



## Curso o Seminario de Postgrado y/o Doctorado

### Ecología, Genética y Evolución

**CARRERA:** LICENCIATURA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

**Nombre del Curso:** Análisis cladístico

**Responsable:** Martín J. Ramírez

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:**

Alexandra Gottlieb (JTP)  
Francisca Cunha de Almeida  
(Ayudante de primera)

Adjuntar LISTADO con nombre, apellido y cargo docente. Si no es docente de esta Facultad deberá adjuntarse CV.

**Curso es dirigido a:** Licenciados en Ciencias biológicas y carreras afines

**Cantidad de días que dura el curso:** 15 días

**Fecha de inicio:** 15/08/2017

**Fecha de finalización:** 3/10/2016

En ambos casos consignar día y mes aún cuando sea tentativo

**Modalidad horaria:**

Martes 13 a 17 (TPs); 17:30 a 20:30 (teóricas)  
Viernes 13 a 17 (TPs); 17:30 a 20:30 (teóricas)

Informar días y horario aún cuando sea tentativo. Indicar además si el día sábado se dicta el curso

**Cant. horas totales:** 94

**Cant. horas semanales:** 14

Hs. semanales de teóricas	06 hs.
Hs. semanales de problemas	02hs
Hs. semanales de laboratorio	04 hs.
Hs. semanales de seminario	02 hs.
Salidas de campo	00 días

**Nº min. de alumnos:** 1

1

**Nº max. De alumnos:** 25

25

En caso de nº máximo indicar prioridades de ingreso o método de selección.

**Forma de evaluación:** escrita

**Puntaje para doctorado:** 3

3

**Puntos:**

Justificar si se difiere de las pautas aconsejadas por la Comisión de Investigación, Publicaciones y Postgrado.

**Arancel (Justificar):** 200

200

**Módulos:**

En caso de aceptar excepciones al arancel total indicarlos con claridad.

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

**Aprobación programa:** Resolución CD Nº

Si aún no fue aprobado poner "nuevo".

**Comisión que evaluó el curso:** Subcom. Doctorado

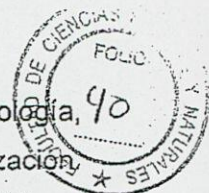
**Vº Bº del Departamento:**

Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
OPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION

Dra. M. Isabel Bellocq

### Contenidos mínimos

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



## 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

Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
OPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION

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. Pesado *a priori* y modelos de evolución molecular.



#### **Unidad 5: Consenso y medidas de soporte**

Representación de múltiples árboles óptimos. Consenso estricto. Sinapomorfias sobre árboles de consenso. Consenso de componentes combinables y de Adams. Consenso de mayoría. Árboles podados. Soportes globales y de ramas individuales. Longitud de ramas. Soporte de Bremer. Métodos de remuestreo para medir soporte de ramas. *Bootstrap* y *Jackknifing*. Cantidad de datos y filogenias robustas. Soporte y heterogeneidad metodológica. Automatización de análisis mediante scripts.

#### **Unidad 6: Tratamiento de particiones de datos**

Análisis simultáneo y por particiones. Conflicto entre particiones. Combinación condicional. 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. Metaoptimalidad: comparando métodos filogenéticos. Análisis de congruencia.

#### **Unidad 7: Morfometría y landmarks**

Caracteres continuos y variabilidad intraespecífica. Mínimos cuadrados y optimización de caracteres ordenados. Gap coding y caracteres tratados como variables continuas. Escalado. *Landmarks* y configuraciones ancestrales.

#### **Bibliografía**

- Chapman A. D. 2009. *Numbers of living species in Australia and the world*. Toowoomba, Australia: 2nd edition. Australian Biodiversity Information Services.
- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts.
- Hennig, W., 1968. *Elementos de una Sistemática Filogenética*. EUDEBA, Buenos Aires. 353 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.
- 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.
- Schuh, R. T. 2000. *Biological systematics: principles and applications*. New York: Cornell University Press.
- Winston, J. E. 1999. *Describing Species: Practical Taxonomic Procedure for Biologists*. New York: Columbia University Press.

Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
PTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 505.109/17

Buenos Aires, 25 SEP 2017

**VISTO:**

la nota a fojas 29 de la Dra. Irina Izaguirre, Directora del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **SISTEMÁTICA TEÓRICA I: ANÁLISIS CLADÍSTICO** que será dictado del 15 de agosto al 3 de octubre de 2017 por el Dr. Martín Ramirez con la colaboración de la Dra. Alexandra Gottlieb y la Dra. Francisca Cunha de Almeida,

la nota a fojas 36 presentada por Dr. Martín Ramirez mediante la cual presta su conformidad para la modificación del nombre del curso, sugerida por la Comisión de Doctorado, que pasará a llamarse **ANÁLISIS CLADÍSTICO**,

**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 Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,

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

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD  
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
RESUELVE:**

Artículo 1°: Aprobar el nuevo curso de posgrado **ANÁLISIS CLADÍSTICO**, de 94 horas de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa de curso de posgrado **ANÁLISIS CLADÍSTICO**, obrante a fs 40 y 41.

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


Artículo 4°: Aprobar un arancel de 200 módulos. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

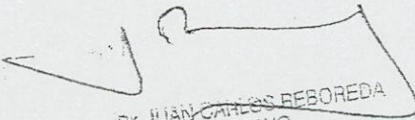
Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección de Movimiento de Fondos (Tesorería), a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Secretaría de Posgrado y a la Biblioteca de la FCEyN, con fotocopia del programa incluida. Cumplido archívese.

22 83

RESOLUCION CD N° \_\_\_\_\_

SP/ gal/ 28/08/2017

  
Dr. PABLO J. PAZOS  
Secretario Adjunto de Posgrado  
FCEyN - UBA

  
DR. JUAN CARLOS REBOREDA  
DECANO