



Ciências
ULisboa

Filogenética

Código: 465161

Ano Letivo: 2015/16

Departamento: Biologia Animal

ECTS: 3

Carga horária: TP: 2:30 h; OT: 0:30 h;

Área Científica: Biologia;

Objetivos da Unidade Curricular

Os resultados expectáveis da aprendizagem dos alunos nesta cadeira, a este nível de formação, estão relacionadas com a aquisição de conhecimentos específicos e operacionais de Filogenética, concretamente com a capacidade de autonomamente analisar, por vários métodos, e interpretar resultados de sequências de DNA. Pretende-se ainda estimular a curiosidade dos alunos em relação à actividade científica e promover a sua capacidade de formulação de questões.

Pretende-se também fornecer bases teóricas e práticas que permitam vir a exercer uma actividade no âmbito da investigação na área da Filogenética. Procura-se ainda dar competências abrangentes relacionadas com a capacidade de crítica, análise e discussão de ideias, cultivando o espírito científico com consequente desenvolvimento da capacidade de identificar problemas pertinentes. Por último pretende-se que os alunos desenvolvam competências no âmbito das técnicas de apresentação e divulgação da actividade científica.

Pré-requisitos

Sem pré-requisitos

Conteúdos

Breve perspectiva histórica sobre as origens da filogenética e do estudo da evolução molecular. Revisão de conceitos básicos sobre a organização do genoma, estrutura e função dos genes, códigos genéticos e tipos de mutações. Princípios básicos da análise filogenética: tipos de evolução de caracteres, homologies e homoplasias, tipos de árvores, tipos de dados passíveis de análise entre outros. Métodos de inferência filogenética. Métodos de parcimónia, de distancias, de máxima verosimilhança e bayesianos. Modelos de evolução molecular. Taxas e padrões de substituição. Métodos de selecção de modelos. Análises simultâneas com modelos distintos. A análise conjunta de dados moleculares e morfológicos. Algoritmos de busca e optimização de soluções. Buscas exaustivas e heurísticas. Análise da robustez das árvores filogenéticas e das suas componentes. Testes de hipótese de relação filogenética.

Descrição detalhada dos conteúdos programáticos

Componente Teórica

O curso teórico divide-se em cinco grandes componentes de duração variável, que abordam de forma compreensiva. Na primeira parte são referidos os seguintes conceitos:

- i) Breve história e Introdução à Filogenética.
- ii) Parsimonia e distancias.
- iii) Modelos de evolução e Inferência de Máxima Verosimilhança
- IV) Inferência Bayesiana

V) Miescelania

Em seguida são descritos detalhadamente cada um dos cinco tópicos:

i) Breve história e Introdução á Filogenética

O que é e para que serve a Filogenetica. Com que dados se faz análise filogenetica. Sequencias de DNA como o matreial de eleição para fazer análise filogenética. . Os nucleotidos sua composição e variações nas bases. O processo de sequenciação manual, o método de Sanger. A sequenciação automática em gel e em capilar. A Next generation of sequencing technology.

O DNA mitocondrial – características e limitações. Porque foi o marcador dominante na análise filogenética. Os genes mais utilizados de DNA mitocondrial, suas propriedades e critérios de selecção para estudos filogenéticos. Comperaçoão DNA mitocondrial em animais e plantas e o cpDNA. Compraçoão com genes nucleares. As bases de dados de sequencias de DNA.

Henning, Cavalli-Sforza e Edwards e a origem da filogenética nos anos 50 e 60.Noções básicas de filogenetica: Tipos de árvores, ramos, otus, politomias, raizes, outgroups. Terminologia cladistica: grupos monofiléticos, parafileticos e polifileticos. Homologia e homoplasia, plesiomorfias ,apomorfias, simplesiomorfias, autopomorfias. Evolução convergente e paralela.

Árvores de genes e árvores de espécies.

Alinhamentos: rational e algoritmos e aplicações práticas. Needleman-Wunsch, Smith-Waterman. BLAST e Clustal como as aplicações mais usadas. O novo software de alinhamento. Exemplos numéricos. Penalidades de abertura e extensão de gaps.

ii) Parsimonia e distancias.

Inferencia filogenética . Parsimonia : racional e exemplos. Árvores de consenso: diferentes métodos e respectivos problemas. O método por majority rule.

Os problemas com a parsimonia, o long branch attraction. Decay e Ensemble indices.

O método das distancias, rational e aplicações. Os algoritmos de UPGMA e Neighbour-Joining. Similaidades versus relações evolutivas.

iii) Modelos de evolução e Inferencia de Maxima Verosimelhança

Substituição de nucleotidos, modelos de substituição e selecção de modelos.

Substituição de nucleotidos, multiple hits, back substitutions. Saturação.

Tipos de substiuções e velociades diferentes de saturação. Matriz de probabilidade de substituição. Substituições assumidas como um processo em cadeias de Markov. Vectores de composição das bases em equilibrio. Modelo de Jukes-Cantor, Kimura 2-parameters, Felsenstein 1981, HKY 1985 e GTR.

Pressupostos dos modelos. A distribuição gamma de susbtituição de nucleotidos.

A selecção de modelos. O software Modeltest. Métodos de selecção de modelos: Likelihood ratio test, Akaike information Criterio, Bayesian Information Criterio.

Inferencia por Maxima Verosimelhança

A explicação mais provavel para os dados observados. A probabilidade de obtenção das sequencias dada uma certa hipótese filogenética. Condições para a realização de inferencia filogenetica: o modelo de evolução, as sequencias e as árvores. Pressuposto da evolução independente entre sites e entre linhagens. O cálculo do likelihood, exemplo.

IV) Inferencia Bayesiana

Principios básicos de estatistica bayesiana. Aplicação da estatistica bayesiana a inferencia filogenética. Os priors os likelihoods e as posterior probabilities.

The acceptance ratio. A cadeias de Markov Monte Carlo. Importance sampling. Burn-in e a fase estacionária. Metropolis coupled. O MCMC ou MC3.

Cadeias quentes e frias.

Discussão entre a Inferencia de maximo verosimelhança e a inferencia bayesiana.

V) Miescelania

Bootstrap e bootstrap parametrico. Aplicações do teste de Likelihood ratio. O teste ILD, o teste Kishino-Hasegawa e Shimodaira-Hasegawa.

Métodos de busca das árvores óptimas. Busca exaustiva, busca heurística, e branch-and-bound.

Métodos de busca heurística: adição sequencial, decomposição em estrela, e troca de ramos.

Métodos de troca de ramos: NNI, TBR e SPR.

Método dos quartetos.

Componente Teórica-Prática

Introdução às bases de dados de armazenamento de sequências de DNA e aminoácidos. Pesquisa e downloads dos itens pretendidos. Formação de matrizes de análise. Análise de dados de acordo com os métodos e tópicos abordados nas aulas teóricas.

A utilização do software Bioedit, Clustal, Mega, Concatenator. Os formatos Fasta, Nexus, phylip, mega.

Iniciação ao software PAUP e MrBayes. Uso do software the escolha de modelos Jmodeltest, Modletest e MrModeltest.

Componente Prática

não se aplica

Bibliografia

Recomendada

Felsenstein J (2004). Inferring Phylogenies. Sinauer Associates, Inc., Sunderland.

Lemey P, Salemi M, Vandamme AM. (2009). The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. Cambridge University Press.

Outros elementos de estudo

Ficheiros pdf disponibilizados na página da cadeira, com síntese da matéria das aulas

Métodos de Avaliação

A avaliação é realizada em estreita relação com as várias componentes de ensino ministradas. Um exame sobre a matéria teórica avalia sobretudo a capacidade de retenção e interpretação da informação ministradas nas aulas teóricas e constitui 50% da nota final do aluno. O exame prático avalia a componente teórico-prática da cadeira e consiste num exame individual realizado em computador e semelhante aos exercícios das aulas teórico-práticas, constituindo 50% da nota final.

Língua de ensino

A língua de ensino é o Português, contudo muitos dos slides apresentados nas aulas reproduzem artigos ou figuras cujas legendas estão em inglês