

Universidad Nacional de Salta
Facultad de Ciencias Naturales

Avda. Bolivia 5150 – 4400 Salta
República Argentina

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

VISTO:

Las presentes actuaciones, relacionadas con la elevación del DR. LOBO GAVIOLA, FERNANDO JOSE y DR. QUINTEROS, ANDRES SEBASTIAN docente de la asignatura SISTEMATICA FILOGENETICA (OPTATIVA), para la carrera de Licenciatura en Ciencias Biológicas - plan 2004; y

CONSIDERANDO:

Que la Escuela de Biología a fs. 15, aconseja aprobar los contenidos programáticos elevados por los citados docentes;

Que tanto, la Comisión de Docencia y Disciplina como la de Interpretación y Reglamento a fs. 16, aconsejan aprobar matriz curricular, programa analítico, programa de trabajos prácticos, bibliografía y reglamento de cátedra de la asignatura Sistemática Filogenética (optativa), para la carrera de Licenciatura en Ciencias Biológicas - plan 2004;

Que en virtud de lo expresado, corresponde emitir la presente de acuerdo a los términos estipulados en su parte dispositiva;

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

LA DECANA DE LA FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES

RESUELVE:

ARTICULO 1°.- APROBAR y poner en vigencia a partir del presente período lectivo 2013 – lo siguiente: Matriz Curricular, Programa Analítico, Programa de Trabajos Prácticos, Bibliografía, y Reglamento de Cátedra, correspondiente a la asignatura **SISTEMATICA FILOGENETICA (OPTATIVA)**, para la carrera de **Licenciatura en Ciencias Biológicas - plan 2004** - elevado por el DR. LOBO GAVIOLA, FERNANDO JOSE y DR. QUINTEROS, ANDRES SEBASTIAN, docentes de dicha asignatura, que como Anexo I, forma parte de la presente Resolución.

ARTICULO 2°.- DEJAR INDICADO que los citados docentes, si adjuntan el archivo digital de los contenidos programáticos de la asignatura, dispuestos por Resolución CDNAT-2009-0165.

ARTICULO 3°.-HAGASE saber a quien corresponda, por Dirección Alumnos fotocópiense seis (6) ejemplares de lo aprobado, uno para el CUECNa, Escuela de Biología, Biblioteca de Naturales, Dirección Docencia, Cátedra y para la Dirección Alumnos y siga a ésta, para su toma de razón y demás efectos, publíquese en el Boletín Oficial de la Universidad Nacional de Salta.
nsc / sg.


LIC. MARIA MERCEDES ALEMAN
SECRETARIA ACADEMICA
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES


MSC. LIC. ADRIANA E. ORTIN VUJOVICH
DECANA
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

ANEXO I

1. CARACTERIZACIÓN DEL ESPACIO CURRICULAR							
1. Nombre	SISTEMATICA FILOGENETICA			2. Carrera y Plan de estudio Licenciatura en Cs. Biológicas		2004	
1.3 Tipo ¹			OPTATIVA		1.4 N° estimado de alumnos		10
1.5 Régimen	Anual	Cuatrimestral	1er cuatrimestre		Otros		
			2do cuatrimestre				
6. Aprobación		Por Promoción		Por Examen final		X	
2. CARGA HORARIA 80							
HORAS TEORICAS 40				HORAS PRACTICAS 40			
3. EQUIPO DOCENTE							
	Apellido y Nombres				Categoría y Dedicación		
Profesores	LOBO GAVIOLA, FERNANDO JOSE				PROF. ASOC. SIMPLE		
Auxiliares	ANDRES SEBASTIAN QUINTEROS				AUX. DE 1RA. SEMI		

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

4. OBJETIVOS GENERALESⁱⁱ			
<ul style="list-style-type: none"> * Que el alumno comprenda la importancia y las relaciones la Clasificación, Filogenia, Nomenclatura y Taxonomía, dentro de las Ciencias biológicas. * Que el alumno alcance el conocimiento sobre las ideas y conceptos fundamentales relacionados con la sistemática filogenética. * Que el alumno se familiarice con las técnicas actuales del análisis cladístico y la evaluación de sus resultados. * Que el alumno adquiera una visión integral del proceso de reconstrucción de las relaciones filogenéticas entre los organismos, valore la importancia de este conocimiento y sus aplicaciones. * Que alumno comprenda y aplique los diferentes usos de las filogenias en enfoques eco-evolutivos. 			
5. PROGRAMA			
5.1 Introducción y justificación	ANEXO		
5.2 Analítico con objetivos particulares para cada unidad			
5.3 De Trabajos Prácticos con objetivos específicos			
5.4 De Prácticos de campo			
6. ESTRATEGIAS METODOLÓGICAS (Marcar con X las utilizadas)ⁱⁱⁱ			
	Clases expositivas	X	Trabajo individual
X	Prácticas de Laboratorio	X	Trabajo grupal
	Práctica de Campo	X	Exposición oral de alumnos
X	Prácticos en aula	X	Debates
	Aula de informática	X	Seminarios
	Aula Taller		Docencia virtual
	Visitas guiadas		Monografías
	OTRAS (Especificar):		
7. PROCESOS DE EVALUACIÓN			
7.1 De la enseñanza ^{iv}	Encuesta de opinion	7.2 Del aprendizaje ^v	Coloquios, parciales y presentaciones individuales y grupales.

(Handwritten signature)

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

8. BIBLIOGRAFÍA ^{vi}
ANEXO
9. REGLAMENTO DE CÁTEDRA
ANEXO

ANEXOS MATRIZ CURRICULAR SISTEMATICA FILOGENETICA – PLAN 2004

5. INTRODUCCIÓN Y JUSTIFICACIÓN

La sistemática filogenética ha alcanzado en la última década una dimensión impensada, teniendo una fuerte influencia e impacto en distintas otras disciplinas de la biología. Las teorías y metodologías cladísticas exhiben un rigor científico y poder de predicción solo reservado para pocas ramas de la biología. Hoy en día la cladística es partícipe fundamental en el estudio y verificación de procesos y modelos evolutivos, de procesos de coevolución (huéspedes/parásitos, planta/animal, etc.), en el análisis del origen de adaptaciones y procesos selectivos, en la interpretación biogeográfica, e inclusive brinda argumentos genealógicos a la hora de calificar especies con fines de conservación. Estos son algunos de los campos más comunes donde se utiliza la cladística como eje teórico fundamental, desconocer esta realidad por parte de los biólogos actuales implica una muy importante falta en su acervo científico impidiéndoles percibir la realidad de la naturaleza bajo una perspectiva plena de información y reveladora.

5.2 PROGRAMA ANALITICO

UNIDAD 1. Introducción a la Sistemática. Historia. La posición de la Sistemática en la Biología. Definiciones generales, Nomenclatura, Taxonomía, Sistemática, Cladística. Sistemática y la Filosofía de la Ciencia. Escuelas de Sistemática. Evolucionistas, feneticistas y cladistas.

Objetivos:

Comprender la importancia de la Sistemática en las Ciencias Biológicas.

Discernir las similitudes y diferencias entre las escuelas de taxonomía.

Comprender la necesidad de una clasificación biológica y el uso de las categorías jerárquicas.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE Nº 10.243/2013

UNIDAD 2. Cladogramas: taxa terminales, nodos, raíz, ramas, apomorfías, homoplasias, etc. Definiciones de Monofilia, Parafilia y Polifilia. Polaridad o dirección del cambio. "Enraizamiento". Test de la monofilia. Método del grupo externo. Ontogenia y polarización. Criterios de optimalidad: análisis de Parsimonia y otros criterios empleados en la selección de los árboles más óptimos. Modelos evolutivos. Tipos de Optimización.

Objetivos:

Conocer las partes de los cladogramas y sus diferencias con otros dendrogramas
Identificar grupos mono, para y polifiléticos.
Reconocer la diferencia entre homología y homoplasia en un contexto filogenético.
Reconocer el concepto y la importancia del grupo externo en los análisis filogenéticos.
Conocer la necesidad de un criterio de optimalidad en los análisis filogenéticos.
Discutir acerca de las ventajas y desventajas existentes entre los diferentes criterios de optimalidad.

UNIDAD 3. Búsquedas heurísticas y exactas de árboles. Swapeo de los árboles, diferentes formas. TBR y SPR. Número de árboles posibles. Pesado de los caracteres en el análisis cladístico. Tipos de pesados comúnmente utilizados en estudios morfológicos (pesado sucesivo, pesos implicados); tipos de pesado empleados en análisis moleculares (la validez de los "supuestos" considerados en los mismos).

Objetivos:

Conocer los principales algoritmos de construcción de árboles filogenéticos.
Identificar y solucionar los posibles problemas que ocurren con el fenómeno de islas.
Interpretar la información que arroja un árbol filogenético.

UNIDAD 4. Naturaleza de los caracteres y su codificación. Continuos, discontinuos. Binarios y multiestados. Sobre la inclusión o no de taxa y/o caracteres con muchas entradas faltantes. Inclusión de fósiles en los análisis. Diferentes formas de analizar los caracteres polimórficos. Matrices de pasos. La jerarquía en las relaciones ancestro-descendiente, las hipótesis de homología y series de transformación en los análisis morfológicos, la naturaleza biológica de las

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

mismas. Tratamiento ordenado o no ordenado de los caracteres multiestados. Programas más corrientes empleados en el análisis filogenético.

Objetivos:

Identificar los caracteres útiles en los análisis filogenéticos.

Reconocer la variación de los caracteres teniendo en cuenta su naturaleza.

Conocer las diferentes metodologías propuestas para la codificación de caracteres y construcción de matrices.

Reconocer los posibles problemas existentes en la identificación de los estados, la codificación y la homología de los caracteres morfológicos y moleculares a utilizar en un análisis filogenético.

UNIDAD 5. Análisis de los resultados. Medidas de la congruencia / incongruencia en los resultados de un análisis; índices de consistencia, retención y retención rescalado. Árboles de Consenso: Adams, Semiestricto, Estricto, etc. Medidas más comunes de soporte en el análisis cladístico: Bremer support, Bremer support relativo de Goloboff, Bootstrapping, TPT y Jackknifing. Falencias y aciertos en la medición de la confiabilidad de nuestros resultados.

Objetivos:

Conocer las principales medidas de congruencia utilizadas.

Reconocer las ventajas y desventajas de utilizar árboles de consenso

Conocer las medidas de apoyo más comúnmente utilizadas.

Identificar las ventajas y desventajas de pesar caracteres en un análisis filogenético.

Discutir acerca de si el uso de pesos implicados corresponde a un criterio de optimalidad diferente al de parsimonia

UNIDAD 6. Alineamiento y homologías. Estructura secundaria de las moléculas. Secuenciación y significado biológico de los GAPS. Estrategias para evitar el problema. Análisis de datos morfológico versus molecular. Combinación de diferentes sets de datos (análisis de evidencia total). Diferentes índices de Congruencia. Análisis separados (valor probabilístico y fortaleza de las coincidencias).

Objetivos:

Identificar las ventajas y desventajas de los análisis de evidencia total.



R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

Discutir sobre las ventajas y desventajas del uso estricto de caracteres moleculares o morfológicos en los análisis filogenéticos.

UNIDAD 7. Conceptos de especie. Impacto de la cladística en la taxonomía tradicional. Conceptos de Metataxon (metaespecie, mixotaxon y ambitaxon). Representación de la filogenia en las clasificaciones. Problemas planteados en ejemplos de la fauna neotropical.

Objetivos:

Conocer el impacto de la cladística en la nomenclatura y la taxonomía tradicional.

Discutir acerca de la utilización de la nomenclatura Linneana o de PhyloCode.

UNIDAD 8. Estudios derivados de la cladística actual: Método comparativo. Mapeo de caracteres o algo más?. Inclusión o no en la matriz del grupo de los caracteres analizados, existe circularidad?. Coevolución de parásitos y hospedadores, asociaciones planta-animal, etc. Biogeografía Cladística. Métodos cladísticos más corrientes. Conceptos y métodos.

Objetivos:

Conocer las utilidades de los cladogramas en otras disciplinas de las ciencias biológicas.

Reconocer la importancia de la información filogenética en los estudios eco-evolutivos.

5.3 PROGRAMA de TRABAJOS PRACTICOS

El desarrollo de este programa de Trabajos Prácticos resulta fundamental para dar cumplimiento a objetivos particulares procedimentales en cuanto se refiere a entrenar al alumno en el trabajo concreto de la sistemática cladista, a desarrollar trabajos individuales y grupales, a capacitarse en el análisis sistemático de un grupo taxonómico, y en la lectura crítica y discusión de los trabajos.

Trabajo Práctico N°1. Selección de Taxa, muestras y búsqueda de caracteres.

Delimitación del grupo interno y de los externos a utilizarse. Selección de la fuente de evidencia a estudiarse (morfológica, molecular, etc.). Análisis de la variación.

Objetivo:

Codificar los caracteres teniendo en cuenta su variación. Construir matrices de pasos.



R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

Trabajo Práctico N°2. SEMINARIO. Exposición y discusión de artículos a cargo de los alumnos.

Objetivo:

Discutir acerca de las importancias relativas de los caracteres morfológicos y moleculares en los análisis filogenéticos.

Trabajos Prácticos N°3 y 4. Continuación de búsqueda de caracteres. Definición de caracteres. Descripción formal de los caracteres. Distintos métodos de codificación. Ensayos diferentes con caracteres polimórficos y continuos. Argumentos teóricos que sostienen y critican los distintos métodos. Elaboración de matrices.

Objetivos:

Construir matrices para la realización de análisis filogenéticos.

Alinear secuencias de genes utilizando diferentes software.

Trabajo Práctico N°5. Análisis de las matrices mediante el uso de programas de parsimonia (TNT, Nona, PAUP*). Análisis empelando pesos iguales. Cambiando aditividades. El uso de pesos implicados. La búsqueda de árboles de consenso.

Objetivos:

Aplicar herramientas de software especializado.

Construir cladogramas utilizando software especializado.

Calcular longitud de los cladogramas.

Calcular árboles de consenso, soporte y diferentes medidas de congruencia.

Trabajo Práctico N°6. Descripción de los resultados. Definición de los grupos monofiléticos y caracteres que sostienen los distintos nodos. Listas de apomorfías. Discusión de los resultados según la sistemática vigente del grupo.



R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

Objetivos:

Reconocer las partes de un cladograma

Identificar grupos mono, para y polifiléticos.

Identificar homologías, homoplasias, apomorfías y plesiomorfías dentro de un cladograma.

Trabajo Práctico N°7. Cálculo de medidas de soporte. Bootstrapping, Jackknifing y soporte de Bremer. Comparación de resultados obtenidos aplicando distintos programas y criterios. Discusión de los distintos métodos.

Objetivos:

Calcular longitud de los cladogramas.

Calcular árboles de consenso, soporte y diferentes medidas de congruencia.

Pesar diferencialmente los caracteres.

Optimizar y evaluar los diferentes cambios que sufren los caracteres.

T. Práctico N°8. SEMINARIO. Exposición y discusión de artículos a cargo de los alumnos.

Objetivo:

Discutir y comprender la utilización de la filogenia en programas de ecología evolutiva.

Trabajo Práctico N°9. Aplicación de cladogramas en métodos de conservación y biogeografía I. Ensayo sobre mismos ejemplos anteriores de aplicación del peso taxonómico y otros índices similares.

Objetivos:

Mapear los caracteres utilizando los diferentes programas asociados.

Comprender la importancia de la información filogenética en estudios de adaptación y de evolución.

Los prácticos 3 al 7 y 9 requieren de ser llevados a cabo en laboratorio de cómputos.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

8- BIBLIOGRAFÍA BASICA

- 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.
- 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.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE Nº 10.243/2013

- 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.
- 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.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE Nº 10.243/2013

- 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, 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.
- SMITH, A. B. 1994. Rooting molecular trees: problems and strategies. *Biological Journal of the Linnean Society*, 51: 279-292.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

- 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.

9. REGLAMENTO DE CÁTEDRA

Las actividades de la Cátedra comprenden: Clases Teóricas, Trabajos Prácticos, Seminarios y Evaluaciones Parciales.

♦ Clases Teóricas

Se dicta 4hs de teoría a la semana. Su asistencia no es obligatoria.

♦ Trabajos Prácticos

Se desarrollan dos clases prácticas por semana de 2 horas de duración. Los Trabajos Prácticos son de asistencia obligatoria.

♦ Evaluaciones Parciales

Se realizan dos evaluaciones parciales, cada una con su correspondiente recuperación. Los exámenes parciales se aprueban con **60 puntos sobre 100**.

R- DNAT- 2013 - 0570

SALTA, 15 de mayo de 2013

EXPEDIENTE N° 10.243/2013

El alumno que no asistiera al parcial, deberá **justificar la inasistencia dentro de las 24 hs. hábiles siguientes**, para tener la oportunidad de realizar el examen parcial y su recuperación en otra fecha.

♦ **Regularidad**

Para obtener la regularidad de la asignatura, los alumnos deberán cumplir con:

- El 80% de asistencia y aprobación de los trabajos prácticos.
- La aprobación de los dos exámenes parciales con 60 puntos (como mínimo) sobre 100.
-

♦ **Aprobación de la Asignatura**

La aprobación final de la asignatura es a través de:

- Examen final oral o escrito si el alumno es regular.
- Examen final oral y escrito con aplicaciones de software estudiado durante el transcurso de los prácticos, si es alumno libre.