|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 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 NodariMaurício 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 ArtigosUso 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 16:00Uso 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. 6Botstein, 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. 7Hamrick, 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. 8Nei, 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. 4Cockerham, 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. 8Venckovsky, R. Análise da Variância das frequências alélicas. In: Congresso Latino Americano deGenética, X, Rio de Janeiro, 1992. Anais..., p.53-60.Weir (1996). Cap. 5Weir, 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, 1979Mahalanobis, 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.237-284Nei (1987) Cap. 9Weir (1996). Cap. 5Cockerham, 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: 447-448Eguiarte, 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, 1981Weir, 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.htmHammer, 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/pastHuelsenbeck, 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> |