF, JPG ou PNG). Gráficos com os dados dos alunos.

Cronograma:

Aulas teóricas de manhã e práticas à tarde, três vezes por semana, durante três semanas

- 03/09 Breve introdução à linguagem R e ao uso do R Studio
- 04/09 Breve introdução à linguagem R e ao uso do R Studio (continuação)
- 05/09 Formatação e entrada de dados no R, Indexação
- 10/09 Operações com os dados no R (pacotes base, dplyr e tidyr)
- 12/09 Análise exploratória dos dados
- 14/09 Gráficos base (gráficos de ponto, barra e boxplot) e exportação de gráficos
- 17/09 Gráficos no ggplot (gráficos de ponto, barra e boxplot)
- 19/09 Como apresentar resultados estatísticos no ggplot
- 21/09 Gráficos com dados dos alunos e encerramento da disciplina

Bibliografia: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina

NT265 - TÓPICOS ESPECIAIS EM BIOLOGIA VEGETAL III – TURMA AOS

Tema: Bioinformática aplicada à sistemática, biogeografia e macroevolução

Créditos: 4

Horário: Sextas-feiras das 09:00 às 11:00 e das 14:00 às 16:00

Local/Sala: **12/11, 13/11, 14/11, 21/11, 23/11 (IB-06), exceto nos dias 22/11 e 05/12 serão no (IB-05)**

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de 01/10/2018 a 01/12/2018) – será ministrada nas datas de acordo com o cronograma

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **André Olmos Simões (Obs.: no caderno de horário da DAC consta a Samantha Koehler)**

Colaborador: **Marcelo Reginato**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Programa:

Ementa: A investigação de vários processos evolutivos relacionados à geração e manutenção da biodiversidade, tais como adaptação radiativa, evolução fenotípica, especiação e migração, inexoravelmente precisam ser avaliadas em um contexto biogeográfico, filogenético e comparado. Na última década presenciamos grandes desenvolvimentos metodológicos e acúmulo de dados, onde filogenias cada vez maiores e dados fenotípicos, ecológicos e de distribuição para um número maior de espécies, passaram a estar disponíveis. A biologia macroevolutiva cada vez mais caminha para uma síntese mais objetiva, multidimensional de biogeografia, filogenia, ecologia, geologia, paleontologia, fisiologia e genômica, sendo que um conhecimento teórico robusto e familiaridade com bioinformática são necessários para que padrões e processos possam ser identificados a partir de tais dados.

Objetivos da disciplina

Promover a solidificação das bases teóricas e práticas de estudos de biogeografia e macroevolução, bem como aplicações de bioinformática em sistemática, fomentando um pensamento evolutivo comparado nos estudantes ("tree thinking"). Espera-se que o aluno aprovado no curso entenda as bases teóricas, premissas e limitações dos diferentes métodos utilizados em estudos sobre biodiversidade em amplas escalas ou linhagens evolutivas. Espera-se também que os alunos no final curso estejam familiarizados com a linguagem R e a utilização de scripts

e programação no desenvolvimento de projetos, bem como estejam capacitados a utilizar diferentes métodos e implementar diferentes análises em seus projetos de pesquisa.

Estratégia de ensino

As aulas serão teórico práticas e, quando necessário, incluirão tempo para discussão de artigos sugeridos para leitura prévia. A primeira parte de cada aula constará de uma exposição sobre o tema e métodos a serem explorados no dia. Durante o restante do tempo, os alunos realizarão exercício computacionais direcionados, que coloquem em prática os conceitos explanados.

Avaliação

Os alunos serão avaliados quanto à apresentação de um projeto no final da disciplina. A nota será igualmente dividida entre uma apresentação oral no formato de uma palestra, e o relatório escrito no formato de um artigo científico. O conteúdo será de livre escolha, porém deverá abordar algum dos temas e métodos apresentados na disciplina. Os alunos serão fortemente encorajados à utilizar os dados próprios de sua tese, mas o projeto também poderá ser desenvolvido utilizando dados disponíveis na literatura.

Duração

Meio semestre letivo. As aulas serão divididas em três módulos contínuos em três semanas diferentes, onde o primeiro e segundo módulos terão três dias cada, e o módulo final de um dia.

Cronograma:

Dia 1 (Semana 1)

1. Introdução à macroevolução e "tree thinking".
2. Introdução à plataforma e linguagem R.

Dia 2 (Semana 1)

3. Bioinformática aplicada à taxonomia (monographaR).
4. Programas de manipulação de imagens (Gimp, imageJ).
5. Introdução a análises morfométricas.

Dia 3 (Semana 1)

6. Reconstrução de estados ancestrais.
7. Tempo e modo da evolução fenotípica (modelos de evolução fenotípica).
8. Análises de mudanças fenotípicas e convergência ("shifts").

Dia 4 (Semana 2)

9. Manipulação de dados de distribuição geográfica e climáticos no R.

Dia 5 (Semana 2)

10. Métodos biogeográficos de padrão e eventos (BioGeoBEARS).

Dia 6 (Semana 2)

11. Análises de diversificação: especiação, extinção, diversificação dependente de fenótipo e geografia (BAMM, BiSSE, GeoSSE).

Dia 7 (Semana 3)

Apresentação dos projetos (avaliação).

12/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

13/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

14/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

21/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

22/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

23/11/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

05/12/2018 – Dia todo (8:00 as 17:30)

Bibliografia:

Carvalho, C.J.B.D.A. 2011. *Biogeografia da América do Sul: padrões & processos*. Roca, São Paulo.

- Claude, J. 2008.** *Morphometrics with R*. Springer Science & Business Media.
- Felsenstein, J. 1985.** Phylogenies and the comparative method. *American Naturalist* 125: 1-15.
- Nunn, C.L. 2011.** *The comparative approach in evolutionary anthropology and biology*. University of Chicago Press.
- O'Meara, B.C. 2012.** Evolutionary inferences from phylogenies: a review of methods. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 43: 267-285.
- Paradis, E. 2011.** *Analysis of Phylogenetics and Evolution with R*. Springer Science & Business Media.
- Rabosky, D.L. 2014.** Automatic detection of key innovations, rate shifts, and diversity-dependence on phylogenetic trees. *PloS one* 9: e89543.
- Reginato, M. 2016.** monographaR: An R package to facilitate the production of plant taxonomic monographs. *Brittonia* 68: 212-216.
- Ronquist, F. & Sanmartín, I. 2011.** Phylogenetic methods in biogeography. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 42: 441-464.

NV435 – MECANISMOS MOL. DO DESENVOLVIMENTO REPRODUTIVO VEGETAL – TURMA MCD - (CANCELADA)

Responsável: **Marcelo Carnier Dornelas**

NV438 - EVOLUÇÃO DO DESENVOLVIMENTO VEGETAL - TURMA MCD

Créditos: 5

Horário: Terças-feiras das 09:00 às 13:00

Local/Sala: **SALA 19, Depto de Biologia Fisiologia Vegetal, Instituto de Biologia**

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 01/08/2018 a 01/12/2018) – **INICIO DAS AULAS 07/08/2018**

Vagas: 12

Mínimo de alunos: 2

Responsável: **Marcelo Carnier Dornelas**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Programa:

Esta disciplina visa fornecer aos alunos conhecimentos avançados e atuais sobre os mecanismos moleculares que promovem e regulam os principais fenômenos envolvidos no desenvolvimento dos vegetais superiores. Através do estudo destes fenômenos, objetiva-se uma melhor compreensão dos mesmos e a construção da base teórica necessária para a geração de novas tecnologias. Há um acúmulo acelerado e crescente da quantidade de informações na literatura científica sobre os aspectos genéticos, fisiológicos e moleculares do controle do desenvolvimento de vegetais superiores, associado às novas descobertas na área de genômica vegetal. A disciplina pretende proporcionar aos alunos de Pós-Graduação uma visão integrada, coerente e sólida destas informações

Cronograma:

DataAssunto

07/08 Conceitos básicos em Evolução e Histórico

14/08 Estrutura das Teorias Evolutivas: Darwiniana, Lamarkiana e Equilíbrio Pontuado de Gould

21/08 Paleobotânica

28/08 Bases moleculares do desenvolvimento vegetal: modelos e ferramentas

04/09 Embasamento teórico da Evodevótica; Evolução dos processos de desenvolvimento

11/09 NÃO HAVERÁ AULA

18/09 Estabelecimento de polaridade do embrião e evolução do desenvolvimento embrionário

25/09 Origem e evolução das folhas

02/10 Primeira Avaliação Geral

09/10 Transição da fase vegetativa à fase reprodutiva e evolução de hábitos anual e perene

16/10 Teorias sobre a origem das flores

23/10 Evolução da família MADS-box de fatores de transcrição

30/10 Modelos atuais sobre a evolução das flores

06/11 Evolução da família TCP e evolução da zigomorfia floral

13/11 Mecanismos moleculares da evolução morfológica em plantas

20/11 Segunda Avaliação Geral

Bibliografia:

Mishra V. 2017. Vascular Plants and Paleobotany. Arcler Press LLC. 349pp. Niklas KJ. 2016. Plant Evolution: An Introduction to the History of Life. University of Chicago Press. 560pp. Krebs JE, Goldstein ES, Kilpatrick ST. 2017. Genes XII. Jones & Bartlett Learning; 12 edition, 838pp.

ARTIGOS ESPECÍFICOS, EM PERIÓDICOS DA ÁREA, RECOMENDADOS EM CADA AULA