

## Programa Analítico de Disciplina

### BAN 666 - Sistemática Molecular de Metazoa

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

Catálogo: 2026

Número de créditos: 6

Carga horária semestral: 90h

Carga horária semanal teórica: 4h

Carga horária semanal prática: 2h

Semestres: II

#### Ementa

Introdução ao curso e conceitos básicos  
Técnicas moleculares, alinhamento e modelos evolutivos  
Reconstrução filogenética I: método cladístico  
Reconstrução filogenética II: métodos probabilísticos

Datação molecular

#### Conteúdo

Unidade	T	P	To
<b>1. Introdução ao curso e conceitos básicos</b> 1. Sistemática filogenética, o conceito filogenético de espécie, pensando "filogeneticamente" 2. Homologias, dados moleculares vs morfológicos	4h	0h	4h
<b>2. Técnicas moleculares, alinhamento e modelos evolutivos</b> 1. Obtenção e conservação de tecidos, extração de DNA, PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) 2. Técnicas de sequenciamento de DNA, montagem e checagem da qualidade dos dados 3. Modelos de substituição nucleotídica, alinhamento de sequências, BLAST, métodos de distância: UPGMA, Neighbor Joining	8h	6h	14h
<b>3. Reconstrução filogenética I: método cladístico</b> 1. Máxima Parcimônia: estratégias de busca, árvore consenso, comprimento de ramos, controvérsias do uso da MP em análises moleculares	4h	8h	12h
<b>4. Reconstrução filogenética II: métodos probabilísticos</b>	32h	8h	40h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 7E14.VWRS.WZQ6

<p>1. Máxima Verossimilhança: estratégias de busca, comprimento de ramos, bootstrap 2. Inferência Bayesiana: estratégias de busca, cadeias de Markov Monte Carlo, comprimento de ramos, probabilidade posterior dos ramos 3. Aplicações</p>			
<p><b>5. Datação molecular</b> 1. Calibração 2. Relógio molecular 3. Priors da árvore 4. Intervalos de confiança</p>	12h	8h	20h
<b>Total</b>	<b>60h</b>	<b>30h</b>	<b>90h</b>

Teórica (T); Prática (P); Total (To);

## BAN 666 - Sistemática Molecular de Metazoa

### Bibliografias básicas

Descrição	Exemplares
Hillis DM, Moritz C, Mable BK (1996). Molecular Systematics. 2nd Edition. Sinauer Associates: Sunderland, 655p.	1
Lemey P, Salemi M, Vandamme A-M (2009). The Phylogenetic Handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. 2nd Edition. Cambridge University Press: Glasgow, 723p.	0

### Bibliografias complementares

Descrição	Exemplares
Felsenstein J (2003) Inferring Phylogenies. Sinauer Associates: Sunderland, 580p.	0
Nei M, Kumar S (2000) Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press: New York, 333p.	0
Wheeler WC (2012) Systematics: A Course of Lectures. Wiley-Blackwell: United Kingdom, 426p.	0

# Syllabus

## BAN 666 - Molecular Systematics of Metazoa

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

Catalog: 2026

Number of credits: 6

Total hours: 90h

Weekly workload - Theoretical: 4h

Weekly workload - Practical: 2h

Period: II

### Content

Course introduction and basic concepts

Molecular techniques, alignment and evolutionary models

Phylogenetic reconstruction I: cladistics

Phylogenetic reconstruction II: probabilistic methods

Molecular dating

### Course program

Unit	T	P	To
<p><b>1. Course introduction and basic concepts</b></p> <p>1. Phylogenetic Systematics, the phylogenetic species concept, tree-thinking 2. Homologies, molecular vs morphological data</p>	4h	0h	4h
<p><b>2. Molecular techniques, alignment and evolutionary models</b></p> <p>1. Tissue sampling and conservation, DNA extraction, PCR (Polymerase Chain Reaction) 2. DNA sequencing techniques, assembly and data quality 3. Nucleotide substitution models, sequence alignment, BLAST, distance methods: UPGMA, Neighbor Joining</p>	8h	6h	14h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 7E14.VWRS.WZQ6

<b>3. Phylogenetic reconstruction I: cladistics</b> 1. Maximum Parsimony: tree search, consensus, branch length, controversies of using MP in molecular analyses	4h	8h	12h
<b>4. Phylogenetic reconstruction II: probabilistic methods</b>  1. Maximum Likelihood: tree search, branch length, bootstrap 2. Bayesian Inference: tree search, Markov Chain Monte Carlo, branch length, posterior probabilities 3. Applications	32h	8h	40h
<b>5. Molecular dating</b>  1. Calibration 2. Molecular clock 3. Tree priors 4. Confidence intervals	12h	8h	20h
<b>Total</b>	<b>60h</b>	<b>30h</b>	<b>90h</b>

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

## BAN 666 - Molecular Systematics of Metazoa

### Fundamental references

Description	Copies
Hillis DM, Moritz C, Mable BK (1996). Molecular Systematics. 2nd Edition. Sinauer Associates: Sunderland, 655p.	1
Lemey P, Salemi M, Vandamme A-M (2009). The Phylogenetic Handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. 2nd Edition. Cambridge University Press: Glasgow, 723p.	0

### Complementary references

Description	Copies
Felsenstein J (2003) Inferring Phylogenies. Sinauer Associates: Sunderland, 580p.	0
Nei M, Kumar S (2000) Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press: New York, 333p.	0
Wheeler WC (2012) Systematics: A Course of Lectures. Wiley-Blackwell: United Kingdom, 426p.	0