



SALTA, 28 de setiembre de 2017

EXPEDIENTE N° 10.490/2017

R- CDNAT- 2017 - 480

VISTO:

Las presentes actuaciones relacionadas con el dictado del Curso de Posgrado, titulado **“PRINCIPIOS BÁSICOS DE CLADÍSTICA Y BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA”**, en el marco de los cursos programados para el Doctorado en Ciencias Biológicas; y

CONSIDERANDO:

Que, el dictado de este Curso estará a cargo del Dr. Andrés Sebastián QUINTEROS (UNSa – CONICET) y del Dr. Juan Manuel DÍAZ GÓMEZ (UNSa-CONICET) como Directores Responsables;

Que el presente Curso es de Posgrado, tiene una carga horaria de 50 (cincuenta) horas, distribuidas de la siguiente manera: 40 (cuarenta) horas presenciales y 10 (diez) horas no presenciales, en las que se realizará lectura de artículos;

Que tiene por objetivos:

- Aprendizaje de los conceptos y metodologías de la Sistemática Filogenética
- Aprendizaje de metodologías para la codificación y construcción de matrices de caracteres para ser usadas en análisis Filogenéticos.
- Aprendizaje del uso de programas específicos para el análisis cladístico.
- Análisis, interpretación y discusión de resultados derivados de la aplicación de diferentes metodologías a partir de la utilización de datos propios de los cursantes;

Que la fecha de dictado se fija entre los días 27 de noviembre al 1 de diciembre de 2017;

Que la metodología del curso consistirá en el dictado de clases teórico-prácticas. Cada tema del programa será en primer lugar explicado por los docentes de forma teórica haciendo hincapié en la comprensión de los métodos, sus ventajas y limitaciones. Esta parte de la clase será llevada a cabo con la ayuda del proyector y el pizarrón. Con posterioridad, se aplicará cada concepto explicado en teoría con el uso de software específico. Se trabajará, preferentemente con datos propios. En el caso de que los alumnos no posean datos propios se les proporcionarán bases de datos apropiadas. La metodología de trabajo será individual o en grupos reducidos, de no más de tres personas. Al finalizar cada jornada se hará una puesta en común de los resultados obtenidos, dificultades encontradas e intercambio sobre los conceptos y técnicas aprendidas. Con evaluación final escrita. Asistencia mínima: 80%;

Que este curso está dirigido a estudiantes del Doctorado en Ciencias Biológicas y profesionales de las Ciencias Biológicas, siendo requisitos mínimos el manejo básico de pc y buen nivel de lectura en inglés. Los estudiantes deberán contar con su propia computadora portátil. El cupo es de 30 alumnos (dependiendo de la disponibilidad de computadoras para las clases prácticas). Se aceptará un 10 % de alumnos del último año de la carrera de grado Licenciatura en Ciencias Biológicas, pero dando preferencia a alumnos del Doctorado;



Universidad Nacional de Salta
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES
Escuela de Posgrado
AVENIDA BOLIVIA 5150
4400 - SALTA
REPÚBLICA ARGENTINA
TEL./FAX: 54 -0387 - 4255513

EXPEDIENTE N° 10.490/2017

R- CDNAT- 2017 - 480

Que se fija el arancel de \$500 (pesos quinientos);

Que a fs. 17 y 20 de estas actuaciones obran Dictámenes de la Comisión Académica del Doctorado en Ciencias Biológicas que aconsejan autorizar el dictado de este Curso de Posgrado, demás aspectos particulares del mismo y arancelamiento;

Que a fs. 21 obra Dictamen de la Comisión de Docencia y Disciplina, que aconseja: "... - **Aprobar el curso de posgrado "Principios básicos de cladística y biogeografía histórica", a cargo de los Dres. Juan Manuel Díaz Gómez y Sebastián Quinteros, con los contenidos, bibliografía, carga horaria y demás aspectos pertinentes.**";

Que a fs. 22 obra Despacho N° 715/17 de Consejo y Comisiones que informa que el Consejo Directivo de esta Facultad en su Reunión Ordinaria N° 13-17 del 5 de setiembre de 2017, APROBÓ el Despacho de Comisión de Docencia y Disciplina;

POR ELLO y en uso de las atribuciones que le son propias,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES
(En su sesión Ordinaria N° 13/17 del 5 de setiembre de 2017)
R E S U E L V E:

ARTICULO 1º.- AUTORIZAR el dictado del Curso de Posgrado N° 13-17 titulado: "**PRINCIPIOS BÁSICOS DE CLADÍSTICA Y BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA**", a cargo del Dr. Andrés Sebastián QUINTEROS (UNSa – CONICET) y del Dr. Juan Manuel DÍAZ GÓMEZ (UNSa- CONICET) como Directores Responsables, en el marco de los cursos programados para el Doctorado en Ciencias Biológicas.

ARTICULO 2º.- APROBAR los objetivos, contenidos, metodología, cronograma, bibliografía y demás aspectos particulares de este Curso de Posgrado, que obran en fs. 1 a 7 ; 20 y que como Anexo I forman parte de la presente.

ARTICULO 3º.- INDICAR que este curso tiene una carga horaria de 50 (cincuenta) horas distribuidas de la siguiente manera: 40 (cuarenta) horas presenciales y 10 (diez) horas no presenciales en las que se realizará lectura de artículos.

La fecha de dictado se fija entre los días 27 de noviembre al 1 de diciembre de 2017.

Que la metodología del curso consistirá en el dictado de clases teórico-prácticas. Cada tema del programa será en primer lugar explicado por los docentes de forma teórica haciendo hincapié en la comprensión de los métodos, sus ventajas y limitaciones. Esta parte de la clase será llevada a cabo con la ayuda del proyector y el pizarrón. Con posterioridad, se aplicará cada concepto explicado en teoría con el uso de software específico. Se trabajará, preferentemente con datos propios. En el caso de que los alumnos no posean datos propios se les proporcionarán bases de datos apropiadas. La metodología de trabajo será individual o en grupos reducidos, de no más de tres personas. Al finalizar cada jornada se hará una puesta en común de los resultados obtenidos, dificultades encontradas e intercambio sobre los conceptos y técnicas aprendidas. Con evaluación final escrita. Asistencia mínima 80%;



Universidad Nacional de Salta
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES
Escuela de Posgrado
AVENIDA BOLIVIA 5150
4400 - SALTA
REPÚBLICA ARGENTINA
TEL./FAX: 54 -0387 - 4255513

EXPEDIENTE N° 10.490/2017

R- CDNAT- 2017 - 480

Está dirigido a estudiantes del Doctorado en Ciencias Biológicas y profesionales de las Ciencias Biológicas, siendo requisitos mínimos el manejo básico de pc y buen nivel de lectura en inglés. Los estudiantes deberán contar con su propia computadora portátil.

ARTICULO 4°.- FIJAR el arancel de inscripción a este Curso en \$500 (pesos quinientos).

El cupo es de 30 alumnos (dependiendo de la disponibilidad de computadoras para las clases prácticas). Se aceptará un 10 % de alumnos del último año de la carrera de grado Licenciatura en Ciencias Biológicas, pero dando preferencia a alumnos del Doctorado.

El pago del arancel debe realizarse en la Dirección General Administrativa Económica de la Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta.

ARTICULO 5°.- ESTABLECER la distribución de los fondos generados por aranceles de este Curso de Posgrado, de acuerdo a lo dispuesto en la R-CDNAT-2015-539, de la siguiente manera:

- 5% a la Cuenta "Ingresos No Tributarios" de la Facultad de Ciencias Naturales, según Res. C.S. N° 128/99 y C.S. N° 122/03.

- 95% para el desarrollo del presente Curso de Posgrado: Se deberán atender los siguientes rubros:

1.- 70%: Gastos en concepto de Pasajes, Viáticos, Traslados en taxi o similares, honorarios, gastos de cafetería, gastos de librería.

2.- 20% para la Escuela de Posgrado para atender contratos del personal de apoyo universitario.

3.- 5% para la carrera que organiza la actividad.

ARTICULO 6°.- HÁGASE SABER a quien corresponda, remítanse copias a la Escuela de Posgrado, Dirección Administrativa Económica, Tesorería General de la Universidad, y siga a Dirección Administrativa de la Escuela de Posgrado, para que a través de los Directores Responsables del Curso, informen la nómina de participantes y los resultados obtenidos.

ARTICULO 7°.- PUBLÍQUESE en la página de Internet de la Universidad Nacional de Salta.

MER/cng

Dra. DORA ANA DAVIES
SECRETARIA ACADÉMICA
Facultad de Ciencias Naturales

Dra. ALICIA M. KIRSCHBAUM
DECANA
Facultad de Ciencias Naturales



ANEXO I

CURSO DE POSGRADO: “PRINCIPIOS BASICOS DE CLADÍSTICA Y BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA”

OBJETIVOS

- Aprendizaje de los conceptos y metodologías de la Sistemática Filogenética
- Aprendizaje de metodologías para la codificación y construcción de matrices de caracteres para ser usadas en análisis Filogenéticos
- Aprendizaje del uso de programas específicos para el análisis cladístico
- Análisis, interpretación y discusión de resultados derivados de la aplicación de diferentes metodologías a partir de la utilización de datos propios de los cursantes.

METODOLOGÍA

El curso es teórico-práctico. Cada tema del programa será en primer lugar explicado por los docentes de forma teórica haciendo hincapié en la comprensión de los métodos, sus ventajas y limitaciones. Esta parte de la clase será llevada a cabo con la ayuda del proyector y el pizarrón. Con posterioridad, se aplicará cada concepto explicado en teoría con el uso de software específico. Se trabajará, preferentemente con datos propios. En el caso de que los alumnos no posean datos propios se les proporcionarán bases de datos apropiadas. La metodología de trabajo será individual o en grupos reducidos, de no más de tres personas. Al finalizar cada jornada se hará una puesta en común de los resultados obtenidos, dificultades encontradas e intercambio sobre los conceptos y técnicas aprendidas

CONTENIDOS

Unidad 1: Introducción a la Sistemática. Cladística. Cladogramas. Estructura de los cladogramas. Definiciones de Plesiomorfía, Apomorfía, Sinapomorfía, Monofilia, Parafilia y Polofilia. Criterios de optimalidad: Parsimonia, Máxima verosimilitud, Análisis Bayesianos.

Unidad 2: Naturaleza de los caracteres y su codificación. Continuos, discretos. Binarios y multiestados. Caracteres moleculares. Alineamiento. Modelos evolutivos. Construcción de matrices para TNT, Mr. Bayes, *BEAST.

Unidad 3: Búsqueda de Árboles. Parsimonia: Búsqueda heurísticas y exactas de árboles; optimización; Pesos Implicados. Análisis Bayesianos: Modelos evolutivos; TRACER. BEAST: Relojes moleculares; *Beast; Tracer; TreeAnnotator; LogCombiner. Consensos. Medidas de soporte.

Unidad 4: Introducción a la Biogeografía Histórica. Eventos biogeográficos: Vicarianza, Dispersión, Extinción. Estimación de Rangos Ancestrales. Conceptos. Flujo de Trabajo: Obtención de datos, georreferenciación, asignación de áreas. Endemismo, conceptos.

Unidad 5: Software para análisis biogeográficos. NDM para identificación de áreas de endemismo. VIP, reconstrucción e identificación de eventos de vicarianza. Estimación de rangos ancestrales: Análisis de Dispersión-Vicarianza (DIVA – SDIVA). Dispersion-Extinction-Cladogenesis Model (DEC).

INSTANCIAS DE EVALUACION DURANTE EL CURSO

La evaluación será el día viernes a la tarde y consistirá en un examen integrador por escrito. El examen tendrá un carácter teórico-práctico orientado a constatar la asimilación de los contenidos básicos del curso por cada alumno.



EXPEDIENTE N° 10.490/2017

R- CDNAT- 2017- 480

CRONOGRAMA DE DICTADO

Lunes	Martes	Miércoles	Jueves	Viernes
8:00 a 13:00 15:00 a 19:00	8:00 a 13:00 15:00 a 19:00	8:00 a 13:00 15:00 a 19:00	8:00 a 13:00 15:00 a 19:00	8:00 a 13:00 15:00 a 19:00

BIBLIOGRAFIA

- BREMER, K. 1988. The limits of amino-acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution*, 42: 795-803.
- BREMER, K. 1990. Combinable component consensus. *Cladistics*, 6: 369-372.
- BREMER, K. 1994. Branch support and tree stability. *Cladistics*, 10: 295-304.
- CARPENTER, J. M. 1992. Random cladistics. *Cladistics*, 8: 147-153.
- CARPENTER, J. M. 1996. Uninformative bootstrapping. *Cladistics*, 12: 177-181.
- CLARK, C. & D. J. CURRAN. 1986. Outgroup analysis, homoplasy, and global parsimony: a response to Maddison, Donoghue and Maddison. *Systematic Zoology*, 35: 422-426.
- CRISCI, J. V. & M. F. LÓPEZ ARMENGOL. 1983. Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica. Serie de Biología, Monografía N° 26, Secretaría General de la OEA. 132 pp.
- DE QUEIROZ, K. 1996. Including the characters of interest during tree reconstruction and the problems of circularity and bias in studies of character evolution. *The American Naturalist*, 148(4): 700-708.
- DE QUEIROZ, K. & D. A. GOOD. 1997. Phenetic clustering in biology: a critique. *The Quarterly Review of Biology*, Vol.72, N°1: 3-30.
- FARRIS, J. S. 1982. Outgroups and parsimony. *Systematic Zoology*, 31: 328-334.
- FARRIS, J. S. 1989. The retention index and the rescaled consistency index. *Cladistics*, 5: 417-419.
- FELSENSTEIN, J. 1978. The number of evolutionary trees. *Syst. Zool.* 27: 27-33.
- FELSENSTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783-791.
- GOLOBOFF, P. A. 1993. Estimating character weights during tree search. *Cladistics*, 9: 83-91.
- GOLOBOFF, P. A. 1995. Parsimony and weighting: a reply to Turner and Zandee. *Cladistics*, 11: 91-104.
- GOLOBOFF, P. A. 1996. Methods for faster parsimony analysis. *Cladistics*, 12: 199-220.
- GOLOBOFF, P. A. 1998. Principios básicos de cladística. Sociedad Argentina de Botánica. 81 pp.
- GOLOBOFF, P. & J. FARRIS. 2001. Methods for quick consensus estimation. *Cladistics*, 17: 26-34.
- GOLOBOFF, P. FARRIS J. & K. NIXON. 2003a. T.N.T.: Tree Analysis Using New Technology. Program and documentation, available from the authors, and at www.zmuc.dk/public/phylogeny
- GOLOBOFF, P. A., FARRIS, J. S. & K. C. NIXON. 2008. TNT, a free program for phylogenetic analysis. *Cladistics*, 24: 774-786.
- GOLOBOFF, P., FARRIS, J., Källersjö, M., Oxelmann, B., Ramírez, M. & C. Szumik. 2003b. Improvements to resampling measures of group support. *Cladistics*, 19: 324-332.
- GOLOBOFF, P. A., C. I. MATTONI & A. S. QUINTEROS. 2006. Continuous Characters Analyzed as Such. *Cladistics*, 22: 589-601.
- GOLOBOFF, P. A., CARPENTER, J. M., ARIAS, J. S. & D. R. MIRANDA ESQUIVEL. 2008. Weighting against homoplasy improves phylogenetic analysis of morphological data sets. *Cladistics*, 24: 1-16



R- CDNAT- 2017- 480

- HAUSER, D. L. & W. PRESCH. 1991. The effect of ordered characters on phylogenetic reconstruction. *Cladistics*, 7: 243-266.
- HENNIG, W. 1950. *Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik*. Deutsche Zentralverlag, Berlin.
- HENNIG, W. 1965. Phylogenetic systematics. *Annual Review of Entomology*, 10: 97-116.
- HENNIG, W. 1966. *Phylogenetic systematics*. University of Illinois Press, Urbana.
- HALL, B. K. 1994. *Homology. The hierarchical basis of comparative biology*. Academic Press. 483 pp.
- HILLIS, D. M.; C. MORITZ & B. K. MABLE (eds.). 1996. *Molecular Systematics*. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA. 655 pp.
- 6
- HULL, D. L. 1988. *Science as a process. An evolutionary account of the social and conceptual development of science*. The University of Chicago Press, 586 pp.
- KITCHING, I, P. FOREY, C. HUMPHRIES & D. WILLIAMS. 1998. *Cladistics. Theory and Practice*. Oxford University Press. 227 pp.
- KLUGE, A. G. 1989. A concern for evidence and a phylogenetic hypothesis of relationships among *Epicrates* (Boidae: Serpentes). *Systematic Zoology*, 38: 7-25.
- LIPSCOMB, D. L. 1992. Parsimony, homology, and the analysis of multistate characters. *Cladistics*, 8: 45-65.
- MABEE, P. M. 1989. Assumptions underlying the use of ontogenetic sequences for determining character state order. *Transactions of the American Fisheries Society*, 118: 151-158.
- MABEE, P. M. 1989. An empirical rejection of the ontogenetic polarity criterion. *Cladistics* 5: 409-416.
- MABEE, P. M. 1993. Phylogenetic interpretation of ontogenetic change: sorting out the actual and artefactual in an empirical case study of centrarchid fishes. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 107: 175-291.
- MABEE, P. M. & J. HUMPHRIES. 1993. Coding polymorphic data: examples from allozymes and ontogeny. *Syst. Biol.* 42(2): 166-181.
- MADDISON, W. P. 1993. Missing data versus missing characters in phylogenetic analysis. *Syst. Biol.* 42(4): 576-581.
- MADDISON, W. P.; M. J. DONOGHUE & M. J. MADDISON. 1984. Outgroup analysis and parsimony. *Systematic Zoology*, 33: 83-103.
- MISHLER, B. 1994. Cladistic analysis of molecular and morphological data. *American Journal of Physical Anthropology*, 94: 143-156.
- MORRONE, J. J. 2000. *El lenguaje de la cladística*. D.R. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). 109 pp.
- MORRONE, J. J. 2001. *Sistemática, Biogeografía, Evolución. Los patrones de la biodiversidad en tiempo-espacio*. Las prensas de Ciencias, Facultad de Ciencias, UNAM. 124 pp.
- NIXON, K. C. & J. M. CARPENTER. 1993. On outgroups. *Cladistics*, 9: 413-426.
- PAGE, R. D. M. 1993. On islands of trees and the efficacy of different methods of branch swapping in finding most parsimonious trees. *Systematic Biology*, 42: 200-210.
- PAPAVERO, N. & J. LLORENTE-BOUSQUETS. 1994. *Principia taxonomica. Una introducción a los fundamentos lógicos, filosóficos y metodológicos de las escuelas de taxonomía biológica*. Vol. V. Wallace y Darwin. Pp. 147.
- PATTERSON, C. 1982. Morphological characters and homology. In: *Problems in Phylogenetic reconstruction* (ed. Joysey and A. E. Friday), pp. 21-74. Academic Press, London.
- PATTERSON, C. 1983. How does phylogeny differ from ontogeny?. 1-31. In: Goodwin, B.C.; N. Holder & C.C.Wylie (eds.). "Development and Evolution". Cambridge University Press,



EXPEDIENTE N° 10.490/2017

R- CDNAT- 2017 - 480

Cambridge.

- PATTERSON, C.; D. M. WILLIAMS & C. J. HUMPHRIES. 1993. Congruence between molecular and morphological phylogenies. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 24: 153-188.
- PLATNICK, N. I. 1993. Character optimization and weighting: differences between the standard and three-taxon approaches to phylogenetic inference. *Cladistics*, 9: 267-272.
- PLATNICK, N. I.; C. E. GRISWOLD & J. A. CODDINGTON. 1991. On missing entries in cladistic analysis. *Cladistics* 7: 337-343.
- PLEIJEL, F. 1995. On character coding for phylogeny reconstruction. *Cladistics*, 11: 309-315.
- POGUE, M. G. & M. F. MICKEVICH. 1990. Character definitions and character state delineation: the bête noire of phylogenetic inference. *Cladistics*, 6: 319-361.
- POPPER, K. 1992. *The logic of scientific discovery*. Routledge. Pp. 480.
- ROSE, M. R. & G. V. LAUDER (eds.). 1996. *Adaptation*. Academic Press, 511 pp.
- SANDERSON, M. J. & L. HUFFORD (eds.). 1996. *Homoplasy. The recurrence of similarity in evolution*. Academic Press, 339 pp.
- SCHUH, R. T. 2000. *Biological Systematics. Principles and applications*. Cornell University Press, 236 pp.
- SCROCCHI, G. J. & E. DOMÍNGUEZ. 1992. Introducción a las escuelas de sistemática y biogeografía. *Opera Lilloana* 40:120 pp.
- 7
- SMITH, A. B. 1994. Rooting molecular trees: problems and strategies. *Biological Journal of the Linnean Society*, 51: 279-292.
- SOKAL, R. R. & P. H. A. SNEATH. 1963. *Principles of numerical taxonomy*. W. H. Freeman and Company, San Francisco.
- STEVENS, P. F. 1991. Character states, morphological variation, and phylogenetic analysis: a review. *Systematic Botany*, 16: 553-583.
- THIELE, K. 1993. The holy grail of the perfect character: the cladistic treatment of morphometric data. *Cladistics*, 9: 275-304.
- WATROUS, L. E. & Q. D. WHEELER. 1981. The outgroup comparison method of character analysis. *Systematic Zoology*, 30: 1-11.
- WIENS, J. J. 1995. Polymorphic characters in phylogenetic systematics. *Syst. Biol.* 44:482-500.
- WILEY, E. O. 1981. *Phylogenetics: the theory and practice of phylogenetic systematics*. Wiley Interscience, New York.
- WILKINSON, M. 1994. Common cladistic information and its consensus representation: reduced Adams and reduced cladistic consensus trees and profiles. *Systematic Biology*, 43: 343-368.