

Programa Analítico de Disciplina

BIO 649 - Filogenia Molecular

Departamento de Biologia Geral - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Catálogo: 2026

Número de créditos: 4

Carga horária semestral: 60h

Carga horária semanal teórica: 2h

Carga horária semanal prática: 2h

Semestres: II

Ementa

Técnicas de Biologia Molecular e de Bioinformática aplicadas ao estudo de filogenias.
Uso de ferramentas disponíveis no NCBI (portal do National Center for Biotechnology information)
Evolução Molecular
Alinhamento de sequências
Filogenias construídas por métodos geométricos e testes estatísticos
Método da Máxima Parcimônia
Método da Máxima Verossimilhança
Inferência Bayesiana de filogenias

Conteúdo

Unidade	T	P	To
1. Técnicas de Biologia Molecular e de Bioinformática aplicadas ao estudo de filogenias. 1. Sequenciamento de DNA 2. Análise de Eletroferogramas	4h	0h	4h
2. Uso de ferramentas disponíveis no NCBI (portal do National Center for Biotechnology information) 1. BLAST (The Basic Local Alignment Search Tool) 2. Taxonomy (Lista e classificação de todos os organismos citados no NCBI) 3. GenBank (Base de dados do NIH - National Institute of Health)	2h	6h	8h
3. Evolução Molecular 1. Interpretação de árvores filogenéticas 2. Escola Neutralista 3. Relógio Molecular 4. Homologia 5. Cladismo X Fenética	6h	0h	6h
4. Alinhamento de sequências	2h	4h	6h
5. Filogenias construídas por métodos geométricos e testes estatísticos 1. Cálculo de distância entre as OTUs 2. UPGMA 3. Neighbor-Joining 4. Bootstrap	4h	4h	8h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 4GEF.JA8U.NH3I

5. Jacknife			
6. Método da Máxima Parcimônia 1. Princípio geral da Parcimônia 2. Tipos de Parcimônia 3. Algoritmos de busca das melhores árvores	4h	4h	8h
7. Método da Máxima Verossimilhança 1. Princípio geral da Parcimônia 2. Tipos de Parcimônia 3. Algoritmos de busca das melhores árvores	4h	4h	8h
8. Inferência Bayesiana de filogenias 1. Teorema de Bayes 2. Modelos e parâmetros 3. Busca pelo melhor conjunto de árvores 4. Busca pelos melhores parâmetros dos modelos de substituição	4h	8h	12h
Total	30h	30h	60h

Teórica (T); Prática (P); Total (To);

BIO 649 - Filogenia Molecular

Bibliografias básicas

Descrição	Exemplares
Felsenstein J (2004) Inferring Phylogenies. Sunderland, Massachusetts, Sinauer Ass.	0
Higgs PG, Attwood TK (2006) Bioinformatics and Molecular Evolution. Wiley-Blackwell	0
Nei M, Kumar S (2000) Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press.	0

Bibliografias complementares

Descrição	Exemplares
Baum D, Smith S (2012) Tree Thinking: An Introduction to Phylogenetic Biology. Roberts and Company Publishers.	0
Matiolli SR, Souza DT (2021) Introdução à Bioinformática. Editora Unicamp.	0
Wiley EO, Lieberman BS (2011) Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetic Systematics. Wiley-Blackwell, 2nd. Ed.	0
Molecular Phylogenetics and Evolution (Journal)	0

Syllabus

BIO 649 - Molecular Phylogeny

Departamento de Biologia Geral - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Catalog: 2026

Number of credits: 4
Total hours: 60h
Weekly workload - Theoretical: 2h
Weekly workload - Practical: 2h

Period: II

Content

Molecular Evolution
Sequence alignment

Geometric methods and statistical tests for phylogeny construction

Maximum Parsimony Method

Maximum Likelihood Method
Bayesian inference of phylogenies
Molecular Biology and Bioinformatics Techniques Applied to Phylogeny Studies.
Using NCBI (National Center for Biotechnology information) Resources

Course program

Unit	T	P	To
1. Molecular Biology and Bioinformatics Techniques Applied to Phylogeny Studies. 1. DNA Sequencing 2. Electropherogram Analysis	4h	0h	4h
2. Using NCBI (National Center for Biotechnology information) Resources 1. BLAST (The Basic Local Alignment Search Tool) 2. Taxonomy (List and classification of all organisms cited in NCBI) 3. GenBank (NIH - National Institute of Health's database)	2h	6h	8h
3. Molecular Evolution 1. Interpreting phylogenetic trees 2. Neutralist school	6h	0h	6h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 4GEF.JA8U.NH3I

<ul style="list-style-type: none"> 3. Molecular clock 4. Homology 5. Cladistics vs. Phenetics 			
4. Sequence alignment	2h	4h	6h
5. Geometric methods and statistical tests for phylogeny construction <ul style="list-style-type: none"> 1. Calculation of distance between OTUs 2. UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) 3. Neighbor-Joining 4. Bootstrap 5. Jackknife 	4h	4h	8h
6. Maximum Parsimony Method <ul style="list-style-type: none"> 1. General Principle of Parsimony 2. Types of Parsimony 3. Search Algorithms for Best Trees 	4h	4h	8h
7. Maximum Likelihood Method <ul style="list-style-type: none"> 1. Principle of Maximum Likelihood 2. Selection of nucleotide substitution models 3. Topology and branch lengths 	4h	4h	8h
8. Bayesian inference of phylogenies <ul style="list-style-type: none"> 1. Bayes' theorem 2. Models and parameters 3. Search for the best set of trees 4. Search for the best parameters of substitution models 	4h	8h	12h
Total	30h	30h	60h

Theoretical (T); Practical (P); Total (To);

BIO 649 - Molecular Phylogeny

Fundamental references

Description	Copies
Felsenstein J (2004) Inferring Phylogenies. Sunderland, Massachusetts, Sinauer Ass.	0
Higgs PG, Attwood TK (2006) Bioinformatics and Molecular Evolution. Wiley-Blackwell	0
Nei M, Kumar S (2000) Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press.	0

Complementary references

Description	Copies
Baum D, Smith S (2012) Tree Thinking: An Introduction to Phylogenetic Biology. Roberts and Company Publishers.	0
Matiolli SR, Souza DT (2021) Introdução à Bioinformática. Editora Unicamp.	0
Wiley EO, Lieberman BS (2011) Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetic Systematics. Wiley-Blackwell, 2nd. Ed.	0
Molecular Phylogenetics and Evolution (Journal)	0