



UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA

CÓRDOBA, 21 OCT 2011

VISTO:

El Expte. de la Universidad Nacional de Córdoba N° 0039267/2011 por el cual la Prof. Dra. Laura Susana DOMÍNGUEZ, solicita autorización para el dictado del Curso de Posgrado "CLADÍSTICA: TEORÍA Y MÉTODOS" de 40 (cuarenta) horas de duración, a dictarse entre el 31 de Octubre y el 04 de Noviembre de 2011; y

CONSIDERANDO:

Que el perfeccionamiento continuo implica actualizar permanentemente los conocimientos, fundamentando nuevos criterios y requerimientos;

Que cuenta con el aval de la Secretaría Académica de Investigación y Posgrado Área Ciencias Naturales a fs. 50 vta.;

La autorización conferida por el H. Consejo Directivo, Texto Ordenado Resolución N° 1099 - T - 2009;

EL DECANO DE LA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

RESUELVE:

Art. 1º.- Autorizar el dictado del Curso de "CLADÍSTICA: TEORÍA Y MÉTODOS" de 40 (cuarenta) horas de duración, a dictarse entre el 31 de Octubre y el 04 de Noviembre de 2011, organizado por la Carrera del Doctorado en Ciencias Biológicas. No se cobrarán aranceles.

Art. 2º.- Designar como disertantes a:

- Prof. Dr. Camilo MATTONI (Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba).
- Dr. Juan Marcos MIRANDE (CONICET – Tucumán).
- Prof. Dra. Laura S. DOMÍNGUEZ (Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba).





UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA

Art. 3º).- Otorgar a este Curso validez para la Carrera del Doctorado en Ciencias Biológicas.


Art. 4º).- Designar como responsable académica a la Prof. Dra. Laura S. DOMÍNGUEZ.

Art. 5º).- Aprobar el Programa de Actividades y Temario a desarrollar, que como ANEXO I forma parte de la presente resolución.

Art. 6º).- Deberá cumplimentarse lo establecido por la Ordenanza 4-HCS-95 y su modificatoria y la Resolución 307-HCD-96.

Art. 7º).- La responsable Académica elevará dentro de los treinta días de finalizado el curso, el informe académico a la Secretaría de Investigación y Posgrado, Área Ciencias Naturales.

Art. 8º).- Dese al Registro de Resoluciones, comuníquese, dese cuenta al H. Consejo Directivo y gírense las presentes actuaciones a la Secretaría Académica de Investigación y Posgrado Área Ciencias Naturales a fin de notificar a los interesados.


Prof. Ing. DANIEL LAGO
SECRETARIO GENERAL
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA




Prof. Ing. HECTOR GABRIEL TAVELLA
SECRETARIO
Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
Universidad Nacional de Córdoba

RESOLUCION Nº 001382 -T-2011.-

U.N.C. FACULTAD DE C.E.F.Y.N.	Ab/SADO
	AREA OPERATIVA

Curso de Doctorado: "Cladística: teoría y métodos"

Unidad Académica organizadora:

- Doctorado en Ciencias Biológicas

Responsable Académico:

- Dra. Laura Domínguez

Temario a Desarrollar (resumen)

Día 1:

Teórico: Introducción histórica. Clasificaciones. Métodos numéricos: feneticismo. Willi Hennig y sus ideas. Cladogramas y su significado, diferentes representaciones, notación parentética. Monofilia, parafilia y polifilia. Escuelas: parsimonia, likelihood y análisis bayesiano (generalidades). Parsimonia: conceptos, criterio de optimalidad. Algoritmos: Wagner (Farris), Fitch, Dollo, Camin-Sokal. Caracteres: homologías y homoplasia. Apomorfías, sinapomorfías, plesiomorfías. Tipos de caracteres. Codificación de caracteres, matrices. Caracteres aditivos y no aditivos. Polimorfismos. Caracteres continuos. Entradas faltantes: inaplicables y desconocidos. Enraizamiento y polaridad.

Práctico: Repaso de conceptos teóricos. Aplicaciones en cladogramas. Codificación de caracteres. Matrices: formatos, comandos básicos. Construcción de matrices. Optimización manual. Manejo e interpretación de cladogramas. Programas: Winclada, Mesquite, TNT.

Día 2:

Teórico: Uso de computadoras en búsquedas de cladogramas óptimos. Problemas y límites computacionales. Búsquedas: exactas y heurísticas. Tipos de búsquedas heurísticas: árboles de Wagner, SPR, TBR. Elección del cladograma: medidas de ajuste (largo, ajuste global). Óptimos locales y óptimos globales; estrategias de búsqueda. Factores que afectan la eficiencia de las búsquedas.

Práctico: Búsquedas de cladogramas óptimos bajo pesos iguales. Búsquedas exactas y heurísticas. Cálculo de índices. Edición de cladogramas. Programa: TNT, Mesquite.

Día 3:

Teórico: Cladogramas consenso: tipos. Comparaciones de topologías de árboles; distancias de SPR. Colapsado de ramas: reglas. Coeficientes: índices de consistencia, de retención, homoplasia. Pesado de caracteres: sucesivo, implicado, autopesado.

Práctico: Cálculo de árboles consenso. Reglas de colapsado y sus efectos. Cálculo de coeficientes. Búsquedas bajo pesos implicados y autopesado. Programa: TNT.

Día 4:





Teórico: Concepto de soporte de grupos. Tipos de soporte: Bremer, jackknife (y derivados), bootstrap. Estabilidad y soporte. Influencia de entradas faltantes y polimorfismos.

Práctico: Cálculo de diversas medidas de soporte de grupos (Bremer y remuestreos). Efecto de entradas faltantes y polimorfismos. Programa: TNT.

Día 5:

Teórico: Búsquedas, parte II: Nuevos algoritmos de búsqueda. Estrategias de búsquedas. Análisis de datasets de gran tamaño. Uso de secuencias de ADN: elección de fragmentos, alineado. Tratamiento de los gaps. Optimization alignment (POY). Métodos basados en modelos de evolución molecular: Likelihood y Bayesianos. Criterio de optimalidad: elección del modelo, parámetros. Búsquedas heurísticas. Soporte de grupos.

Práctico: Búsquedas con nuevos algoritmos. Dudas generales. Análisis de matrices propias. Secuencias de ADN en el análisis. Likelihood y análisis bayesiano. Programas: TNT, RAxML, MrBayes, Modeltest.

Objetivos del curso

- Brindar una introducción a las metodologías usadas para reconstruir la filogenia, con énfasis en la parsimonia.
- Proveer a los estudiantes con las herramientas necesarias para analizar matrices de datos siguiendo una metodología apropiada.
- Comprensión de los parámetros de cada tipo de análisis, y su efecto en los resultados obtenidos.
- Explorar diferentes resultados obtenidos desde diferentes enfoques (Parsimonia vs. Likelihood y bayesianos).

Contenidos mínimos

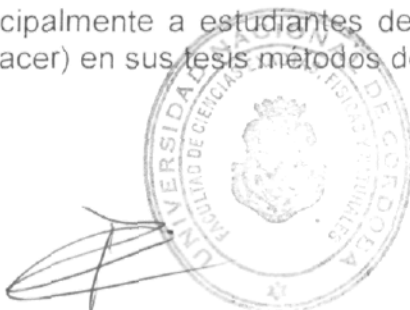
Nombre de el/los disertante/s (se adjuntan CVs reducidos)

- Dr. Camilo Mattoni
- Dr. Marcos Mirande
- Dra. Laura Domínguez

Destinatarios de la actividad

Alumnos del Doctorado en Ciencias Biológicas y estudiantes de carreras afines

El curso está destinado principalmente a estudiantes de posgrado que estén desarrollando (o lo vayan a hacer) en sus tesis métodos de cladística.



Si bien el curso hace un recorrido por la metodología de la sistemática filogenética desde sus bases, es deseable que los alumnos tengan conocimientos previos sobre conceptos básicos. Muchos encontrarán que se pasa de lo general a lo particular muy rápido, pero es necesario para cubrir todo el programa.

Aquellos que dispongan de una computadora personal (notebook o netbook), sería mejor que la traigan al curso, para aprender a instalar y configurar los programas.

Fecha de realización

- 31 de octubre al 4 de noviembre

Duración y cupo

- Duración: 40Hs. 20 horas teórico y 20 práctico.
- Hasta 25 alumnos

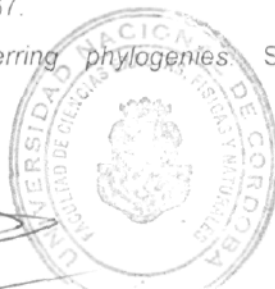
Bibliografía y material didáctico que se proveerá a los asistentes

Bibliografía General

- AGNARSSON, I., & J. A. MILLER. 2008. Is ACCTRAN better than DELTRAN? *Cladistics* 24: 1-7.
- ALBERT, V. A., M. W. CHASE & B. D. MISHLER. 1993. Character state weighting for cladistic analysis of protein-coding DNA sequences. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 80: 752-766.
- ALBERT, V. A. 2005. Parsimony and phylogenetics in the genomic age. En: *Parsimony, Phylogeny, and Genomics* (V. A. Albert ed.). Pp. 1-11.
- ALFARO, M. E., S. ZOLLER & F. LUTZONI. 2003. Bayes or Bootstrap? A simulation study comparing the performance of Bayesian Markov Chain Monte Carlo sampling and bootstrapping in assessing phylogenetic confidence. *Molecular Biology and Evolution* 20: 255-266.
- ALLARD, M. W. & J. M. CARPENTER. 1996. On weighting and congruence. *Cladistics* 12:183-198.
- ARCHIE, J. W. 1985. Methods for coding variable morphological features for numerical taxonomic analysis. *Systematic Zoology* 34 (3): 326-345.
- ARIAS, J. S. & D. R. MIRANDA-ESQUIVEL. 2004. Profile Parsimony (PP): an analysis under Implied Weights (IW). *Cladistics* 20: 56-63.
- BREMER, K. 1994. Branch support and tree stability. *Cladistics* 10: 295-304.
- BROOKS, D.R., BILEWITCH J, CONDY C, EVANS DC, FOLINSBEE KE, FRÖBISCH J, HALAS D, HILL S, MCLENNAN DA, MATTERN M, TSUJI LA, WARD JL, WAHLBERG N, ZAMPARO D & ZANATTA D. 2007. Quantitative phylogenetic analysis in the 21 century. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 78: 225-252.



- BRYANT, H. N. 2001. Character polarity and the rooting of cladograms. In: G. P. Wagner (Ed.). The character concept in evolutionary biology. *Academic Press*. pp. 321-340.
- CARPENTER, J. M. 1992. Random cladistics. *Cladistics* 8: 147-153.
- CAVALLI-SFORZA, L. L. & A. W. F. EDWARDS. 1967. Phylogenetic Analysis Models and Estimation Procedures. *American Journal of Human Genetics* 19: 233-257.
- CHANG, J. T. 1996. Inconsistency of evolutionary tree topology reconstruction methods when substitution rates vary across characters. *Mathematical Biosciences* 134: 189-215.
- CODDINGTON, J. A. & N. SCHARFF. 1995. Problems with zero-length branches. *Cladistics* 10: 415-123.
- CUNNINGHAM, C. W. 1997. Is congruence between data partitions a reliable predictor of phylogenetic accuracy? Empirically testing an iterative procedure for choosing among phylogenetic methods. *Systematic Biology* 46 (3): 464-478.
- DE PINNA, M. C. 1991. Concepts and tests of Homology in the Cladistic Paradigm. *Cladistics* 7: 367-394.
- DE PINNA, M. C. 1996. Comparative Biology and Systematics: Some controversies in retrospective. *Journal of Comparative Biology* 1 (1/2): 3-16.
- DE QUEIROZ, A., M. J. DONOGHUE & J. KIM. 1995. Separate versus combined analysis of phylogenetic evidence. *Annual Review of Ecology and Systematics* 26: 657-681.
- DOUADY, C. J., F. DELSUC, Y. BOUCHER, W. F. DOOLITTLE & E. J. P. DOUZERY. 2003. Comparison of Bayesian and Maximum Likelihood bootstrap measures of phylogenetic reliability. *Molecular Biology and Evolution* 20: 248-254.
- FARRIS, J. S. 1969. A successive approximation approach to character weighting. *Systematic Zoology* 18: 374-385.
- FARRIS, J. S. 1983. The Logical Basis of Phylogenetic Analysis. *Advances in Cladistics* 2: 7-35.
- FARRIS, J. S. 1986. On the boundaries of phylogenetic systematics. *Cladistics* 2: 14-27.
- FARRIS, J. S. 1999. Likelihood and inconsistency. *Cladistics* 15: 199-204.
- FARRIS, J. S. 2000. Corroboration versus "strongest evidence". *Cladistics* 16: 385-393.
- FARRIS, J. S. 2001. Support weighting. *Cladistics* 17: 389-394.
- FELSENSTEIN, J. 1978. Cases in which parsimony and compatibility methods will be positively misleading. *Systematic Zoology* 27: 401-410.
- FELSENSTEIN, J. 1981. A likelihood approach to character weighting and what it tells us about parsimony and compatibility. *Biological Journal of the Linnean Society* 16: 183-196.
- FELSENSTEIN, J. 1982. Numerical methods for inferring evolutionary trees. *Quarterly Review of Biology* 57: 127-141.
- FELSENSTEIN, J. 1988. Phylogenies from molecular sequences: inference and reliability. *Annual Review of Genetics* 22: 521-565.
- FELSENSTEIN, J. 2001. The troubled growth of statistical phylogenetics. *Systematic Biology* 50 (4): 465-467.
- FELSENSTEIN, J. 2004. *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, Inc., Massachusetts. 664 p.



- FELSENSTEIN, J. & E. SOBER. 1986. Parsimony and likelihood: an exchange. *Systematic Zoology* 35: 617-626.
- FROST, D. R. & A. G. KLUGE. 1994. A consideration of epistemology in systematic biology, with special reference to species. *Cladistics* 10: 259-294.
- GAUCH, H. G. 1982. *Multivariate analysis in community ecology*. Cambridge University Press, Cambridge. 298 p.
- GIRIBET, G. 2003. Stability in phylogenetic formulations and its relationship to nodal support. *Systematic Biology* 52 (4): 554-564.
- GOLDMAN, N. 1990. Maximum likelihood inference of phylogenetic trees, with special reference to a Poisson process model of DNA substitution and to parsimony analysis. *Systematic Zoology* 39: 345-361.
- GOLOBOFF, P. A. 1993. Estimating character weights during tree search. *Cladistics* 9: 83-91.
- GOLOBOFF, P. A. 1999. Analyzing large data sets in reasonable times: solutions for composite optima. *Cladistics* 15: 415-428.
- GOLOBOFF, P. A. 2003. Parsimony, likelihood and simplicity. *Cladistics* 19: 91-103.
- GOLOBOFF, P.A., FARRIS, J.S., KÄLLERSJÖ, M., OXELMAN, B., RAMÍREZ, M.J., SZUMIK, C.A., 2003. 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.
- GRANT, T., J. FAIVOVICH & D. POL. 2003. The perils of 'point and click' systematics. *Cladistics* 19 (3): 276-285.
- GRAYBEAL, A. 1998. Is It Better to Add Taxa or Characters to a Difficult Phylogenetic Problem? *Systematic Biology* 47 (1): 9-17.
- HILLIS, D. M. 1995. Approaches for assessing phylogenetic accuracy. *Systematic Biology* 44 (1): 3-16.
- HILLIS, D. M. 1998. Taxonomic Sampling, Phylogenetic Accuracy, and Investigator Bias. *Systematic Biology* 47 (1): 3-8.
- HUELSENBECK, J. P. & K. A. CRANDALL. 1997. Phylogeny estimation and hypothesis testing using maximum likelihood. *Annual Review of Ecology and Systematics* 28: 437-466.
- HUELSENBECK, J. P. & F. RONQUIST. 2001. MrBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics* 17: 754-755.
- HUELSENBECK, J. P., B. LARGET, R. E. MILLER & F. RONQUIST. 2002. Potential applications and pitfalls of Bayesian inference of phylogeny. *Systematic Biology* 51 (5): 673-688.
- HUELSENBECK, J. P., F. RONQUIST, R. NIELSEN & J. P. BOLLBACK. 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology. *Science* 294: 2310-2314.
- KITCHING, I. J., P. L. FOREY, C. J. HUMPHRIES & D. M. WILLIAMS. 1998. *Cladistics. The theory and practice of parsimony analysis*. The Systematics Association Publication No. 11. Oxford University Press, Oxford. 228 p.
- KOLACZKOWSKI, B. & J. W. THORNTON. 2004. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. *Nature* 431: 980-984.
- KORNET, D. J. & H. TURNER. 1999. Coding Polymorphism for Phylogeny Reconstruction. *Systematic Biology* 48 (2): 365-379.



- NIXON, K. C. 1999. The Parsimony Ratchet, a new method for rapid parsimony analysis. *Cladistics* 15: 407-414.
- NIXON, K. C. & J. M. CARPENTER. 1993. On Outgroups. *Cladistics* 9: 413-426.
- NIXON, K. C. & J. M. CARPENTER. 2000. On the other "phylogenetic systematics". *Cladistics* 16: 298-318.
- PHILLIPS, A., D. JANIES & W. WHEELER. 2000. Multiple sequence alignment in phylogenetic analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 16 (3): 317-330.
- PLATNICK, N. I., C. E. GRISWOLD & J. A. CODDINGTON. 1991. On missing entries in cladistic analysis. *Cladistics* 7: 337-343.
- POSADA, D. & K. A. CRANDALL. 2001. Selecting the best-fit model of nucleotide substitution. *Systematic Biology* 50 (4): 580-601.
- PRENDINI, L. 2001. Species or supraspecific taxa as terminals in cladistic analysis? groundplans versus exemplar revisited. *Systematic Biology* 50 (2): 290-300.
- RAE, T. C. 1998. The logical basis for the use of continuous characters in phylogenetic systematics. *Cladistics* 14: 221-228.
- RANNALA, B. & Z. YANG. 1996. Probability distribution of molecular evolutionary trees: A new method of phylogenetic inference. *Journal of Molecular Evolution* 43: 304-311.
- SALTER, L. A. & D. K. PEARL. 2001. Stochastic search strategy for estimation of maximum likelihood phylogenetic trees. *Systematic Biology* 50 (1): 7-17.
- SANDERSON, M. J. & J. KIM. 2000. Parametric phylogenetics? *Systematic Biology* 49: 817-829.
- SIDDALL, M. E. 1998. Success of parsimony in the four-taxon case: long-branch repulsion by likelihood in the Farris zone. *Cladistics* 14: 209-220.
- SIDDALL, M. E. 2001. Philosophy and phylogenetic inference: a comparison of likelihood and parsimony methods in the context of Karl Popper's writings on corroboration. *Cladistics* 17: 395-399.
- SIDDALL, M. E. & A. G. KLUGE. 1997. Probabilism and phylogenetic inference. *Cladistics* 13: 313-336.
- SIMMONS, M. P. & J. V. FREUDENSTEIN. 2002. Artifacts of coding amino acids and other composite characters for phylogenetic analysis. *Cladistics* 18: 354-365.
- SIMMONS, M. P. & H. OCHOTERENA. 2000. Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology* 49 (2): 369-381.
- SOBER, E. 1985. A likelihood justification of parsimony. *Cladistics* 1: 209-233.
- SOLTIS, P. & D. SOLTIS. 1996. Phylogenetic Analysis of Large Molecular Data Sets. *Boletín de la Sociedad Botánica de México* 59: 99-113.
- TUFFEY, C. & M. STEEL. 1997. Links between maximum likelihood and maximum parsimony under a simple model of site substitution. *Bulletin of Mathematical Biology* 59: 581-607.
- WHEELER, W. C. 2003. Implied alignment: A synapomorphy-based multiple-sequence alignment method and its use in cladogram search. *Cladistics* 19: 261-268.
- WIENS, J. J. 2001. Character analysis in morphological phylogenetics: problems and solutions. *Systematic Biology* 50 (5): 689-699.
- WIENS, J. J. & M. R. SERVEDIO. 1997. Accuracy of phylogenetic analysis including and excluding polymorphic characters. *Systematic Biology* 46 (2): 332-345.



- YANG, Z. 1996. Phylogenetic analysis using parsimony and likelihood methods. *Journal of Molecular Evolution* 42: 294-307.
- YANG, Z. 1997. How often do wrong models produce better phylogenies?. *Molecular Biology and Evolution* 14: 105-108.
- YANG, Z., N. GOLDMAN & A. E. FRIDAY. 1995. Maximum likelihood trees from DNA sequences: A peculiar statistical estimation problem. *Systematic Biology* 44 (3): 384-399.

Evaluación final, metodología y profesores propuestos para realizarla

- **Evaluación:** SI
- **Tribunal:**
 1. Prof. Dra. Laura Domínguez
 2. Dr. Camilo Mattoni
 3. Dr. Marcos Mirande
- **Aranceles:** como es un curso obligatorio para los alumnos del Doctorado, dicho curso está exento de arancel.

Presupuesto estimativo y prioridades para la asignación de recursos

- Honorarios: \$4.200
- Reconocimiento de gastos:
 - Hotel
 - Pasajes
 - Manutención

Entidad que operará como unidad ejecutora de recursos

- Doctorado en Ciencias Biológicas


 Prof. Ing. DANIEL LAGO
 SECRETARIO GENERAL
 Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
 UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA




 Prof. Ing. HECTOR GABRIEL TAVEL
 Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
 Universidad Nacional de Córdoba

