

# Phylogenetics and Molecular Evolution/Filogenética e Evolução Molecular

Octávio S. Paulo

Computational Biology and Population Genomics Group (CoBiG2)

Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa

[octavio.paulo@fc.ul.pt](mailto:octavio.paulo@fc.ul.pt) gabinete 2.3.46A



**Ciências  
ULisboa**

Faculdade  
de Ciências  
da Universidade  
de Lisboa



**Computational  
Biology & Population  
Genomics Group**



# Avaliação

---

Exame Prático 30%

Exame Teorico 20%

Talk 30%

Participação 20%

# Exame Prático

---

Exercícios idênticos aos resolvidos na aula a realizar individualmente no computador

30% nota final

>50% para passar

# Exame Teorico

---

10 perguntas de resposta breve

1 pergunta de desenvolvimento

1 hora

Exame no ultimo dia de aulas

20% nota final

# Talks

---

Apresentações individuais de 15 minutos em PowerPoint

Seguidas de discussão

Talk = 30%

>50% para passar

# Talk

---

Apresentações individuais de 15 minutos em PowerPoint

Seguidas de discussão

1ª - Escolher um Artigo da Web of Science sobre os assuntos da UC. Envio de pdf via email para aprovação, inserção em tema da aula.

2º - Envio de pdf da talk pós-talk

Paper desde 2013 idealmente depois de 2018.

# Participação

---

Participação nas Discussão das talks + participação nas aulas  
+JC

Journal Club

20% nota final

# Avaliação

---

Exame no último dia da Unidade Curricular e segunda data na época de recorrência.

São guardadas as notas parcelares dos exames e restante avaliação entre as duas épocas.

Nas melhorias (cadeira realizada e nota lançada) usam-se as melhores notas parcelares.

# Objetivos científicos

---

No final do curso os alunos devem possuir as seguintes competências:

- 1) Entender e operar com princípios básicos da análise filogenética, nomeadamente os tipos de dados passíveis de análise, tipos de árvores e nomenclatura das mesmas.
- 2) Saber realizar vários métodos de alinhamento de sequências de DNA.
- 3) Saber implementar os diferentes métodos de inferência filogenética: métodos de parcimónia, de distâncias, de máxima verosimilhança e bayesianos.
- 4) Utilizar corretamente os modelos de evolução molecular e saber selecioná-los.
- 5) Saber implementar os algoritmos de busca e otimização de árvores filogenéticas.
- 6) Realizar análises de robustez dos nós nas árvores filogenéticas.
- 7) Entender a complexidade inerentes aos grandes conjuntos de dados.

# Objetivos científicos

---

No final do curso os alunos devem possuir as seguintes competências:

- 8) Usar servidores remotos para realizar análises de grandes matrizes de dados.
- 9) Implementar a estimativa de tempos de divergência pelo uso de relógios moleculares.
- 10) Entender as análises intraespecíficas de sequências.
- 11) Entender o racional da delimitação de espécies por recursos a análise de sequências.
- 12) Saber detetar sinais de seleção em contexto filogenético.

# Programa

---

O curso divide-se em oito grandes componentes de duração variável, que abordam de forma abrangente a área da filogenética.

## **Introdução à Filogenética e Evolução Molecular**

Introdução à Filogenética. Para que serve e como se faz filogenética. Noções básicas de filogenética. Tipos de dados usados pela filogenética. Tipos de árvores e respetiva terminologia. DNA nuclear, mitocondrial e cloroplastidial. Algoritmos de alinhamentos. Bases de dados de sequências de DNA.

# Programa

---

## **Métodos de inferência filogenética**

Métodos de inferência filogenética. A classificação dos métodos de acordo com os tipos de dados e os métodos de obtenção da melhor árvore. O método da máxima parcimónia. O método das distâncias e os seus algoritmos mais utilizados. Inferência filogenética por máxima verosimilhança. Inferência bayesiana, a aplicação da estatística bayesiana à inferência filogenética.

# Programa

---

## **Modelos de evolução e testes de hipóteses**

Modelos de evolução das sequências de DNA, aminoácidos e características morfológicas. A escolha dos modelos de evolução. Teste a hipóteses entre árvores alternativas. Os algoritmos de busca da melhor árvore filogenética. A análise da robustez dos nós das árvores.

# Programa

---

## **Introdução aos relógios moleculares**

Estimativa de tempos de divergência e relógios moleculares. Árvores filogenéticas com relógios moleculares relaxados.

# Programa

---

## **Introdução à filogenómica**

A complexidade resultante da análise de múltiplos genes. O problema da incongruência entre genes e a heterogeneidade nas taxas de evolução dos genes. “Gene trees” e “Species Trees”.

Construção de supermatrizes para filogenómica e o problema da escolha das partições.

# Programa

---

## **Análise intraespecífica de sequências**

Métodos de construção de redes filogenéticas intraespecíficas.  
Processo demográfico histórico.

# Programa

---

## **Delimitação de espécies**

A problemática da delimitação de espécies na descoberta da diversidade biológica. As diferentes abordagens com um único *locus* e múltiplos *loci* e as suas limitações.

# Programa

---

## **Deteção de seleção**

A deteção de linhagens e *loci* sujeitos a evolução adaptativa. Pressupostos, limitações e análise dos métodos.

# Programa

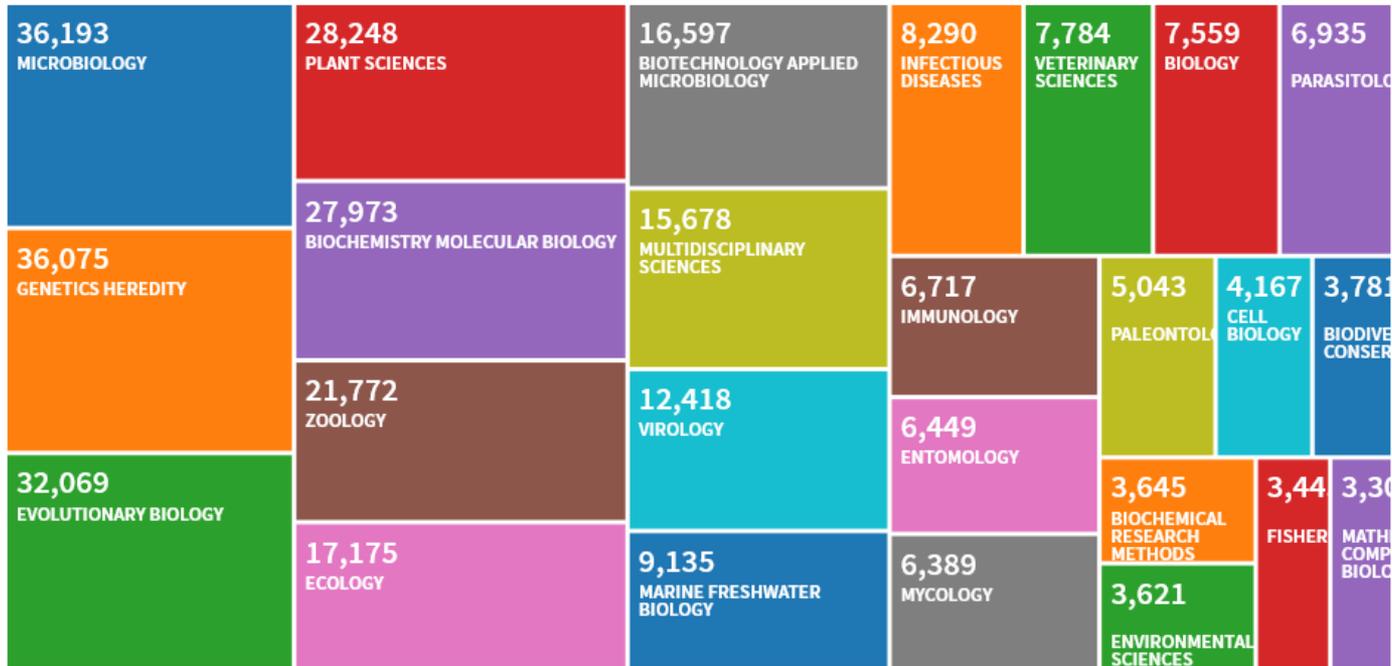


Figura 1 – Mapa de categorias das referências obtido na web of science core collection com o tópico “phylogenetic\*”

# Programa

---

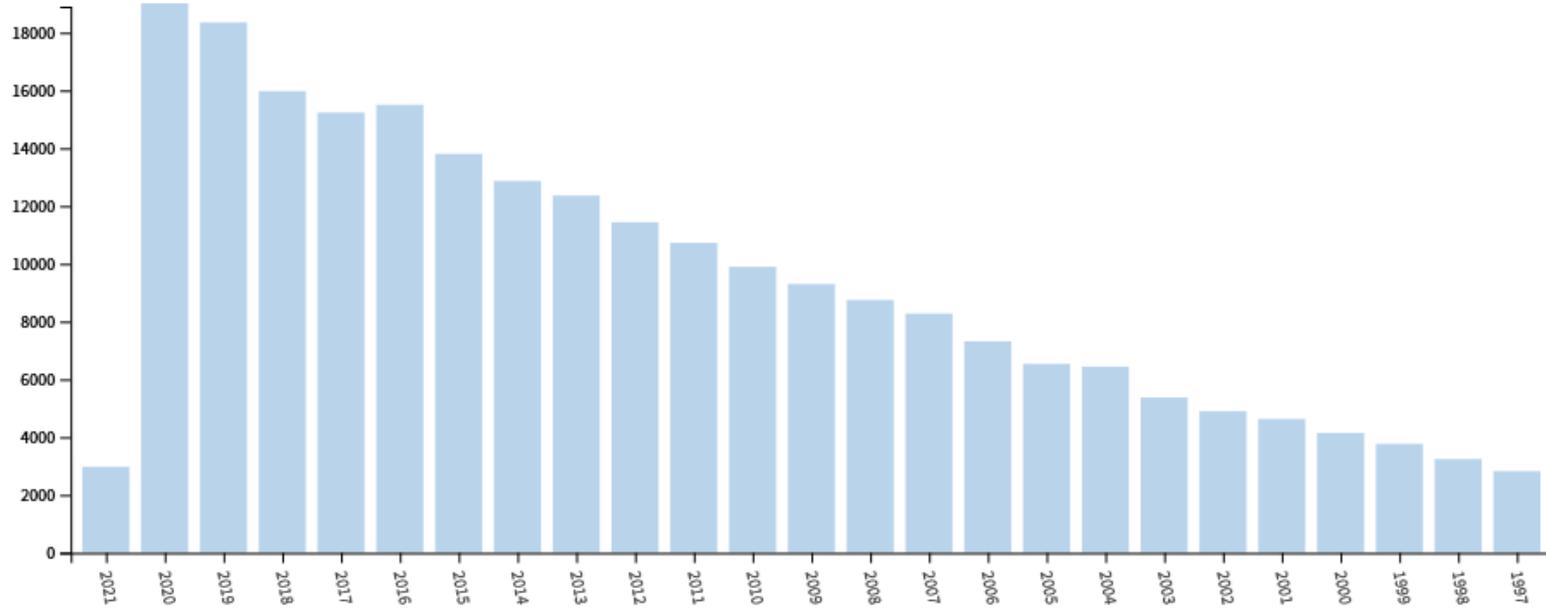


Figura 2 - Número de publicações por ano desde 1997 obtidos na “web of science” core collection com o tópico “phylogenetic\*”

# Programa

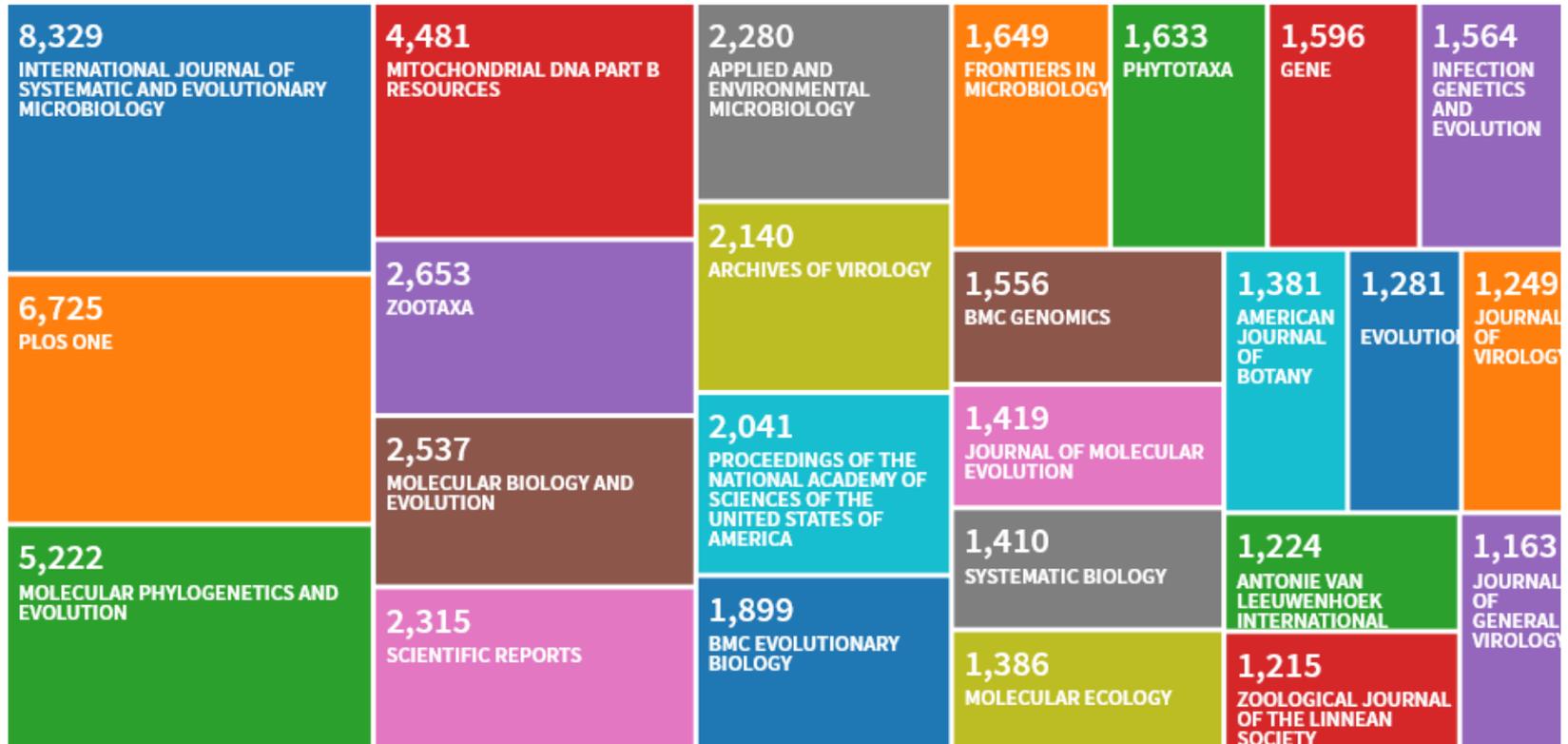


Figura 3 - Distribuição das publicações pelas principais revistas científicas obtidos na “web of science” core collection com o tópico “phylogenetic\*”