



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 **Nº max. De alumnos:** 25
 En caso de nº máximo indicar prioridades de ingreso o método de selección.

Forma de evaluación: escrita

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

Arancel (Justificar): 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

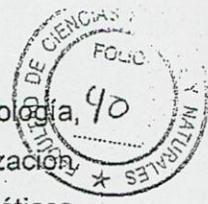
Vº Bº del Departamento:

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, parafileticos, 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, parafileticos, 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.

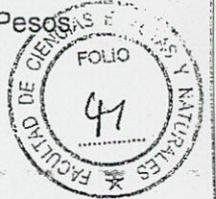
Unidad 3: Enraizamiento y búsqueda de árboles filogenéticos

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.

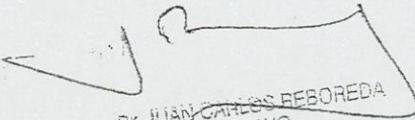
Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección de Movimiento de Fondos (Tesorería), a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución, a la Secretaría de Posgrado y a la Biblioteca de la FCEyN, con fotocopia del programa incluida. Cumplido archívese.

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