|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| brasao_UFSC_CFH_horizontal | | **UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA**  **CENTRO DE CIÊNCIAS AGRARIAS**  **PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM**  **RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS**  **PLANO DE ENSINO** | | | | |  | | |
|  | | | | | | | | | |
| **I. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA:** | | | | | | | | | |
| **CÓDIGO** | **NOME DA DISCIPLINA** | | | **NO DE HORAS-AULA SEMANAIS**  **TEÓRICAS PRÁTICAS** | | | | **TOTAL DE HORAS-AULA SEMESTRAIS** | |
| RGV410015 | Análise Genética de Populações de Plantas. | | | 3 h | |  | | 45 | |
| **I.1. HORÁRIO** | | | | | | | | |
| **TURMAS TEÓRICAS** | | | | | **TURMAS PRÁTICAS** | | | |
|  | | | | |  | | | |
| **II. PROFESSOR (ES) MINISTRANTE (S)** | | | | | | | | |
| Rubens Onofre Nodari  Maurício Sedrez dos Reis | | | | | | | | |
| **II. PRÉ-REQUISITO (S):** | | | | | | | | |
| **CÓDIGO** | **NOME DA DISCIPLINA** | | | | | | | |
|  |  | | | | | | | |
| **IV CURSO (S) PARA O QUAL(IS) A DISCIPLINA É OFERECIDA** | | | | | | | | |
|  | | | | | | | | |
| **V. EMENTA** | | | | | | | | | |
| Tipos, natureza da variação detectada, características e protocolos dos marcadores genéticos. Biometria e interpretação dos dados de marcadores genéticos moleculares. Estimadores de diversidade genética, taxa de cruzamentos, fluxo gênico, tamanho efetivo e medida de estrutura genética de populações. Distâncias genéticas e análise de agrupamento. Análise filogeográfica. Principais características dos Softwares disponíveis para as análises. Aplicações em genética, melhoramento e conservação de plantas. | | | | | | | | | |
| **VI. OBJETIVOS** | | | | | | | | | |
| Apresentar e discutir os princípios e métodos envolvidos com a análise da diversidade genética. | | | | | | | | | |
| **VII. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO** | | | | | | | | | |
| ETAPA I  **1. Apresentação da disciplina. Introdução** (M e N, 11/07 das 8:30 as 9:00)  **2. Tipos, natureza, características e protocolos dos principais marcadores genéticos: morfológicos, alozimas, proteínas de reserva, RFLPs, RAPDs, SCARs, AFLPs, microssatélites, ISSR, SNP, Ecotilling**. (N, 11/07 das 9:00 as 12:00; 12/07 Discussão sobre marcadores 14:00-16:00)  **3. Estimadores de diversidade genética (percentagem de locos polimórficos, número de alelos por loco, heterozigosidade**). (M, 11/07 das 14:00 as 18:00)  4**. Estrutura genética de populações (Estatísticas F de Wright, Análise de populações subdividas de Nei, Coeficientes de coancestralidade de Cockerham,** **Estrutura interna de populações)**. **(**M, 12/07 das 08:00 - 12:00) Discussão de Artigos  Uso dos Programas GDA, FSTAT e outros (Newton, Miguel, Montagna e Mauricio) (13/07 das 08:00 as 12:00)  **5. Distâncias genéticas e análise de agrupamento**. (N, 13/07 das 14:00 as 18:00; N, Newton - Uso dos Programas NTsys e PAST, outros)  ETAPA II  **6. Fluxo Gênico, Tamanho Efetivo Populacional e Estrutura Interna de Populações**. (M, xx/xx das 08:00 as 12:00)  Demonstração dos Programas SPAGEDI, Cervus, SGS, (M, Alison, Newton – xx/xx das 14:00 as 16:00)  Discussão artigos Diversidade (M, xx/xx das 16:00 as 18:00)  **7. Taxa de cruzamento (aparente, unilocos e multilocos).** (M, xx/xx das 08:00 as 10:00)  Uso do Programa MLTR (M, xx/xxdas 10:00 as 12:00)  Discussão de artigos  **8. Análises filogenética e fileográfica** (N eGustavo, xx/xx das 14:00 as 16:00  Uso de Programas: Arlequin e ??? (N e Gustavo, xx/xx das 16:00 as 18:00)  **9.** **Aplicação dos dados fenotípicos e genotípicos no uso e conservação de recursos genéticos vegetais** (Nodari, Mauricio, Miguel, Newton, Gustavo – xx/xx das 08:00-18:00)  Artigos selecionados serão indicados durante o curso  **10. Uso de programas computacionais para análise de dados de marcadores genéticos. Ao longo do curso** (Nodari, Mauricio, Montagna, Gustavo). | | | | | | | | | |
| **VIII. METODOLOGIA DE ENSINO / DESENVOLVIMENTO DO PROGRAMA** | | | | | | | | | |
| Aulas expositivas, aulas práticas, discussões dirigidas, trabalhos, análise de artigos selecionados. | | | | | | | | | |
| **IX. METODOLOGIA DE AVALIAÇÃO** | | | | | | | | | |
| . O conceito final será baseado em uma prova (07/03), exercícios e participação nas atividades executadas. | | | | | | | | | |
| **X. NOVA AVALIAÇÃO** | | | | | | | | | |
|  | | | | | | | | | |
|  | | | | | | | | | |
|  | | |  | | | | | | |
| **XII. CRONOGRAMA PRÁTICO** | | | | | | | | | |
|  | | |  | | | | | | |
| **XIII. BIBLIOGRAFIA BÁSICA** | | | | | | | | | |
| 1. ALFENAS, A.C., PETERS,I., BRUNE, W. et al**.** *Eletroforese de proteínas e isoenzimas de fungos e essências florestais***.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1991. 242p.  2. AVISE, J.C. *Molecular markers, natural history and evolution*. London: Chapman & Hall, 1994. 511 p.  3. BROWN, H.D., CLEGG, M.T., KAHLER, A.L. et al. *Plant population genetics, breedings and genetic resources***.** Sunderland: Sinauer Associates, 1989. 449p.  4. FERREIRA, M.E., GRATTAPAGLIA, D. *Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética*. 3a ed. Brasília: EMBRAPA; CENARGEN, 1998. 220p.  5. HILLIS, D.M., MORITZ, C. *Molecular systematics*. Sunderland: Sinauer Associates, 1990. 588p.  6. LEWONTIN, R.C. The genetic basis of evolutionary change. New York, Columbia, 1974. 346p.  7. NEI, M. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press. 1987. 512p.  8. WEIR, B.S. *Genetic data analysis II*. Sunderland: Sinauer Associates, 1996. 445p.  9. HEDRICK, P.W. Genetics of Populations 4a. ed.Jones and Bartlett Pub., 2011. 675 p. | | | | | | | | | |
| **XIII. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR** | | | | | | | | | |
| Alfenas et al. - Cap. 6  Botstein, D.; White, R.L.; Skolnick, M.; Davis, R.V. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet 32:*314-331. 1980.  Jeffrey, A.J.; Wilson, V.; Thein, S.L. Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature*, 314:67-73. 1985.  Hamada, H.;Petrino, M.G.; Kakunaga, T. A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionary diverse eukaryotic genomes. Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 79:6465-6469. 1982.  Kephart,S.R. Starch gel electrophoresis of plant isozymes: a camparative analyses of techniques. *Amer. J. Bot*., *77*(5): 693-712. 1990.  Mullis, K.; Faloona, F.; Scharf, S.; Saiki, R.; Horn, G.; Erlich, H. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology, 51:263-273. 1986.  Paran, I; Michelmore,R.W. Development of reliable PCR-based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. *Theoretical Applied Genetics*, 85:985-993. 1993.  Saiki, R.K.; Gelfand, D.H.; Stoffel, S.; Scharf, S.J.; Higuchi, R.; Horn, G.T.; Mullis, K.B.; Erlich, H.A. Primer-directed enzimatic amplification with a termostable DNA polymerase. *Science*, 239:487-491. 1985.  Vos, P.; Hogers, R.; Bleeker, M.; Reijans, M.; Lee, T.V.; Hornes, M.; Frijters, A.; Pot, J.; Peleman, J.; Kulper, M.; Zabeau, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, v.23, n.1, p.4407-4414, 1995.  Zietkiewicz E, Rafalski A and Labuda D (1994) Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics, 20:176-183.  Welsh, J.; Mclelland, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nuleic Acids Res*, 18:7213-7218. 1990.  Williams, J.G.K.; Kubelik, A.R.; Livak, K.J.; Rafalski, J.A.; Tingey, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*, 18:6531-6535. 1990.  Alfenas et al. Cap. 7  Hamrick, J.L.; Godt, M.J.W. & Sherman-Broyles, S.L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. **New Forests,** 6:95-124.  Leberg,P.L. Estimating allelic richness:Effects of sample size and bottlenecks. Molecular Ecology, 11: 2445-2449, 2002.  Nei, 1987. Cap. 8  Nei, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proc. Nat. Acad. Sci*. USA, 70(12):3321-3323. 1973.  Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics***,** 89: 583-90. 1978.  Weir, 1996. Cap. 4  Cockerham, C.C. Variance of gene frequencies. *Evolution*, 23: 72-84. 1969.  Cockerham, C.C. Analyses of gene frequencies. Genetics, 74:679-700. 1973.  Holsinger, K. E. & Weir, B. Genetics ins geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST. Nature Reviews Genetics, 10: 639 – 650. 2009.  Lewontin, R.C. The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology*, 6:381-398. 1972.  Li, C.C. & Horvitz, D.G. Some methods of estimating the inbreeding coefficient. *American Journal of Human Genetics* 5: 107-117. 1953.  Nei, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 70(12): 3321-3. 1973.  Nei, M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations.*Ann. Human. Genet.,* 41: 225-33. 1977.  Nei (1987) Cap. 8  Venckovsky, R. Análise da Variância das frequências alélicas. In: Congresso Latino Americano deGenética, X, Rio de Janeiro, 1992. Anais..., p.53-60.  Weir (1996). Cap. 5  Weir, B.S.; Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution 38:1358–1370.  Workman, P*.*L. & Niswander, J.D.Population studies on Southwetern Indian tribes II. Local genetic differentiation in the Papagp. *Am J. human Genet*., 22:24-49. 1970.  Bussab, W. O.; Miazaki, E. S.; Andrade, D. F. *Introdução à analise de agrupamentos*. IME/ USP, São Paulo SP. 1990.105 p.  Nei, M. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106(949): 283-92. 1972.  Nei e Li, 1979  Mahalanobis, Prasanta Chandra (1936). ["On the generalised distance in statistics"](http://www.new.dli.ernet.in/rawdataupload/upload/insa/INSA_1/20006193_49.pdf). *Proceedings of the National Institute of Sciences of India* **2** (1): 49–55.  Mooi, E. A.; Sarstedt, M. *A Concise Guide to Market Research: The Process, Data, and Methods Using IBM SPSS Statistics*. Springer: Heidelberg, Germany, Cap. 9 – Cluster analysis. 2011, pp.237-284  Nei (1987) Cap. 9  Weir (1996). Cap. 5  Cockerham, C. C. E Weir, B. S. Estimation of gene flow from F-Statistic**.** *Evolution*, 47(3): 855-63. 1993.  Degen, B.; Petit R.; Kremer, A. 2001. SGS – Spatial Genetic Software: a computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structure of individuals and populations. **Journal of Heredity** 92: 447-448  Eguiarte, L.E.; Búrquez,A.; Rodriguez, J.; Martinez-Ramos,M.; Sarukhán, J.; Piñero,D. Direct and indirect estimates of neighborhood and effective population size in a tropical palm, *Astrocarium mexicanum*. *Evolution*, *47*(1): 75-87. 1993.  Govindaraju, D.R. Estimates of gene flow in forest trees. *Biological Journal of Linnean Society*, *37*: 345-57. 1989.  Kimura, M. e Crow, J.F. The measurement of the effective population number. *Evolution*, *17*: 279-88. 1963.  Slatkin, M. Gene flow in natural populations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, *16*: 393-430. 1985.  Slatkin, M. E Barton, N.H. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. *Evolution*, *43*(7): 1349-68. 1989.  Ritland, K. E El-Kassabay, Y.A. The nature of inbreeding in a seed orchard of Douglas-fir as show by an efficient multilocus model. Theor. Appl. Genet., 71: 374-84. 1985.  Ritland, K. E Jain, S. A model for estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. *Heredity*, 47(1): 35-52, 1981  Weir, 1996. Cap 6.  Avise, J.C.; Arnold, J.; Ball, R.M.; Bermingham, E.; Lamb,T.; Neigel, J.E.; Reeb, C.A.; Saunders, N.C. INTRASPECIFIC PHYLOGEOGRAPHY: The Mitochondrial DNA Bridge Population Genetics and Systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst*. 18: 489-522. 1987.  Turchetto-Zolet, A.C.; Segatto, A.L.A.; Turchetto, C.; Palma-Silva, C.; Freitas, L.B. Guia Prático para Estudos Filogeográficos. E-book. SBG. 2013. Disponível em <http://sbg.org.br/publicacoes-2/livros-e-ebooks/livros-e-ebooks/>  Excoffier, L.; Heckel, G*.* Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nature Reviews Genetics*, 7:745-758. 2006.  Excoffier, L.; Lischer, H.E.L.  **Arlequin** suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567. 2010. Programa disponível em http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/  Excoffier, L.; Smouse, P. E. E Quattro, J. M.. Analysis of Molecular Variance Inferred from Metric Distance Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitocondrial DNA Restriction Data. *Genetics* 131: 479-491, 1992. **(MANOVA).**  Goudet, J. Fstat version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. Journal of Heredity. 86(6): 485-486. 1995. Programa disponível em http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm  Hammer, Ø., Harper, D.A.T., and P. D. Ryan. **PAST**: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1): 9pp. 2001. Programa disponível em http://folk.uio.no/ohammer/past  Huelsenbeck, J.P.; Ronquist, F. **Mrbayes**: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 17**:** 754–755. 2001.  Miller, M.P. (2005) **Alleles in Space**: computer program for the joint analysis of interindividual spatial and genetic information. *Journal of Heredity*, 96**:** 722-724.  Lander Es; Green P; Abrahamson J; Barlow A; Daly Mj; Lincoln Se; Newburg L. **MAPMAKER**: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. *Genomics***,** v. 1, p.174-181, 1987.  Lincoln, S.; Daly, M. & Lander, E. Constructing genetic maps with **MAPMAKER/EXP 3.0**. Whitehead Institute Report, 3rd. ed. 1992.  Lewis, P.O.; Zaykin, D. **Genetic data analysis**: computer program for the analysis of allelic data. Version 1. 0 (d15). Free program distributed by the authors over the internet from the GDA. Programa disponível em: http://www.eeb.uconn.edu/people/plewis/software.php (**GDA**)  Pons, O. e Petit, J.R. Estimation, Variance and Optimal Sampling of Gene Diversity I. Haploid locus. *Theor Appl Genet* 90: 462-470, 1995.  Rohlf, F.J. **NTSYS-PC**: Numerical taxonomy and multivariate analysis. New York, Applied Biostatiscs Inc., 1990. 139p.  Rozas, J., Sánches, I., Barrio, J.C., Messeguer, X. & Rozas, R. (2003) **Dnasp**: DNA polymorphism analysis by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19**:** 2496-2497.  Schneider, S.; Kueffer, L-M.; Roessli, D.; Excoffier, L. **Arlequin** ver 1.1 – A software for population genetic data analysis. Geneva, University of Geneva, 1997. 82p.  Suiter KA; Wendel JF; Case JS. **Linkage-1**: a Pascal computer program for the detection and analysis of genetic linkage. *J Hered 74*:203-204. 1983.  Swofford, D.L. (1998): **PAUP**: Phylogenetic analysis using parsimony and other methods. Illinois Natural History Survey, Champaing, IL.  Swofford, D.L. E Selander, R.B.A. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7.*Natural History Survey*, Illinois. 1989. 43 p. (**BIOSYS-2**). Programa disponível em http://fortinbras.us/biosys2/  Ritland, K. A series of FORTRAN computer programs for estimating plant mating systems. *The Journal of Heredity*, *81*(3): 235-7. 1990.  Ritland, K. 2002. Extensions of models for the estimation of mating systems using *n* independent loci. *Heredity*, 88: 221-228. Programa disponível em <http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html> (Mating system, relatedness and genetic distance/diversity programs)  S.A.S. Institute. **SAS/STAT** *Guide for personal computers*, Version 6.03. SAS Institute Inc., Cary, NC. 1985.  Vários programas disponíveis em <http://courses.washington.edu/fish543/Software.htm> | | | | | | | | | |