

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS, ALGAS E PLANTAS PLANO DE ENSINO				
2020-1¹				
¹ Plano de ensino adaptado, em caráter excepcional e transitório, para substituição de aulas presenciais por aulas em meios digitais, enquanto durar a pandemia do novo coronavírus – COVID-19, em atenção à Portaria MEC 344, de 16 de junho de 2020.				
1. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA:				
CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA	HORAS-AULA SEMANAIS		HORAS-AULA SEMESTRAIS
		TEÓRICAS	PRÁTICAS	
FAP 410032	Análises comparativas: evolução, ecologia e conservação	4	-	60
	Número de vagas	12		
2. HORÁRIO				
Encontros síncronos: Quintas-feiras, 14:30h às 16:30h		*: horário limite em que as aulas serão colocadas para visualização no Moodle.		
Aulas assíncronas: Quintas-feiras, 09:00h às 12:00h* e 14:00h às 17:00h**		**: horário em que a docente estará à disposição para os encontros síncronos individuais (conforme demanda dos discentes)		
3. PROFESSOR(ES) MINISTRANTE(S)				
1. Suzana Alcantara (Depto. Botânica – UFSC) (suzanaalcantara@gmail.com) – prof. responsável		2. Cintia Gomes de Freitas (PPG Ecologia e Conservação - PD Print/CAPES - UFPR) (cintuca@gmail.com) - prof. colaborador		
3. Marcelo Reginato (Depto. Botânica – UFRGS) (reginatobio@yahoo.com.br) – prof. convidado				
4. CURSO(S) PARA O(S) QUAL(IS) A DISCIPLINA É OFERECIDA				
1. PPG em Biologia de Fungos, Algas e Plantas				
4.1 DISCIPLINA OBRIGATÓRIA OU ELETIVA				
Eletiva				
5. EMENTA				

Apresentação dos principais métodos e propósitos da utilização de filogenias em estudos ecológicos, evolutivos, biogeográficos e conservacionistas. Introdução da bibliografia básica, com realização de atividades práticas para familiarização com os programas computacionais utilizados na área. Realização de treinamentos em análise de dados a partir de tutoriais disponibilizados onde serão colocados em prática os princípios apresentados em aula.

6. OBJETIVOS

Fornecer ao aluno o primeiro contato e conceitos teóricos básicos para a realização de estudos evolutivos utilizando métodos filogenéticos comparativos. Espera-se que ao final do curso o aluno seja capaz de i. perceber a utilidade prática da aplicação do conhecimento evolutivo em diversas áreas da botânica; ii. avaliar criticamente estudos sobre a biodiversidade em contexto evolutivo; iii. elaborar projetos de pesquisa envolvendo a utilização de métodos filogenéticos comparativos; iv. dominar o conhecimento básico necessário para desenvolver suas habilidades na utilização dos métodos filogenéticos comparativos.

7. MÉTODO DE ENSINO / DESENVOLVIMENTO DO PROGRAMA

1. Aulas assíncronas: serão disponibilizadas semanalmente, via Moodle, em arquivos no formato apresentação de PowerPoint, com o conteúdo contemplado segundo cronograma abaixo. Todos os arquivos estarão disponíveis com pelo menos uma semana de antecedência em relação à data apresentada no cronograma.

2. Atividades assíncronas: serão disponibilizados semanalmente, via Moodle, os tutoriais (arquivos texto e/pdf) para o uso de programas de análises apresentados nas aulas assíncronas, contendo indicação dos links específicos para acesso aos programas que serão utilizados em cada semana. Todos os arquivos estarão disponíveis com pelo menos uma semana de antecedência em relação à data apresentada no cronograma.

3. Encontros síncronos coletivos: serão realizados pelo menos 3 encontros coletivos no decorrer da disciplina, via GoogleMeet (ver cronograma abaixo), visando atingir os seguintes objetivos:

a. apresentação dos docentes, estudantes e explanação/sanar dúvidas em relação ao plano de ensino (após disponibilização da aula assíncrona onde o plano e cronograma serão apresentados);

b. discutir as ideias de trabalho de conclusão propostas pelos estudantes, que deverão ser enviadas previamente para o fórum da disciplina via Moodle (arquivo powerpoint ou audio/vídeo)

c. discutir com a turma as apresentações dos trabalhos de conclusão (em formato powerpoint ou vídeo, que deverão ser enviadas previamente via Moodle) & discussão final/avaliação da disciplina.

4. Encontros síncronos individuais: poderão ser agendados de acordo com a demanda dos estudantes, via GoogleMeet, visando sanar dúvidas específicas em relação aos tutoriais e/ou trabalho de conclusão proposto.

Sistema de comunicação: além da acessibilidade via email e chat disponível no AVEA - ambiente virtual de ensino e aprendizagem - Moodle, serão utilizadas plataformas para web conferência (GoogleMeet).

Material didático específico: os materiais que serão utilizados durante a disciplina constituem aulas pré-gravadas (assíncronas), de autoria própria, e tutoriais, além da indicação dos programas que serão utilizados em cada semana. Os programas utilizados são de uso livre e irrestrito da comunidade científica. As aulas e tutoriais disponibilizados não poderão ser gravados, difundidos ou compartilhados sem autorização prévia. Toda a bibliografia básica também será disponibilizada no Moodle da disciplina e trata-se de material acessível para fins científicos/educacionais (pdfs de artigos científicos e/ou livros disponíveis pela BU).

Identificação do controle de frequência das atividades: Para comprovar a frequência em relação às **aulas assíncronas**, o aluno deverá gravar um áudio curto (máx. 5 min), considerando de que forma o conteúdo teórico apresentado naquela aula pode ser aplicado a seu sistema de estudo (não necessariamente a seu projeto de dissertação/tese). Para as **atividades assíncronas (tutoriais)**, o aluno poderá postar um arquivo relatando as dúvidas/problemas encontrados durante a realização do mesmo ou (no caso de não encontrar nenhuma dificuldade), postar os arquivos da script e output das análises. Para os **encontros síncronos**, será considerada a participação do aluno - em caso de problemas técnicos que impeça a participação individual durante os encontros coletivos, o aluno deverá entrar em contato para agendar um encontro síncrono individual de reposição.

8. MÉTODO DE AVALIAÇÃO

A avaliação da disciplina será verificada a partir da média de notas obtidas em:

- Envio dos audios após assistir as aulas assíncronas, demonstrando capacidade de aplicar o conteúdo contemplado a um sistema de estudo real (25% da nota)
- Envio dos arquivos contendo dúvidas e/ou realização das análises dos tutoriais (25% da nota)
- Participação ativa durante os encontros síncronos (10% da nota)
- Entrega de trabalho de conclusão, consistindo em 2 arquivos: 1 documento de texto (word ou pdf) contendo relatório no formato de manuscrito/artigo científico e 1 documento de vídeo mp4 ou powerpoint com áudio, com 5 a 10min. de duração, contendo a apresentação da ideia e dos principais resultados do trabalho para toda a turma (40% da nota).

TODAS AS ATIVIDADES DEVERÃO SER ENVIADAS VIA MOODLE.

9. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

Conteúdo teórico: Histórico: Contrastes filogenéticos e Análises filogenéticas comparativas. Evolução de caracteres & adaptação. *Phylomorphospace*. Dinâmicas de diversificação. Biogeografia integrativa e evolução de áreas de distribuição.

Conteúdo prático: Interpretação de filogenias - exercícios de prática *tree-thinking* e programas para visualização e manipulação de filogenias no R. Softwares BEAST, Mesquite, BayesTraits e BAMM. Pacotes do R: BAMMtools, phytools/diversitree, hisse, GeoSSE; BioGeoBEARS.

10. CRONOGRAMA*

Aula	Data	CH	Conteúdo/Atividade
1	08/10	3h	Aula assíncrona - parte 1: Apresentação da disciplina: será disponibilizada no Moodle até 01/10. Aula assíncrona - parte 2: Histórico: Análises filogenéticas comparativas. "Correção filogenética" vs. incorporação da informação evolutiva em estudos ecológicos.
2	08/10	3h	**Encontro síncrono: Apresentação e explanação sobre o plano de ensino, cronograma e método de avaliação da disciplina. Atividades assíncronas: Tutoriais contemplando softwares R. Interpretação de filogenias - exercícios de prática <i>tree-thinking</i> e programas para visualização e manipulação de filogenias no R. Apresentação do software Mesquite.
3	15/10	3h	Aula assíncrona: Evolução de caracteres & adaptação: 1. Histórico do pensamento adaptacionista; 2. Padrões de evolução de caracteres. Modelos evolutivos: Fundamentos teóricos e exemplos. 3. Sinal filogenético e taxas de evolução.
4	15/10	3h	Atividades assíncronas: Tutoriais contemplando programas para avaliar evolução de caracteres e modelos evolutivos no R (geiger, phytools, ape, etc.). Softwares BayesTraits.
5	22/10	3h	Aula assíncrona: Análises morfométricas & multivariadas. Estudos macroevolutivos. Conceito de caracteres complexos e <i>phylomorphospace</i> .
6	22/10	3h	Atividades assíncronas: Tutoriais contemplando pacotes vegan, ape, phytools (R).
7	29/10	3h	Aula assíncrona: Diversificação: 1. Mudanças em taxas de diversificação; 2. Inovações chave; 3. Radiação adaptativa e ocupação de <i>phylomorphospace</i> .
8	29/10	3h	Atividades assíncronas: Tutoriais contemplando software BAMM; pacotes BAMMtools, hisse, diversitree, GeoSSE (R).
9	05/11	3h	Aula assíncrona: Biogeografia integrativa: 1. Histórico e perspectiva atual. 2. Modelagem evolutiva de áreas de distribuição.

10	05/11	3h	**Encontro síncrono: Discussão sobre os temas dos trabalhos de conclusão. Orientação sobre o formato e conteúdo esperado nos trabalhos entregues. Atividades assíncronas: Tutoriais contemplando o programas BEAST e os pacotes GeoSSE; BioGeoBEARS (R).
11	12/11	3h	Atividades assíncronas: Realização dos trabalhos de conclusão pelos estudantes. Docente responsável disponível para sanar dúvidas.
12	12/11	3h	Atividades assíncronas: Realização dos trabalhos de conclusão pelos estudantes. Docente responsável disponível para sanar dúvidas.
13	19/11	3h	Atividades assíncronas: todos os participantes deverão assistir as apresentações dos trabalhos de conclusão de curso, que deverão ser postadas no Moodle até 17/11 IMPRETERIVELMENTE até às 23:59h.
14	19/11	2h	**Encontro síncrono: Discussão sobre as apresentações dos trabalhos de conclusão. Avaliação/discussão sobre o andamento da disciplina.

* Serão destinadas 19 horas-aula para a realização remota das atividades propostas.

11. BIBLIOGRAFIA BÁSICA

- Ackerly DD 2009. Conservatism and diversification of plant functional traits: Evolutionary rates versus phylogenetic signal. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 106:19699-19706.
- Blomberg SP, Garland T & Ives AR. 2003. Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution* 57:717-745.
- Beaulieu JM & O'Meara BC. 2016. Detecting hidden diversification shifts in models of trait-dependent speciation and extinction. *Systematic Biology* 65:583-601.
- Diniz-Filho JAF. 2000. *Métodos Filogenéticos Comparativos*. Holos Editora, Ribeirão Preto.
- Donoghue MJ & Moore BR. 2003. Toward an integrative historical biogeography. *Integrative Computational Biology* 43:261-270.
- Felsenstein J. 1985. Phylogenies and the comparative method. *American Naturalist* 125:1-15.
- Garamszegi LZ. 2014. *Modern Phylogenetic Comparative Methods and Their Application in Evolutionary Biology*. Concepts and Practice. Springer.
- Fuentes-G. JA, Polly PD, Martins EP. 2020. A Bayesian extension of phylogenetic generalized least squares: Incorporating uncertainty in the comparative study of trait relationships and evolutionary rates. *Evolution*, online version: doi:10.1111/evo.13899
- Hansen TF & Martins EP. 1996. Translating between microevolutionary process and macroevolutionary patterns: the correlation structure of interspecific data. *Evolution* 50:1404-1417.
- Huey RB, Garland Jr T & Turelli M. 2010. Revisiting a key innovation in evolutionary biology: Felsenstein's "Phylogenies and the Comparative Method". *American Naturalist* 193: 755-772.
- Maddison WP, Midford PE & Otto SP. 2007. Estimating a binary character's effect on speciation and extinction. *Systematic Biology* 56:701-710.
- Pagel MD. 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature* 401:877-884.
- Rabosky DL. 2014. Automatic detection of key innovations, rate shifts, and diversity-dependence on phylogenetic trees. *PLoS ONE* 9:e89543.
- Rabosky DL & Goldberg EE. 2015. Model inadequacy and mistaken inferences of trait-dependent speciation. *Systematic Biology* 64:340-355.

Ree RH. 2005 Detecting the historical signature of key innovations using stochastic models of character evolution and cladogenesis. *Evolution* 59:257-265.

Schluter D. 2000. Ecological character displacement in adaptive radiation. *American Naturalist* 156: S4-S16.

12. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR E OUTRAS REFERÊNCIAS

Butler MA & King AA. 2004. Phylogenetic comparative analysis: a modeling approach for adaptive evolution. *American Naturalist* 164:683–695.

Donoghue MJ. 2008. A phylogenetic perspective on the distribution of plant diversity. *Proceedings of National Academy of Science of USA*. 105:11540-11555.

Donoghue MJ & Edwards EJ. 2014. Biome shifts and niche evolution in plants. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 45:547–572.

Edwards EJ, Still CJ & Donoghue MJ. 2007. The relevance of phylogeny to studies of global change. *Trends in Ecology and Evolution* 22:243-249.

Milla R. 2020. Crop Origins and Phylo Food: A database and a phylogenetic tree to stimulate comparative analyses on the origins of food crops. *Global Ecology and Biogeography*, online version: DOI: 10.1111/geb.13057.

Ricklefs RE. 2007a. History and diversity: explorations at the intersection of ecology and evolution. *American Naturalist* 170:S56-S70.

Sechrest W, Brooks TM, da Fonseca GAB, Konstant WR, Mittermeier RA, Purvis A, Rylands AB & Gittleman JL. 2002. Hotspots and the conservation of evolutionary history. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 99:2067–2071.

Wiens JJ & Donoghue MJ. 2004. Historical biogeography, ecology and species richness. *Trends in Ecology & Evolution* 19:639-644.

10. LEGISLAÇÃO

Não será permitido gravar, fotografar ou copiar as aulas disponibilizadas no Moodle. O uso não autorizado de material original retirado das aulas constitui contrafação – violação de direitos autorais – conforme a [Lei nº 9.610/98 – Lei de Direitos Autorais](#).



.....
Suzana Alcantara