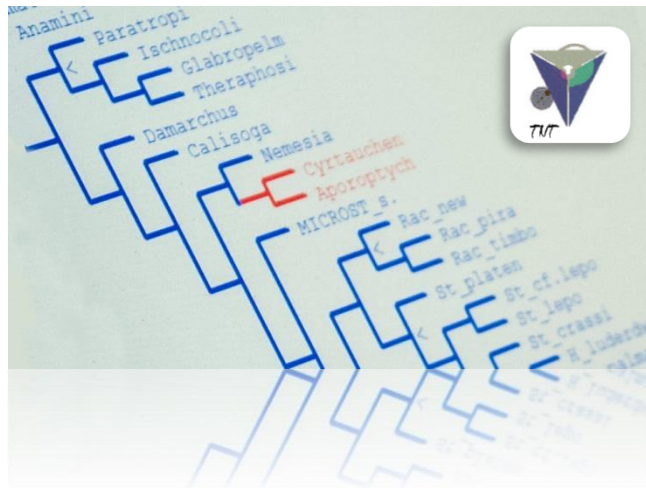


## Curso de Posgrado

# “CONCEPTOS Y PRINCIPIOS DE ANÁLISIS FILOGENÉTICOS CON EL PROGRAMA TNT (TREE ANALYSIS USING NEW TECHNOLOGY)”

Res. 0177 /18 CD



### Profesores:

Dr. Andrés Sebastián Quinteros (Profesor dictante)  
Dr. Juan Manuel Díaz Gómez (Profesor dictante)  
Dr. Alfredo Zurita (Coordinador)

### Objetivos:

Con el dictado del Curso se pretende que los alumnos logren:

Conocer las principales ideas, conceptos y metodologías de la Sistemática Filogenética.

Conocer las principales metodologías para la codificación de datos, y la construcción de matrices de caracteres para ser usadas en análisis filogenéticos.

Desarrollar un manejo básico del software específico TNT (Tree analysis using New Technology)

Identificar la metodología más adecuada para el tratamiento de datos propios, y llevar a cabo un análisis filogenético completo bajo parsimonia.

Interpretar los resultados de un análisis filogenético (Cladogramas), la información que estos proveen, y su uso como fuente de información para otros estudios (evolución, biogeografía, ecología).

### Modalidad de enseñanza:

El curso es teórico-práctico. 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.

Los estudiantes deberán contar con su propia computadora portátil.

### Destinatarios del curso:

Paleontólogos, Biólogos. Requisitos mínimos el manejo básico de pc y buen nivel de lectura en inglés.

### Programa:

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

**UNIDAD 2.** Naturaleza de los caracteres y su codificación. Continuos, discretos. Binarios y multiestados. Matrices de Pasos. Series de transformación. Caracteres ordenados o aditivos. Caracteres Moleculares. Alineamiento. Gaps. Construcción de matrices para TNT.

**UNIDAD 3.** Búsqueda de Árboles. Árboles de Wagner. Parsimonia: Permutación de ramas. Búsquedas heurísticas y exactas de árboles; optimización; Pesos Implicados.

**UNIDAD 4.** Análisis de los resultados. Medidas de la congruencia / incongruencia en los resultados de un análisis; índices de consistencia y retención. Árboles de Consenso. Medidas más comunes de soporte en el análisis cladístico: Bremer support, Bremer support relativo, Bootstrapping, y Jackknifing, Symmetric Resampling

**UNIDAD 5.** Máxima Verosimilitud. Análisis Bayesianos. Modelos evolutivos. Matrices para Mr. Bayes. Árboles calibrados temporalmente. BEAST: Relojes moleculares; \*Beast; Tracer; TreeAnnotator; LogCombiner

**Fecha de Inicio:** 17/05/2018 – 08:00 hs. –

Aula Posgrado – FACENA - Av. Libertad 5400 - Campus

**Días de dictado:** 17, 18, 19, 21 y 22 de mayo de 2018. De 8:00 a 12:30 y de 14:30 a 19:00.

**Duración:** 50hs. totales. 40 hs presenciales, 10hs. no presenciales

**Cupos:** Mínimo: 15. Máximo 30.

### Requisitos de aprobación:

- 80% de asistencia.
- Aprobación evaluación escrita.

**Arancel:** \$1200 (pesos mil doscientos) Estudiantes de posgrado de la UNNE abonarán el 50%.

### Inscripción mediante formulario online:

<http://exa.unne.edu.ar/postgrado/1/inscripcion/formulario.php>

(Se generará un archivo PDF que le servirá de comprobante de inscripción)

Secretaría de Investigación y Posgrado - FaCENA –  
2° Piso Edificio Central - Av. Libertad 5400 - Campus

Te: 0379 - 4473931 – int. 118

Contacto: Lic. Angel E. Barrios Ruiz  
[sip.cursos@comunidad.unne.edu.ar](mailto:sip.cursos@comunidad.unne.edu.ar)