



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número: RESCD-2022-2719-E-UBA-DCT#FCEN

CIUDAD DE BUENOS AIRES

Viernes 16 de Diciembre de 2022

Referencia: EX-2022-05151651- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión
12/12/2022

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Análisis Cladístico (DOC8800692) para el año 2022,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 12 de diciembre de 2022,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113º del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD

DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el dictado del curso de posgrado **Análisis Cladístico (DOC8800692)** de 80 horas de duración, que será dictado por el Dr. Martín Ramírez con la colaboración de las Dras. Alexandra Gottlieb y Gabriela Russo.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado **Análisis Cladístico (DOC8800692)** que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el segundo cuatrimestre de 2022.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Dejar establecido que si el presente curso de posgrado forma parte del plan de estudios de un doctorando juntamente con el curso **Filogenias Moleculares**, se le podrán otorgar por ambos cursos un puntaje máximo de hasta cinco (5) puntos para la carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 5º: Establecer un arancel de **CATEGORÍA 3** estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 6º: Disponer que de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 7º: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase QBIOLÓGICA#FCEN y resérvese.

ANEXO

Programa

Análisis Cladístico

Contenidos mínimos

Comparación entre distintos métodos de clasificación. Clasificaciones naturales. Homología, caracteres y estados. Árboles filogenéticos y criterios de optimalidad. Optimización. Máxima parsimonia. Sinapomorfías, plesiomorfías, homoplasia. Grupos monofiléticos, parafiléticos, polifiléticos. Enraizamiento y búsqueda de árboles filogenéticos. Algoritmos exactos y heurísticos. Medidas de ajuste y peso de caracteres. Consenso y medidas de soporte. Tratamiento de particiones de datos. Landmarks, morfometría y morfoespacio.

PROGRAMA ANALÍTICO

Unidad 1. Sistemática biológica: generalidades y conceptos básicos

Historia de la clasificación de los organismos. Taxonomías populares y clasificaciones no jerárquicas. Clasificaciones naturales, jerarquía lineana, taxones y categorías taxonómicas. Clasificación filogenética. Criterios para comparar métodos clasificatorios. Códigos de nomenclatura. Prioridad y tipificación.

Unidad 2. Homología y caracteres

Correspondencias en biología comparada. Morfología pre-evolutiva y reinterpretación darwiniana. Criterios de reconocimiento de homologías. Mecanismos de mantenimiento de homologías morfológicas. Homología primaria y secundaria. Caracteres y estados. Sintaxis de caracteres fenotípicos.

Unidad 3. Parsimonia y optimización

Terminología de árboles. Reconstrucciones ancestrales. Eventos de transformación e hipótesis ad-hoc. Largo del carácter, largo del árbol. Criterios de optimalidad de hipótesis. Parsimonia y simplicidad. Sinapomorfías, plesiomorfías, homoplasia. Grupos monofiléticos, parafiléticos, polifiléticos. Caracteres informativos. Matrices de costos de transformación. Optimización de caracteres. Ambigüedades, entradas faltantes e inaplicables. Caracteres binarios, multiestado, discretos y continuos. Fuentes de caracteres.

Unidad 3. Enraizamiento y búsqueda de árboles filogenéticos

Arboles con raíz y sin raíz. Enraizamiento y polaridad de cambios. Grupos externos y diseño de análisis filogenético. Número de árboles en función de terminales. Búsquedas exactas y heurísticas. Algoritmo de branch and bound. Algoritmo de secuencias de adición al azar. Reacomodamientos SPR y TBR. Óptimos locales y globales. Estrategias de búsqueda. Islas de árboles. Algoritmos para matrices complejas. Criterio de convergencia y de estabilidad del consenso.

Unidad 4. Medidas de ajuste y pesado de caracteres

Índice de consistencia, índice de retención. Índices unitarios y globales. Pesado de caracteres a priori y a posteriori. Funciones de pesado de caracteres. Pesado sucesivo. Pesos implicados.

Unidad 5. Consenso y medidas de soporte

Representación de múltiples árboles óptimos. Consenso estricto. Sinapomorfías sobre árboles de consenso. Consenso de mayoría. Árboles podados. Soporte de Bremer. Métodos de remuestreo para medir soporte de ramas. Bootstrap y Jackknifing. Soporte y heterogeneidad metodológica. Automatización de análisis mediante scripts.

Unidad 6. Tratamiento de particiones de datos

Análisis simultáneo y por particiones. Combinación condicional y señales de interacción. Medidas de congruencia entre árboles y matrices. Índice de distorsión, distancias SPR, ILD (incongruence length difference). Test de ILD. Análisis de sensibilidad.

Unidad 7. Morfometría y landmarks

Optimización de caracteres continuos mediante parsimonia. Escalado. Landmarks y configuraciones ancestrales.

Bibliografía

Catalano, S. A., Ercoli, M. D., & Prevosti, F. J. (2015). The more, the better: the use of multiple landmark configurations to solve the phylogenetic relationships in musteloids. *Systematic Biology*, 64, 294-306.

Dececchi, T. A., Balhoff, J. P., Lapp, H., & Mabee, P. M. (2015). Toward synthesizing our knowledge of morphology: Using ontologies and machine reasoning to extract presence/absence evolutionary phenotypes across studies. *Systematic biology*, 64(6), 936- 952.

Felsenstein, J. 2004. Inferring Phylogenies. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts.

Giribet, G. (2007). Efficient tree searches with available algorithms. *Evolutionary Bioinformatics*, 3, 117693430700300014.

Goloboff, P. A. (2022). Phylogenetic analysis of morphological data. CRC Press.

Lemey P. M. Salemi, & A. M. Vandamme (eds.). 2009. The phylogenetic handbook: A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. Cambridge: Cambridge University Press. 430 p.

Ramírez, M. J. (2007). Homology as a parsimony problem: a dynamic homology

- approach for morphological data. *Cladistics*, 23(6), 588-612.
- Sereno, P. C. (2007). Logical basis for morphological characters in phylogenetics. *Cladistics*, 23(6), 565-587.
- Wagner, G. P. (2007). The developmental genetics of homology. *Nature Reviews Genetics*, 8(6), 473-479.
- Wake, D. B., Wake, M. H., & Specht, C. D. (2011). Homoplasy: from detecting pattern to determining process and mechanism of evolution. *science*, 331(6020), 1032-1035.
- Winston, J. E. 1999. Describing Species: Practical Taxonomic Procedure for Biologists. New York: Columbia University Press.

Digitally signed by MARTI Marcelo Adrian
Date: 2022.12.16 17:13:35 ART
Location: Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Marcelo Marti
Secretario
Secretaría de Posgrado
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Digitally signed by LEVI Valeria
Date: 2022.12.16 17:22:45 ART
Location: Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Valeria Levi
Vicedecana
Decanato
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales