

NOME DO COMPONENTE		COLEGIADO	CÓDIGO	SEMESTRE
Análise Cladística (OPTATIVA)		Ciências Biológicas	BIOLXXXX	Suplementar 2020.3
CARGA HORÁRIA TOTAL	SINCRONA	ASSINCRONA	<b>HORÁRIO:</b> Sextas-feiras das 14:00 - 18:00 (atividades síncronas, quando houver)  <b>PERÍODO:</b> 6°	
60h	20h	40h		
<b>Pré-requisito :</b>	<b>BIOL0077 Fundamentos de sistemática</b>			
<b>Equivalência : não tem</b>				
CURSOS ATENDIDOS			SUB-TURMAS	
Ciências Biológicas			Turma única (40 vagas)	
PROFESSORES RESPONSÁVEIS			TITULAÇÃO	
Marco Aurélio Gallo De França Benoit Jean Bernard Jahyny			Doutorado Doutorado	
EMENTA				
<p>Abordar de forma teórico e prática a realização de análises cladísticas para a composição de grupos biológicos, abordando aspectos históricos e metodológicos</p>				
OBJETIVOS				
<p>A disciplina proporcionar ao aluno a capacidade de realizar de forma independente uma análise cladística, bem como de desenvolver uma visão crítica sobre as análises publicadas. Para tal, o aluno deverá compreender os recursos e limitações da metodologia, ter a capacidade de elaborar matrizes de dados e efetuar análises cladísticas, utilizando-se tanto de programas computacionais quanto de maneira lógica.</p>				
METODOLOGIA				
<p>Atividades e aulas em formato síncrono (plataforma Google Classroom) de até 1h30 e assíncrono (plataforma Youtube); lista de exercícios; encontros virtuais para questionamentos e dúvidas (plataforma Google Classroom).</p>				
FORMAS DE AVALIAÇÃO				
<p>PT= Uma prova teórica (múltipla escolha); AT= uma atividade/exercício prático; S= um seminário; sendo Média Final MF = (PT + AT + S) / 3</p>				

CONTEÚDOS DIDÁTICOS	
Número	Cronograma de atividades
01	Introdução histórica: metas da sistemática, Escolas da sistemática (Sistemática Evolutiva ou Gradista, Sistemática Fenética, e Sistemática Cladística)
02	Homologia, Série Transformacional, tipos de características (apomorfias, plesiomorfias, sinapomorfias, simplesiomorfias, autapomorfias, homoplasias, reversões)
03	Princípio da parcimônia, matrizes de características, cladogramas, grupos monofiléticos e não-monofiléticos
04	Tratamento de caracteres filogenéticos: morfológico, genético, pesagem, definição de caracteres, codificação de caracteres (discretos, contínuos, ordenados e não ordenados)
05	Uso de programas para elaboração de matrizes filogenéticas (Mesquite)
06	Uso de programas para análise de dados filogenéticos (TNT; PAUP),

	algoritmos de agrupamento (Exaustiva, Heurística)
07	Topologias: árvores de consenso
08	Mapeamento e otimização dos caracteres (Actran, Deltran)
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	
<p>AMORIM, D.S. 2002. Fundamentos de Sistemática Filogenética. Ribeirão Preto, Holos Editora. 154 p.</p> <p>HENNIG, W. 1968. Elementos de una Sistemática Filogenética. Buenos Aires, Eudeba. v + 353 p.</p> <p>WILEY, E.O., SIEGEL-CAUSEY, D., BROOKS, D.R. &amp; FUNK, V.A. 1991. The complete cladist: a primer of Phylogenetic Systematics. Lawrence, University of Kansas (Special Publications, Museum of Natural History). x + 158 p.</p> <p>Artigos disponibilizados no portal CAPES</p>	