



**Universidad de Buenos Aires**  
**Facultad de Ciencias Exactas y Naturales**  
**Departamento de Ciencias Biológicas**

Int. Güiraldes 2620  
 Ciudad Universitaria - Pab. II, 4º Piso  
 CP:1428 Nuñez, Ciudad Autónoma de Buenos Aires  
 Argentina  
<http://www.bg.fcen.uba.ar>

<b>Carrera:</b> Licenciatura en Ciencias Biológicas	<b>Código de la carrera:</b> 05
<b>Carrera:</b> Doctorado en Ciencias Biológicas	<b>Código de la carrera:</b> 55
	<b>Código de la materia:</b>

**FILOGENIAS MOLECULARES**

<b>Frecuencia en que se dicta:</b> bianual		[SI / NO]	PUNTAJE:
<b>CARACTER:</b>			
Curso obligatorio de licenciatura (plan )		NO	
Curso optativo de licenciatura (plan )		NO	
Curso de postgrado		SI	3

<b>Horas de clases:</b>		Hs.
	<b>Teóricas</b>	<b>25</b>
	<b>Problemas</b>	<b>0</b>
	<b>Laboratorios</b>	<b>20</b>
	<b>Seminarios</b>	<b>5</b>
<b>Carga horaria semanal:</b>		<b>50</b>
<b>Carga horaria total cuatrimestral:</b>		<b>50</b>

<b>Asignaturas correlativas:</b>	Ser graduado o estudiante avanzado de Ciencias Biológicas, Genética, Agronomía, Veterinaria, Biotecnología o carreras afines que estén desarrollando tareas (o tengan posibilidades de hacerlo) en el área de Sistemática, Filogeografía, Genómica Comparativa, Biología y Genética Molecular, Ecología Molecular y que deseen actualizar sus conocimientos en el campo de la teoría y práctica de la reconstrucción filogenética basada en caracteres moleculares. Los postulantes deberán tener, por lo tanto, conocimientos de genética y biología molecular así como estar familiarizados con la lectura y análisis de publicaciones internacionales en idioma inglés.
<b>Forma de Evaluación:</b>	Resolución de un examen escrito u oral basado en los contenidos teóricos y resolución de un problema práctico basado en datos propios de investigación o provistos por los docentes.

<b>Profesor/a a cargo:</b>	Dra. Viviana Confalonieri	
<b>Firma:</b>		
<b>Aclaración:</b>	Dra. Viviana Confalonieri	<b>Fecha:</b> 3 / 03 / 2008

Dra. IRINA IZAGUIRRE  
 DIRECTORA ADJUNTA  
 DEPTO. EGE

**Curso o Seminario de Postgrado y/o Doctorado**  
**Ecología, Genética y Evolución**

**CARRERA** LICENCIATURA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

**Nombre del Curso** FILOGENIAS MOLECULARES

**Responsable** Viviana Andrea Confalonieri  
 En caso de que el responsable del Curso no sea Docente de esta Facultad deberá adjuntarse su CV y nota solicitando la autorización

**Docentes que colaboran en el dictado del curso** Shirley Espert, Jefe de TP  
 Ded.simple  
 Adjuntar LISTADO con nombre, apellido y cargo docente. Si no es docente de esta Facultad deberá adjuntarse CV.

**Curso es dirigido a** Biólogos, Agrónomos, Médicos, Antropólogos, Paleontólogos.

**Cantidad de días que dura el curso** 6 días

**Fecha de inicio** 2 de mayo 2008 **Fecha de finalización** 9 de mayo de 2008  
 En ambos casos consignar día y mes aún cuando sea tentativo

**Modalidad horaria** Lunes, miércoles y viernes de 8,30 a 12,30 y de 13,30 a 18,30  
 Días restantes de 8,30 a 12,30 y de 13,30 a 17,30  
 Informar días y horario aún cuando sea tentativo. Indicar además si el día **sábado** se dicta el curso

**Cant. horas totales** 50 **Cant. horas semanales** 50

Hs. semanales de teóricas	25 hs.
Hs. semanales de problemas	00 hs
Hs. semanales de laboratorio	20 hs.
Hs. semanales de seminario	5hs.
Salidas de campo	00 días
En salidas de campo indicar cantidad de días.	

**Nº mín. de alumnos** 5 **Nº max. De alumnos** 30  
 En caso de nº máximo indicar prioridades de ingreso o método de selección.

**Forma de evaluación** Examen final

**Puntaje para doctorado** 3 **Puntos**  
 Justificar si se difiere de las pautas aconsejadas por la Comisión de Investigación, Publicaciones y Postgrado.

**Arancel (Justificar)** 100 **Módulos**  
 En caso de aceptar excepciones al arancel total indicarlos con claridad.  
 El arancel se destinará a gastos de material bibliográfico, guías de Trabajos prácticos e insumos de software e informáticos en general.

**Modalidad de pago** El que establece la Facultad

**Aprobación programa** Resolución CD Nº nuevo  
 Si aún no fue aprobado poner "nuevo". En todos los casos adjuntar programa !!

  
 DEPTO. EGE

Comisión que evaluó el curso	Subcom. Doctorado	
------------------------------	-------------------	--

Vº Bº del Departamento	
------------------------	---

Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA ADJUNTA  
DEPTO. EGE



UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES  
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

Buenos Aires, lunes 3 de marzo de 2008


- 1.- Departamento Ecología, Genética y Evolución
- 2.- Carrera de: a) Licenciatura en ..... **ORIENTACION**.....
  - b) Doctorado y/o Post-Grado en Ciencias Biológicas
  - c) Profesorado en .....
  - d) Cursos Técnicos en Meteorología .....
  - e) Cursos de Idiomas .....
- 3.- 1er. CUATRIMESTRE, Año 2008
- 4.- No. de CODIGO DE CARRERA .....
- 5.- **MATERIA FILOGENIAS MOLECULARES** No. DE CODIGO: No tiene
- 6.- **PUNTAJE PROPUESTO 3 puntos**
- 7.- **PLAN DE ESTUDIO Año** .....
- 8.- **CARACTER DE LA MATERIA (obligatoria u optativa) : Optativa**
- 9.- **DURACION (anual, cuatrimestral, bimestral u otra) Otra : 6 dias**
- 10.- **HORAS DE CLASE SEMANAL:**

a) Teóricas .....	hs 25	d) Seminarios .....	hs 5
b) Problemas .....	hs 20	e) Teórico-problemas ..	hs 0
c) Laboratorio .....	hs 0	f) Teórico-prácticas ....	hs 0
d) Totales Horas 50			
- 11.- **CARGA HORARIA TOTAL 50 hs**
- 12.- **ASIGNATURAS CORRELATIVAS:** Ser graduado o estudiante avanzado de Ciencias Biológicas, Genética, Agronomía, Veterinaria, Biotecnología o carreras afines que estén desarrollando tareas (o tengan posibilidades de hacerlo) en el área de Sistemática, Filogeografía, Genómica Comparativa, Biología y Genética Molecular, Ecología Molecular y que deseen actualizar sus conocimientos en el campo de la teoría y práctica de la reconstrucción filogenética basada en caracteres moleculares. Los postulantes deberán tener, por lo tanto, conocimientos de genética y biología molecular así como estar familiarizados con la lectura y análisis de publicaciones internacionales en idioma inglés.
- 13.- **FORMA DE EVALUACION:** Resolución de un examen escrito u oral basado en los contenidos teóricos y resolución de un problema práctico basado en datos propios de investigación o provistos por los docentes.
- 14.- **PROGRAMA ANALITICO:**

### Fundamentos y Objetivos

Desde que J. Watson y F. Crick propusieron en 1953 un modelo de la estructura del ácido desoxirribonucleico (ADN) que coincidía con las evidencias experimentales, los científicos han aceptado que esta molécula, presente en todos los seres vivos, es la depositaria de la información genética. En ella no sólo están escritas las instrucciones para construir, mantener y reproducir un ser vivo, sino que además están impresas las señales filogenéticas que permitirán desentrañar la historia evolutiva de los organismos.

En las últimas dos décadas el análisis filogenético basado en caracteres del ADN ha pasado de ser una rara curiosidad a ser una herramienta sumamente poderosa en el terreno de la biología evolutiva moderna. Este enorme crecimiento fue fomentado no sólo por el desmesurado caudal de datos moleculares disponibles de cualquier tipo de organismo, que crece a diario, sino que además por el desarrollo tecnológico que ha tenido la informática, y en particular la bioinformática. Asociado a este

  
Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA ADJUNTA  
DEPTO. EGE

crecimiento se han desarrollado algoritmos cada vez más sofisticados, que permiten analizar filogenéticamente matrices de caracteres y de taxones cada vez más grandes. Estos nuevos algoritmos no sólo aplican el criterio Hennigiano tradicional de Máxima Parsimonia, sino que aplican otras metodologías especialmente diseñadas para caracteres moleculares como Máxima Verosimilitud y Análisis Bayesiano.

Ya en el año 1989, Stephen Gould, famoso paleontólogo de la universidad de Harvard, profetizaba que las filogenias moleculares se convertirían en la herramienta fundamental en el establecimiento de relaciones evolutivas, sobre todo en aquellos casos en donde los métodos tradicionales de morfología comparada habían fallado. Esta predicción se ha cumplido ampliamente, aplicándose el análisis filogenético molecular a la resolución de problemas biológicos que van mucho más allá de la clasificación de los organismos, como puede ser la interpretación de datos provenientes de proyectos genomas, el patrón epidemiológico viral en poblaciones humanas, la elaboración de evidencias en casos judiciales de individuos infectados con HIV.

El presente curso tiene por objeto enseñar los aspectos teóricos y prácticos de la reconstrucción filogenética basada en caracteres moleculares, abordando las distintas metodologías de análisis y criterios de los que se disponen en la actualidad, y las ventajas y desventajas asociadas a la utilización de este tipo de caracteres. En este sentido, se brindarán los conocimientos genéticos básicos necesarios para comprender ciertos aspectos conflictivos de las filogenias moleculares, como son la presencia de genes ortólogos y parálogos, los pseudogenes, los fenómenos de transferencia horizontal e hibridación, la poliploidía, "lineage sorting", etc. Además de las aplicaciones de las filogenias en el campo de la sistemática, este curso tiene por objeto enseñar aspectos teóricos y prácticos de sus aplicaciones en otros campos como la filogeografía, coevolución y biogeografía.

#### **Objetivos generales del curso:**

- 1) Comprender los fundamentos lógicos, epistemológicos y metodológicos que subyacen al análisis y síntesis de la información utilizada con el propósito de esclarecer las relaciones de parentesco entre los organismos.
- 2) Comprender los principios evolutivos que subyacen a la elaboración de los algoritmos utilizados en reconstrucciones filogenéticas.
- 3) Aprender a utilizar las herramientas informáticas más comúnmente usadas para la construcción de árboles, en particular aquellos que provienen del análisis de caracteres moleculares.


#### **Unidad 1. ADN, Genes y Genomas.**

Estructura química del ADN y ARN. Organización estructural de los genes y genomas. Estructura física del genoma de procariontes y de eucariontes. ADN nuclear y mitocondrial. Tipos de secuencias: secuencias repetidas dispersas y en tandem, pseudogenes, elementos móviles, etc. Organización jerárquica del genoma: genes divididos en exones e intrones; familias multigénicas; superfamilias multigénicas; genes homeóticos.

#### **Unidad 2: Filogenias moleculares: elección de la fuente de caracteres.**

Variabilidad de secuencias y rango taxonómico a analizar. Análisis por sitios de restricción y por secuenciación. Cloroplastos: Rearreglos estructurales de cloroplastos y sus implicancias en el análisis filogenético. Genes de cloroplastos y rango taxonómico de utilidad: rbcL, atpB, matK, mdhF, 16rDNA, región espaciadora atp-rbcL. Secuencias nucleares y su rango taxonómico de utilidad: genes ribosomales ADNr18s, ADNr26s, ADNr5.8s, ITS, IGS, 5s y genes espaciadores. Otros genes nucleares. Genes mitocondriales.

#### **Unidad 3: Criterios de Máxima Parsimonia (MP) y su aplicación en filogenias moleculares.**

  
Dra. TRINIDAD IZAGUIRRE  
DIRECTORA GENERAL  
INSTITUTO VENEZOLANO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS

Objetivos de la cladística. El concepto Hennigiano. Caracteres plesiomórficos y apomórficos. Sinapomorfias y autoapomorfias. El principio de Parsimonia. Longitud de los cladogramas. Caracteres congruentes, consistentes y homoplásicos. Grupos monofiléticos, Polifiléticos y parafiléticos. Congruencia de caracteres y homología. Homoplasias: convergencias, paralelismos y reversiones. Distinción entre cladogramas y árboles evolutivos. Terminología de árboles. Árboles con raíz y sin raíz.

#### **Unidad 4: Reconstrucción filogenético en base a MP.**

Construcción en base a apomorfias compartidas: Argumentación Hennigiana o regla de la inclusión/exclusión. Árboles de Wagner. Problemas de los árboles de Wagner. Métodos exactos: Búsqueda Exhaustiva y Búsqueda "Branch and Bound". Métodos heurísticos. Adición por pasos. Permutación de ramas. Métodos NNI, SPR y TBR. El problema de las islas. Árboles óptimos locales y globales. Nuevas tecnologías de análisis: Ratchet, Tree Fusing, Tree Drifting, Sectorial Searches. Polaridad "*a priori*" y "*a posteriori*". La comparación con el grupo externo. El criterio ontogenético y otros métodos de polarización "*a priori*". Polaridad y enraizamiento "*a posteriori*". Programas de Computación en cladística: TNT, PAUP\*, y otros.

#### **Unidad 5: Optimización, medidas de ajuste y pesado de caracteres.**

Criterios de optimización. Parsimonia de Wagner o de Farris. Parsimonia de Fitch. Parsimonia de Dollo. Matrices de Sankoff. Optimización de caracteres (fast, slow y unambiguous). Medidas de ajuste de los caracteres: longitud del cladograma; índice de consistencia; índice de retención; índice de consistencia reescalado. Pesado de caracteres: "*a priori*" y "*a posteriori*". Pesado "*a priori*" en caracteres moleculares: entre posiciones y dentro de cada posición. El caso del gen ADNr 18s: distribución y frecuencia de deleciones e inserciones; "stems", loops y cambios compensatorios de bases; dominios variables y dominios conservados. Desvíos en tasas de transición y transversión. Pesado "*a posteriori*": Pesado sucesivo y Pesos implicados.

#### **Unidad 6: Consenso y medidas de soporte**


Consenso estricto. Consenso de componentes combinables. Consenso de Adams. Consenso de Mayoría. Problemas de los árboles de consenso. Soportes a nivel de todo el árbol. Distribución de la longitud de los cladogramas. PTP. T-PTP. Soportes a nivel de ramas individuales. Largo de rama. Soporte de Bremer. Procesos de aleatorización para medir soporte de ramas. Método "bootstrap" y "Jackknifing". Ventajas y desventajas de los distintos métodos.

#### **Unidad 7: Filogenias moleculares y el concepto de homología.**

Árboles de genes y árboles de especies. Homologías y duplicaciones. Genes ortólogos y genes parálogos. Homología y poliploidía. Hibridación e introgresión. Homología y recombinación genética. Tipos de alineación. Alineación global y local. Alineación visual. Métodos de alineación por matrices de punto y por similitud. Método de Alineación dinámico de Needleman y Wunsch. Parámetros de penalidad de apertura y extensión de "gaps". Los "gaps" como caracteres filogenéticos. Alineamientos estáticos vs. Alineamientos dinámicos: método de optimización directa. Programas informáticos.

#### **Unidad 8: Hipótesis filogenéticas conflictivas.**

Evaluación de árboles a partir de distintas fuentes de caracteres: métodos combinados, de consenso y de combinación. Congruencia topológica y congruencia de caracteres. Mediciones cuantitativas de la incongruencia entre árboles. Significación estadística. Causas de conflicto. Genes ortólogos y parálogos. Tasas heterogéneas entre taxa y entre sitios. Composición de bases sesgadas. Causas de origen organísmico: evolución morfológica convergente. Transferencia horizontal.

  
Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA ADJUNTA  
DE I+D+i

## Unidad 9: Modelos probabilísticos de evolución molecular y su aplicación en método de distancia.

Modelos de evolución molecular: modelo de Jukes-Cantor, K2P, F81, HKY85 y GTR. Aplicación de modelos en la construcción de matrices de distancias. Análisis de agrupamiento. UPGMA y Neighbor-Joining. Programas informáticos.

## Unidad 10: Métodos Probabilísticos: Máxima Verosimilitud y Análisis Bayesiano.

Definición de verosimilitud. Máxima verosimilitud aplicada a filogenias. Test de razón de verosimilitudes (Likelihood Ratio Test). Estadística clásica vs. Estadística Bayesiana. Probabilidad subjetiva. Teorema de Bayes. Probabilidades "a priori" y "a posteriori". Distribución de probabilidades discretas y continuas. Estadística Bayesiana aplicada a filogenias. Cadenas de Markov de Montecarlo. Cálculo de probabilidades posteriores en filogenias. Algoritmo de Metropolis Hastings. Período "burn-in". Programas informáticos.

## Unidad 11: Reloj Molecular

Estimación de tasas de sustitución nucleotídica. Pruebas de homogeneidad de tasas entre linajes. Aplicación de relojes moleculares cuando existe heterogeneidad de tasas entre linajes. Calibración del reloj. Críticas al uso de relojes moleculares.

## Bibliografía

- Avice, J.C. 2006. *Evolutionary pathways in nature*. Cambridge University Press. Cambridge, UK. 285 pp.
- Crisci, J.V. y Katinas, L. 1997. La filogenia frente a la justicia. *Ciencia Hoy* 8(43): 28-35.
- De Pinna, M.C. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. *Cladistics* 7: 367-394
- De Salle, R., Giribet, G. & Wheeler, W. (Eds.) 2002. *Molecular Systematics and Evolution. Theory and Practice*. Birkhäuser Verlag, Basel, Boston, Berlin.
- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts.
- Giribet, G. 2001. Exploring the Behavior of POY, a Program for Direct Optimization of Molecular Data. *Cladistics* 17: 560-570.
- Giribet, G. (2005) "TNT: Tree Analysis Using New Technology", Version 1.0, Beta test v. 0.2. Program and documentation available at <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/>. Pablo A. Goloboff, James S. Farris, and Kevin Nixon. *Systematic Biology* 54(1): 176-178.
- Gladstein, D.S. & Wheeler, W.C. 1997. *POY: the optimization of alignment characters*. American Museum of Natural History. New York. Program and documentation available at <ftp://ftp.amnh.org/pub/molecular/poy/>.
- Goloboff, P. A. 1996. Methods for faster parsimony analysis. *Cladistics* 12: 199-220.
- Goloboff, P. A. 1998. *NONA v. 1.9. Program and documentation*, available at <ftp.unt.edu.ar/pub/parsimony>.
- Goloboff, P. A. 1998. *Principios Básicos de Cladística*. Buenos Aires. Sociedad Argentina de Botánica. 81 pp.
- Goloboff, P. A. 1994. *NONA/Pee-Wee, ver. 1.1*. The American Museum of Natural History, New York.
- Goloboff, P. A. 1995. Parsimony and weighting: a reply to Turner and Zandee. *Cladistics* 11: 91-104.
- Goloboff, P.A., Farris, J. S. & Nixon, K. 2003. *Tree Analysis Using New Technology Version 1.0* © Available from the authors and from <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny>
- Graur, D. & Li, W. H. 2000. *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.

  
Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA ADJUNTA  
DE INVESTIGACIONES

- Hall, B. G. 2001. *Phylogenetic Trees Made Easy. A How-To Manual for Molecular Biologists*. Sinauer Associates, Inc. Publ., Sunderland, Massachusetts, U.S.A. 179 pp.
- Harvey, P.H. & Pagel, M.D. 1991. *The Comparative Method in Evolutionary Biology*. Oxford University Press, Oxford. 248pp.
- Harvey, P.H., Leigh Brown, A.J., Maynard Smith, J. & Nee, S. (Eds.) 1996. *New Uses for New Phylogenies*. Oxford University Press, Oxford. 368pp.
- Higgins, D. G. & Sharp, P. M. 1988. Clustal: A package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene* 73: 237-244.
- Hillis, D. M., Moritz, C. & Mable, B. (Eds.) 1996. *Molecular Systematics*. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publ. Sunderland Massachusetts, USA. 655 pp.
- Hovenkamp, P. 2004. Review of: T.N.T.—Tree Analysis Using New Technology. Version 1.0, by P. Goloboff, J. S. Farris and K. Nixon. Available from the authors and from <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny>. *Cladistics* 20: 378–383.
- Humphries, C.J., Parenti, L.R. & Humphries, C.J. 1999. *Cladistic Biogeography: Interpreting Patterns of Plant and Animal Distributions*. Oxford University Press, Oxford.
- Katinas, L., Crisci, J.V & Posadas, P. 2003. *Historical Biogeography: an introduction*. Harvard University Press, Cambridge, Mass. 250 pp.
- Kitching, I.A., Forey, P.L, Humphries, C.J & Williams, D.M. 1998. *Cladistics: The Theory and Practice of Parsimony Analysis*. Oxford University Press Inc., New York.
- Lanteri, A. A. y Cigliano, M. M. (Eds.) 2004. *Sistemática Biológica: Fundamentos teóricos y ejercitaciones*. Edulp. La Plata, Argentina, 241pp.
- Lanteri, A.A. y Confalonieri, V.A. 2003. Filogeografía: objetivos, métodos y ejemplos. Pp. 185-193. En: Jorge Llorente Bousquets y Juan José Morrone (Eds.) *Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía*. Facultad de Ciencias, UNAM, México. ISBN: 950-818-016-1.
- Martins, E. P. (Ed.) 1996. *Phylogenies and the Comparative Method in Animal Behavior*. Oxford University Press, Oxford.
- Mau, B. & Newton, M. 1997. Phylogenetic inference for binary data on dendrograms using Markov chain Monte Carlo. *J. Comp. Graph. Stat.* 6: 122-131.
- Mau, B., Newton, M. & Larget, B. 1999. Bayesian phylogenetic inference via Markov chain Monte Carlo methods. *Biometrics* 55: 1-12.
- Meier, R. & Ali, F.B. 2005 Software Review. The newest kid on the parsimony block: TNT (Tree analysis using new technology). *Systematic Entomology* 30(1): 179-182.
- Morrone, J. J. 2000. *El lenguaje de la cladística*. Universidad Autónoma de México. México. 109 pp.
- Nei, M., & Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Nixon, K.C. & Carpenter, J.M. 1993. On outgroups. *Cladistics* 9: 413-426.
- Page R.D.M. (Ed.) (2002) *Tangled Trees: Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution*. University of Chicago Press, Chicago.
- Page, R. D. M. & Charleston, M. A. (1998). Trees within trees: Phylogeny and historical associations. *Trends in Ecology and Evolution*, 13:356-359.
- Page, R. D. M. & Holmes, E. C. 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd., London, Cambridge. 346 pp.
- Salemi, M. & Vandamme, A.M. (Eds.) 2003. *The Phylogenetic Handbook. A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny*. Cambridge University Press, Cambridge. 430pp.
- Thompson, J.N. 1994. *The Coevolutionary Process*. University of Chicago Press, Chicago.
- Turner, H., and R. Zandee. 1995. The behaviour of Goloboff's tree fitness measure F. *Cladistics* 11: 57-72.
- Wheeler, W. C. 1996. Optimization alignment: the end of multiple sequence alignment in phylogenetics? *Cladistics* 12: 1-9.

  
 Dra. IRINA IZAGUIRRE  
 DIRECTORA ADJUNTA  
 DEPTO. EGE



- Wheeler, W., Aagesen, L., Arango, C., Faivočich, J., Grant, T., D' Haese, C., Janies, D., Smith, W., Varón, A. and Giribet, G. 2006. Dynamic Homology and Phylogenetic Systematics: a unified approach using POY. Ed. By the American Museum of Natural History. USA. 365 pp.
- Yang, Z. 1994. Statistical properties of the maximum likelihood method of phylogenetic estimation and comparison with distance matrix methods. *Systematic Biology* 43: 329-342.


**FECHA:** 3 de marzo de 2008

**FIRMA PROFESOR:**

Aclaración firma: Dra. Viviana Confalonieri

**FIRMA DIRECTOR:**

Sello Aclaratorio:

  
Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA ADJUNTA  
DEPTO. EGE

**Docentes:**

Dra. Viviana Andrea Confalonieri (Profesora Adjunta UBA, FCEyN, Dto. EGE)

Dra Shirley Espert (Jefe de Trabajos Prácticos UBA, FCEyN, Dto. EGE)

**Lugar del curso:** Dto. EGE

**Inscripción:** Dra. Viviana Confalonieri

**Dirección postal:** Intendente Guiraldes y  
Costanera Norte, Pab. II, 4 Piso, CP 1428, Ciudad  
Universitaria, Buenos Aires ARGENTINA.

**Teléfono:** 45763300

**Fax:** --

**Cupo del curso** 25alumnos

**Carga horaria:** 50 horas distribuidas en 6 días.

**Organización del horario:** Mañana de 8,30-12,30 hs y  
Tarde de 13,30 – 18,30 hs



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 492.547/2008

Buenos Aires,

28 ABR 2008

**VISTO:**

La nota de fecha 06/03/2008, presentada por la Dra. Irina Izaguirre, Directora Adjunta del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la Información del Curso de Posgrado **FILOGENIAS MOLECULARES**, que será dictado en el Primer Cuatrimestre de 2008 (02/05/2008 al 09/05/2008) Por la Dra. Viviana Andrea Conforti con la colaboración de Shirley Espert.

**CONSIDERANDO:**

lo actuado por la Comisión de Doctorado de esta Facultad,  
lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Postgrado,  
lo actuado en la Comisión de Presupuesto y Administración,  
lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,  
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  
RESUELVE:**

**Artículo 1º:** Autorizar el dictado del Curso de Posgrado **FILOGENIAS MOLECULARES**, de 50 horas de duración.

**Artículo 2º:** Aprobar el Programa del Curso de Posgrado **FILOGENIAS MOLECULARES** obrante a fs. 3.

**Artículo 3º:** Aprobar un Puntaje de dos (2) puntos para la Carrera del Doctorado.

**Artículo 4º:** Aprobar un Arancel de 100 Módulos. Disponer que los montos recaudados serán utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

**Artículo 5º:** Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Subsecretaría de Postgrado y a la Biblioteca de la FCEN (con fotocopia del Programa incluida)

**Artículo 6º:** Comuníquese a la Dirección de Alumnos y Graduados sin fotocopia del Programa. Cumplido, archívese.

828

RESOLUCION CD N° \_\_\_\_\_  
SP-med

Dra. Irina Izaguirre  
Directora Adjunta del Departamento de Ecología, Genética y Evolución