



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

VISTAS:

Las presentes actuaciones mediante las cuales el Dr. Andrés Sebastián Quinteros, eleva matriz curricular con sus contenidos programáticos para la aprobación de la asignatura Sistemática Filogenética (optativa), correspondiente al Plan de Estudio 2004 de la carrera Licenciatura en Ciencias Biológicas que se dicta en esta Unidad Académica, y

CONSIDERANDO:

Que a fs. 36, la Escuela de Biología eleva Planilla de Control y sugiere se apruebe la propuesta de la misma.

Que tanto la comisión de Docencia y Disciplina e Interpretación y Reglamento a fs. 37, aconsejan aprobar la Matriz Curricular (fs. 19/21), Programa Analítico y sus objetivos particulares (22/25), Programa de Trabajos Prácticos y sus objetivos particulares (fs. 25/27), Bibliografía (fs.28/32) y Reglamento de Cátedra (fs.33/34).

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:

EL VICE-DECANO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES

R E S U E L V E :

ARTICULO 1°.- APROBAR y poner en vigencia a partir del periodo lectivo 2018 lo siguiente: Matriz Curricular, Programa Analítico con sus objetivos particulares, Programa de Trabajos Prácticos con sus objetivos particulares, Bibliografía y Reglamento de Cátedra, correspondientes a la asignatura Sistemática Filogenética (optativa), carrera Licenciatura en Ciencias Biológicas - plan 2004, elevados por el docente Dr. Andrés Sebastián Quinteros, que como Anexo, forma parte de la presente Resolución.

ARTICULO 2°.- DEJAR INDICADO que **SI** se adjunta el archivo digital de los contenidos programáticos de la asignatura, dispuestos por Resolución CDNAT-2013-0611.

ARTICULO 3°.- HACER saber a quien corresponda, por Dirección de Alumnos fotocopíese siete (7) ejemplares de lo aprobado, uno para el CUECNa, Escuela de Biología, Biblioteca de Naturales, Dirección de Docencia, Cátedra y para la Dirección de Alumnos y siga a esta para su toma de razón y demás efectos, publíquese en el Boletín Oficial de la Universidad Nacional de Salta.

mc


DRA. DORA ANA DAVIES
SECRETARIA ACADEMICA
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES


ING. CARLOS H. HERRANDO
VICE-DECANO
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

MATRIZ CURRICULAR

DATOS BÁSICOS DEL ESPACIO CURRICULAR		
Nombre: SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA (OPTATIVA)		
Carrera: LICENCIATURA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS		
Plan de estudios: 2013		
Tipo: (oblig/optat) Optativa	Número estimado de alumnos: 10	
Régimen: Anual	1° Cuatrimestre	2° Cuatrimestre X
CARGA HORARIA: Total: 105 horas		Semanal: 7 horas
Aprobación por: Examen Final	Promoción X	

DATOS DEL EQUIPO DOCENTE			
Responsable a cargo de la actividad curricular:			
Docentes (incluir en la lista al responsable)			
Apellido y Nombres	Grado académico máximo	Cargo (Categoría)	Dedicación en horas semanales
Lobo Gaviola, Fernando José (SUPERVISOR)	Doctor	Profesor Asociado	10 Hs
Quinteros, Andrés Sebastián	Doctor	Auxiliar de Primera	20 Hs
Auxiliares no graduados			
N° de cargos rentados:		N° de cargos ad honorem:	

DATOS ESPECÍFICOS/DESCRIPCIÓN DEL ESPACIO CURRICULAR
OBJETIVOS
<p>Que el alumno comprenda la importancia y las relaciones de la Clasificación, Filogenia, Nomenclatura y Taxonomía, dentro de las Ciencias biológicas.</p> <p>Que el alumno alcance el conocimiento sobre las ideas y conceptos fundamentales relacionados con la sistemática filogenética.</p> <p>Que el alumno se familiarice con las técnicas actuales del análisis cladístico y la evaluación de sus resultados.</p> <p>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</p>

Handwritten signature



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

aplicaciones. Que alumno comprenda y aplique los diferentes usos de las filogenias en enfoques eco-evolutivos.			
PROGRAMA			
Contenidos mínimos según Plan de Estudios <i>Transcribir los contenidos que obran en el Plan de Estudios correspondiente.</i>			
Introducción y justificación <i>Anexo I</i>			
Programa Analítico con objetivos específicos por unidad <i>Anexo I</i>			
Programa de Trabajos Prácticos/Laboratorios/Seminarios/Talleres con objetivos específicos <i>Anexo I</i>			
ESTRATEGIAS, MODALIDADES Y ACTIVIDADES QUE SE UTILIZAN EN EL DESARROLLO DE LAS CLASES (<i>Marcar con X las utilizadas</i>)			
Clases expositivas	X	Trabajo individual	X
Prácticas de Laboratorio	X	Trabajo grupal	X
Práctica de Campo		Exposición oral de alumnos	X
Prácticos en aula (resolución de ejercicios, problemas, análisis de textos, etc.)		Diseño y ejecución de proyectos	
Prácticas en aula de informática	X	Seminarios	X
Aula Taller		Docencia virtual	X
Visitas guiadas		Monografías	
Prácticas en instituciones		Debates	
OTRAS (Especificar):			
PROCESOS DE EVALUACIÓN			
De la enseñanza <i>Encuestas de opinión</i>			
Del aprendizaje <i>Coloquios, Parciales, presentaciones individuales y grupales.</i>			
BIBLIOGRAFÍA <i>Anexo II</i>			
REGLAMENTO DE CÁTEDRA <i>Anexo III</i>			

DSO



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

ANEXO I

Ubicación de la Asignatura

Es una asignatura optativa, corresponde al quinto año de la carrera. Su cursado es de régimen cuatrimestral (segundo cuatrimestre) con una carga horaria semanal de 7 horas y total de 105 horas.

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

PROGRAMA ANALÍTICO

CON OBJETIVOS ESPECÍFICOS POR UNIDAD

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.

UNIDAD 2. Cladogramas: taxa terminales, nodos, raíz, ramas, apomorfías, homoplasias, etc. Definiciones de Monofilia, Parafilia y Polifilia. Polaridad o dirección del cambio. Criterios de optimalidad: Parsimonia. Máxima Verosimilitud. Inferencia Bayesiana.

Objetivos:

Filename: R- DEC-2019-0094

oso
★



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

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. Naturaleza de los caracteres y su codificación. Continuos, discretos. Binarios y multiestados. Inclusión o no de taxa y/o caracteres con entradas faltantes. Inclusión de fósiles en los análisis. Caracteres polimórficos: Codificación. 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 mismas. Tratamiento ordenado o no ordenado de los caracteres multiestados. Caracteres Moleculares. Alineamiento. Alineamiento y homologías. Secuenciación y significado biológico de los GAPS. Construcción de Matrices para los 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 4. Búsquedas de árboles. Parsimonia: Búsquedas Heurísticas y Exactas. Permutación de ramas. 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). Inferencia Bayesiana. Modelos Evolutivos. Relojes Moleculares. Datación de Nodos. Árboles calibrados temporalmente.

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.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

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. 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. Probabilidades posteriores de los análisis Bayesianos.

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. Análisis de datos morfológico versus molecular. Combinación de diferentes sets de datos (análisis de evidencia total). Diferentes índices de Congruencia. Distancias de SPR. Análisis separados (valor probabilístico y fortaleza de las coincidencias).

Objetivos:

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

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. Representación de la filogenia en las clasificaciones. Problemas planteados en ejemplos de la fauna neotropical. Taxonomía Integrativa. Límite de especies. Análisis coalescente.

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.

Conocer la "nueva" taxonomía integrativa (o integral).

UNIDAD 8. Estudios derivados de la cladística actual: Métodos filogenéticos comparativo. Mapeo de caracteres. Árboles dentro de Árboles: Coevolución de parásitos y hospedadores, asociaciones planta-animal. Biogeografía Cladística. Métodos cladísticos más corrientes. Uso de los cladogramas en Biogeografía Histórica. Las filogenias en biología de la conservación.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

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.

PROGRAMA DE TRABAJOS PRÁCTICOS

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.

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. Definición de caracteres morfológicos. Descripción formal de los caracteres. Distintos métodos de codificación. Ensayos diferentes con caracteres polimórficos y continuos. Elaboración de matrices.

Objetivo:

Construir matrices para la realización de análisis filogenéticos.

Trabajos Prácticos N°4. Caracteres moleculares. Alineamiento. Homología. Gaps como entrada faltante o como 5to estado. Uso de software para alinear secuencias: ClustalX, Malign; Mega; Muscle. Modelos evolutivos. Criterios de elección. Software empleado para los mismos: JModelTest.

Objetivo:

Alinear secuencias de genes utilizando diferentes software.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

Trabajo Práctico N°5. Análisis de las matrices mediante el uso de programas de parsimonia (TNT). 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. Análisis de matrices mediante Inferencia Bayesiana. Matrices moleculares. Análisis mixtos (morfología y moléculas). Software utilizado para análisis bayesianos: Mr. Bayes; *BEAST. Software asociado: Tracer; TreeAnnotator; LogCombiner; Beauti. Visualización de arboles obtenidos: uso de FigTree. Obtención de arboles calibrados temporalmente.

Objetivos:

Construir cladogramas mediante Inferencia Bayesiana.

Aplicar diferentes modelos evolutivos dependiendo del marcador utilizado.

Utilizar la información de fósiles en la datación de nodos.

Obtener arboles calibrados temporalmente.

Trabajo Práctico N°7. 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. 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:

Reconocer las partes de un cladograma.

Identificar grupos mono, para y polifiléticos.

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

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.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

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.

**ANEXO II
BIBLIOGRAFIA**

- BREMER, K. 1990. Combinable component consensus. *Cladistics*, 6: 369-372.
- BREMER K. 1992. Ancestral Areas: a cladistic reinterpretation of the center of origin concept. *Systematic Biology* 41: 436-445.
- BREMER, K. 1994. Branch support and tree stability. *Cladistics*, 10: 295-304.
- BREMER, K. 1988. The limits of amino-acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution*, 42: 795-803.
- BROOKS DR. 1990. Parsimony analysis in historical biogeography and coevolution: methodological and theoretical update. *Systematic Zoology* 39:14-30.
- CARPENTER, J. M. 1992. Random cladistics. *Cladistics*, 8: 147-153.
- CARPENTER, J. M. 1996. Uninformative bootstrapping. *Cladistics*, 12: 177-181.
- Chacón J, Renner SS. 2014. Assessing model sensitivity in ancestral area reconstruction using LAGRANGE: a case study using the Colchicaceae family. *Journal of Biogeography* doi:10.1111/jbi.12301.
- 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. & D. A. GOOD. 1997. Phenetic clustering in biology: a critique. *The Quarterly Review of Biology*, Vol.72, N°1: 3-30.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE Nº 10.554/2018

- 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.
- DRUMMOND AJ, HO SYW, PHILLIPS MJ, RAMBAUT A. 2006. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. *PLoS Biologic* 4: e88.
- DRUMMOND AJ, RAMBAUT A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology* 7: 214.
- 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, FARRIS J, NIXON K. 2003. T.N.T.: Tree Analysis Using New Technology. Program and documentation, available from <http://www.lillo.org.ar/phylogeny/tnt/>
- GOLOBOFF PA, MATTONI CI, QUINTEROS AS. 2006. Continuous Characters Analyzed as Such. *Cladistics* 22: 589–601.
- GOLOBOFF P, FARRIS J, NIXON K. 2008. TNT a free program for phylogentic analysis. *Cladistics* 24: 774-786.
- GOLOBOFF P, CATALANO S. 2016. TNT, version 1.5, with a full implementation of phylogenetic morphometrics. *Cladistics* 32: 221-238.
- HALL, B. K. 1994. Homology. The hierarchical basis of comparative biology. Academic Press. 483 pp.
- HALL, T. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acid Syposium Series* 41:95–98.
- HAUSER, D. L. & W. PRESCH. 1991. The effect of ordered characters on phylogenetic reconstruction. *Cladistics*, 7: 243-266.
- HEDGES SB, KUMAR S. 2004. Precision of molecular time estimates. *Trends in Genetetic* 20: 242–247.



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

- 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.
- HILLIS, D. M.; C. MORITZ & B. K. MABLE (eds.). 1996. Molecular Systematics. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA. 655 pp.
- Ho SY, Phillips MJ, Drummond AJ, Cooper A. 2005. Accuracy of rate estimation using relaxed-clock models with a critical focus on the early metazoan radiation. *Molecular Biology and Evolution* 22: 1355–1363.
- 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.
- KUMAR, S, STECHER G, TAMURA K. 2016. MEGA 7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870-1874.
- LIPSCOMB, D. L. 1992. Parsimony, homology, and the analysis of multistate characters. *Cladistics*, 8: 45-65.
- MABEE, P. M. & J. HUMPHRIES. 1993. Coding polymorphic data: examples from allozymes and ontogeny. *Syst. Biol.* 42(2): 166-181.
- MABEE, P. M. 1989. An empirical rejection of the ontogenetic polarity criterion. *Cladistics* 5: 409-416.
- 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. 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.
- 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.
- MILLER MA, PFEIFFER W, SCHWARTZ T. 2010. "Creating the CIPRES Science Gateway for



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

- inference of large phylogenetic trees" in Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE), 14 Nov. 2010, New Orleans, LA pp 1 - 8.
- 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, 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.
- POSADAS D. 2008. JMODELTEST: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution* 25: 1253–1256.
- RAMBAUT A, SUCHARD MA, XIE D, AJ Drummond. 2014. Tracer v1.6, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE Nº 10.554/2018

- RAMBAUT A. 2008. FigTree: tree figure drawing tool, version 1.2.2. FigTree website. Available at :<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
- 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.
- 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.

ANEXO III

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 3 horas de duración. Los Trabajos Prácticos son de asistencia obligatoria.

Filename: R- DEC-2019-0094

oso
f



R- DNAT-2019-0094

Salta, 19 de febrero de 2019

EXPEDIENTE N° 10.554/2018

Seminarios

Durante el cursado de la materia, los estudiantes deberán leer un artículo sobre algún tema en particular. Este artículo se expondrá y discutirá en un clase. Se prevé al menos tres tópicos para estos seminarios de discusión:

Ventajas y desventajas de caracteres tomados de diferente fuente.

Análisis de un artículo que incluya una filogenia

Análisis de un artículo donde se aplica una filogenia para estudios eco-evolutivos.

Evaluaciones Parciales

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

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.

Promoción

Para obtener la promoción directa de la asignatura los alumnos deberán:

Cumplir con el 80% de los trabajos prácticos.

Aprobar los respectivos parciales con una nota igual o superior a 70 puntos 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.