



POSADAS, 22 MAY 2018

VISTO el Expediente FCEQYN_EXP-S01:0000510/2018 cuya carátula dice: Causante: Departamento de Genética. Texto: Programa de la asignatura SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA de la carrera Licenciatura en Genética; y

CONSIDERANDO:

Que el Consejo Departamental del Departamento de Genética eleva el Programa de la asignatura Sistemática Filogenética de la carrera Licenciatura en Genética.

Que la Secretaría Académica toma conocimiento del trámite y eleva al Presidente del Consejo Directivo para su tratamiento.

Que la comisión de Asuntos Académicos emite el despacho N° 079/18 en el que expresa lo siguiente: "Se sugiere APROBAR el Programa de la asignatura SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA de la carrera de Licenciatura en Genética".

Que el trámite se pone a consideración en la IIª Sesión Extraordinaria de Consejo Directivo realizada el 21 de mayo de 2018, aprobándose sin objeciones el despacho N° 079/18 de la comisión de Asuntos Académicos.

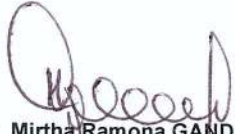
Por ello,

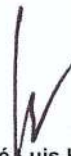
**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, QUÍMICAS Y NATURALES
RESUELVE:**

ARTÍCULO 1º- APROBAR por el período 2019-2022, el Programa de la asignatura **SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA** de la carrera Licenciatura en Genética, el que se incorpora como Anexo de la presente Resolución.

ARTÍCULO 2º - REGISTRAR. Notificar al Señor Decano. Comunicar. Cumplido. ARCHIVAR.

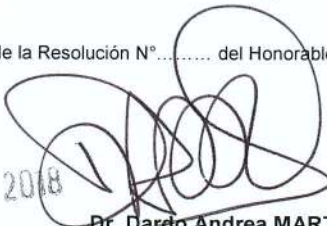
RESOLUCION CD N° 170-18
mle/SCD


Lic. Mirtha Ramona GANDUGLIA
Secretaria Consejo Directivo
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales


Dr. José Luis HERRERA
Presidente Consejo Directivo
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales

VISTO: se deja expresa constancia que en la fecha se tomó conocimiento de la Resolución N°..... del Honorable Consejo Directivo de la FCEQyN de conformidad al Art. 1º inciso "c" de la Ordenanza N° 001/97.

22 MAY 2018


Dr. Dardo Andrea MARTÍ
Decano
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales



ANEXO RESOLUCION CD Nº 170-18 .-

Período 2019

PROGRAMA DE: SISTEMATICA FILOGENETICA

CARRERA: LICENCIATURA EN GENETICA AÑO EN QUE SE DICTA 5TO. (QUINTO)

PLAN DE ESTUDIO (año de aprobación) 2017_CARGA HORARIA (1) _80 HORAS_

PORCENTAJE FORMACION TEÓRICA 50 % PORCENTAJE FORMACIÓN PRACTICA 50 %

DEPARTAMENTO: GENETICA

PROFESOR TITULAR/Responsable de la Asignatura: Dr. DOMINGO JAVIER LIOTTA

CARGO Y DEDICACIÓN: PROF. ADJUNTO REGULAR DEDICACIÓN SEMIEXCLUSIVA

EQUIPO DE CÁTEDRA	CARGO Y DEDICACIÓN
1) Dr. DOMINGO JAVIER LIOTTA	(2) PROF. ADJ. SEMIEXCLUSIVA
2) Dr. DIEGO BALDO	JTP REGULAR SIMPLE
3)	
4)	
5)	

RÉGIMEN DE DICTADO		RÉGIMEN DE EVALUACIÓN
Anual	Cuatrimestre 1º	Promocional
Cuatrimestral X	Cuatrimestre 2º X	SI X NO <input type="checkbox"/>

Atención: Marcar según corresponda con una "x"

OTRAS CARRERAS EN LAS QUE SE DICTA LA MISMA ASIGNATURA

Denominación Curricular	Carreras en que se dicta	Año del Plan de Estudios
1º		
2º		
3º		

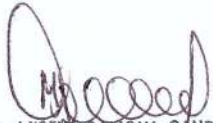
Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
 Secretaria del Consejo Directivo
 FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
 PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
 FCEQyN - UNaM

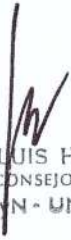


ANEXO RESOLUCION CD N° 170-18

CRONOGRAMA(3)	<p><u>Semana 1:</u> Conceptos básicos en Sistemática Filogenética. <u>Semana 2:</u> Caracteres y establecimiento de homólogas. <u>Semana 3:</u> Método de Máxima Parsimonia y optimización de caracteres. <u>Semana 4:</u> Estrategias de análisis y búsqueda de árboles filogenéticos. <u>Semana 5:</u> Medidas de ajuste y pesado de caracteres. <u>Semana 6:</u> Repaso 1° Parcial <u>Semana 7:</u> 1° Parcial <u>Semana 8:</u> Análisis de datos particionados. <u>Semana 9:</u> Filogenias moleculares. <u>Semana 10:</u> Modelos probabilísticos de evolución. <u>Semana 11:</u> Métodos probabilísticos en reconstrucción filogenética. <u>Semana 12:</u> Filogenómica. <u>Semana 13:</u> Repaso General 2°Parcial. <u>Semana 14:</u> 2°Parcial. <u>Semana 15:</u> Exámenes recuperatorios y cargado de regularidades y promociones en el sistema de la FCEQyN.</p>
FUNDAMENTACION (4)	<p>En la década de 1950 Hennig formula por primera vez un método cuantitativo para reconstruir hipótesis de relaciones evolutivas entre los organismos, sobre una interpretación estrictamente genealógica. Esta propuesta generó una revolución en la biología y actualmente casi ninguna disciplina de las ciencias biológicas puede prescindir de la sistemática para sus interpretaciones evolutivas. Desde la propuesta de Hennig, la Sistemática Filogenética se ha nutrido de una gran cantidad de métodos y estrategias para realizar análisis cada vez más inclusivos y exhaustivos, cambios que también fueron impulsados por el gran desarrollo tecnológico en materia computacional. Finalmente, el aumento exponencial del conocimiento de la biodiversidad, sumado al advenimiento de la secuenciación de ADN produjo una complejización creciente de dichos análisis y constantemente surgen nuevas herramientas para el estudio de la filogenia. Un conocimiento básico sobre los principios que rigen la Sistemática Filogenética, los diferentes métodos que se emplean y las interpretaciones y predicciones de patrones y procesos que estos análisis permiten, son fundamentales en la formación de cualquier estudiante de ciencias biológicas. La presente materia pretende brindar a los alumnos una visión amplia sobre las bases filosóficas y la metodología actualmente utilizada en el desarrollo de las investigaciones de Sistemática Filogenética.</p>



Lic. MIRTA RAMONA GANDUGLIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM



Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº 170-18

OBJETIVOS (5)	<p>a) Comprender la importancia de la ancestralidad común como eje central de la biología evolutiva moderna.</p> <p>b) Entender los conceptos de homología, sus variantes y relevancia para la codificación de caracteres.</p> <p>c) Diferenciar entre caracteres fenotípicos y moleculares y sus métodos de análisis.</p> <p>d) Utilizar herramientas informáticas para la codificación de caracteres, generación de matrices y análisis de datos.</p> <p>e) Entender los conceptos evolutivos y los fundamentos metodológicos que subyacen al análisis filogenético y que permiten el empleo de algoritmos para la reconstrucción de hipótesis en filogenia.</p> <p>f) Destacar la importancia de las hipótesis filogenéticas para el estudio de la evolución de sistemas de caracteres complejos e individuales, la taxonomía de los grupos, así como su aplicabilidad en diversos campos de las ciencias biológicas.</p>
---------------	--

<p>CONTENIDOS MINIMOS (6)</p> <p><i>[Signature]</i> Lic. MIRIYA RAMONA GANDUGLIA Secretaria del Consejo Directivo FCEQYN - UNaM</p> <p><i>[Signature]</i> Dr JOSÉ LUIS HERRERA PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO FCEQYN - UNaM</p>	<p>Generalidades y conceptos básicos de la sistemática filogenética, desarrollo histórico de las clasificaciones taxonómicas. Diseño experimental de un análisis filogenético, importancia del análisis filogenético en un marco apropiado. El concepto de homología, caracteres como base de la interpretación de datos, sistemas de caracteres, caracteres ancestrales y derivados. Interpretación y terminología empleada en los arboles filogenéticos, Sinapomorfías, plesiomorfías, homoplasia; Grupos monofiléticos, parafiléticos, polifiléticos. Generación de matrices de datos, asignación de estados de carácter y su metodología de análisis. Criterios de optimización y bases metodológicas para la generación de hipótesis filogenéticas utilizando Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud y Análisis Bayesiano, consenso y medidas de soporte de grupos. Filogenias Moleculares, variabilidad de secuencias. Alineamiento estático y dinámico de secuencias. Fenómica versus Genómica, una aparente controversia. Metodología de análisis. Análisis filogenómicos, concepto y metodología de análisis. Métodos comparativos como herramientas para probar hipótesis de selección y adaptaciones, modelos evolutivos. Supermatrices y Superárboles.</p>
---	---

<p>CONTENIDOS POR UNIDAD</p> <p><i>[Signature]</i></p>	<p>Primer Cuatrimestre: PROGRAMA ANALÍTICO</p> <p>Unidad 1: Generalidades y conceptos básicos de Sistemática Filogenética: Desarrollo histórico de las clasificaciones taxonómicas. Clasificaciones no jerárquicas y conceptos pre linneanos. Clasificaciones naturales. La taxonomía linneana: taxones y categorías taxonómicas. Clasificación filogenética. Concepto de Rangos equivalentes. Criterios para comparar métodos clasificatorios. Códigos de nomenclatura, conceptos generales y aplicabilidad.</p>
--	---



ANEXO RESOLUCION CD N° 17.0-18

Unidad 2: Caracteres y establecimiento de homologías:

Caracteres como base de la interpretación de datos. Sistemas de caracteres. Desarrollo histórico del estudio de los caracteres morfológicos y su reinterpretación en el marco de la teoría evolutiva. Homología primaria y secundaria. Caracteres y estados. Reconocimiento de homologías primarias. Mecanismos de mantenimiento de las homologías morfológicas. Tipo de caracteres (binarios y multiestado; discretos y continuos), aplicabilidad e interpretación de la variación.

Unidad 3: Máxima Parsimonia y optimización de caracteres:

Terminología y recursos informáticos empleados en la interpretación de hipótesis basadas en máxima parsimonia. Reconstrucciones ancestrales. Eventos de transformación e hipótesis ad-hoc. Criterios de optimalidad. Parsimonia de Wagner, P. de Fitch, P. de Dollo, P. de Camin-Sokal, Parsimonia generalizada. Sinapomorfías, plesiomorfías, homoplasia. Grupos monofiléticos, parafiléticos, polifiléticos. Caracteres informativos. Matrices de costos de transformación. Optimización de caracteres. Tratamiento de ambigüedades, entradas faltantes e inaplicables.

Unidad 4: Diseño experimental de un análisis filogenético,


importancia del análisis filogenético en un marco apropiado. Estrategias de análisis y búsqueda de árboles filogenéticos: Árboles con y sin raíz. Enraizamiento y polaridad de cambios. Selección de grupos externos y diseño experimental e importancia del análisis filogenético. Número de árboles en función de terminales. Búsqueda del árbol más parsimonioso, Búsquedas exactas y heurísticas. Algoritmo de *branch and bound*. Algoritmo de secuencias de adición al azar. Reacomodamientos SPR y TBR. Óptimos locales y globales. Estrategias de búsqueda. El concepto de islas de árboles. Algoritmos para matrices complejas. Criterio de convergencia y de estabilidad del consenso.

Unidad 5: Medidas de ajuste y pesado de caracteres. Consenso y

medidas de soporte: Longitud del árbol. Índice de consistencia (IC), índice de retención (IR), índice de consistencia reescalado (CR), Índice de longitud extra corregida (LEC). Pesado de caracteres a priori y a posteriori. Funciones e implicancias del pesado de caracteres. Pesado sucesivo. Pesos implicados. Representación de múltiples árboles óptimos. Consenso estricto. Sinapomorfías sobre árboles de consenso. Consenso de componentes combinables, consenso de Adams. Consenso de mayoría. Árboles podados. Soportes globales y de ramas individuales. Longitud de ramas. Soporte de Bremer. Métodos de remuestreo *Bootstrap* y *Jackknifing*. Soporte y heterogeneidad metodológica.

Unidad 6: Análisis de datos particionados: Análisis simultáneo y por

particiones. Conflicto entre particiones. Combinación condicional. Señales de interacción. Medidas de congruencia entre árboles y matrices. Índice de distorsión, distancias SPR, ILD (*incongruence length difference*). Test de ILD. Análisis de sensibilidad. Metaoptimalidad: comparando métodos filogenéticos. Análisis de congruencia.


Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM


Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM





ANEXO RESOLUCION CD Nº 170-18

Unidad 7: Filogenias moleculares: Tipos de caracteres. ADN, Aminoácidos, datos genómicos. Bases de datos: uso de Genbank, y NCBI Blast. Genes cloroplásticos, mitocondriales y nucleares, rango taxonómico de utilidad. Árboles de genes y árboles de especies. Homologías y duplicaciones. Genes ortólogos y parálogos. Homología y poliploidía. Hibridación e introgresión. Homología y recombinación genética. Tipos de alineamiento. Alineamiento global y local. Alineamiento visual. Programas de alineamiento: Muscle, Mafft, POY. Métodos de alineamiento por matrices de punto y por similitud. Método de Alineamiento dinámico. Parámetros de penalidad de apertura y extensión de gaps. Los gaps como caracteres filogenéticos. Alineamientos estáticos y dinámicos: método de optimización directa.

Unidad 8: Modelos probabilísticos de evolución: Modelos de evolución molecular (Jukes-Cantor, K2P, F81, HKY85 y GTR). Subestimación por múltiples *hits*. Métodos para la elección de un modelo de evolución molecular. Cálculo de tasas de sustitución nucleotídicas y de distancias evolutivas. Construcción de árboles a partir de matrices de distancias. Análisis de agrupamiento. UPGMA y *Neighbor-Joining*.

Unidad 9: Métodos probabilísticos en reconstrucción filogenética: Máxima verosimilitud. Definición de verosimilitud. Criterio de optimalidad. Test de relación de verosimilitudes. Relojes moleculares, tiempos de divergencia, y calibración. Test de homogeneidad de tasas entre linajes. Análisis Bayesiano. Estadística Bayesiana vs. estadística clásica. Teorema de Bayes. Deducción del teorema de Bayes. Probabilidad objetiva vs. subjetiva. Probabilidad a priori y a posteriori. Funciones continuas. Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC). Períodos *burn in* y estacionarios. Requerimientos para la reconstrucción filogenético bayesiana. Comparación de los distintos métodos de reconstrucción filogenético: ventajas y desventajas. Programas informáticos. Métodos comparativos como herramientas para probar hipótesis de selección y adaptaciones, modelos evolutivos.

Unidad 10: Filogenómica: Definición. Métodos basados en secuencias. Métodos basados en rasgos de genomas enteros. Supermatrices y superárboles. Supermatrices y entradas faltantes. Caracteres de genomas enteros: orden génico, *DNA string*, contenido génico, cambios genómicos raros. Clasificación de los caracteres genómicos en base a la resolución taxonómica y el nivel de homoplasia. Análisis filogenómicos. Fenómica versus Genómica, una aparente controversia.

Lic. MARTA RAMONA GANDOLGIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM

ESTRATEGIAS DE
APRENDIZAJE

El curso constará de dos clases teórico-prácticas semanales y discusiones de trabajos científicos (5-6 hs. semanales). Durante las clases teóricas se expondrán los temas señalados en cada punto, haciendo uso de recursos audio-visuales y pizarrón y remitiendo a ejemplos prácticos y de bibliografía relevante. La clase se desarrollará mediante una dinámica participativa de exposición y preguntas, y se finalizará con la discusión de artículos seleccionados (aportados por la cátedra o sugeridos por los alumnos). Las prácticas se basarán fundamentalmente en: a) el análisis de



ANEXO RESOLUCION CD Nº 170-18

	<p>ejemplos teóricos dirigidos a mostrar diferentes aspectos de los programas empleados, b) en comprender las principales diferencias entre las distintas propuestas metodológicas revisadas, c) en preparar y sintetizar diferentes sistemas de información y realizar diferentes tipos de análisis, y d) discutir los resultados obtenidos. Dado el énfasis en la aplicación práctica de las metodologías filogenéticas se necesitará obligadamente del uso de computadoras, idealmente uno a dos alumnos por computadora, por lo cual se dispondrán los recursos disponibles en la sala de informática de la FCEQyN. Toda la bibliografía, el material de los trabajos prácticos y todos los avisos de la cátedra se suministrarán y comunicarán a través del aula virtual. Las clases de consultas servirán para evacuar dudas y consultas, así como para proporcionar material impreso y/o adicional a solicitud de los alumnos.</p>
SISTEMA DE EVALUACION (7)	<p>La evaluación de los alumnos se realizará a través de exámenes y de la participación en clases.</p> <p>Se tomarán dos (2) exámenes parciales teórico-prácticos, orales o escritos, de los temas desarrollados y sus respectivos recuperatorios. El examen de TP se aprueba alcanzando el 50% de las respuestas correctas, mientras que la teoría se aprueba alcanzando o superando el 70% del examen.</p> <p>La Evaluación Final constará de un examen oral para los/las Alumnos/as Regulares con TP promocionados y un examen escrito seguido de un examen oral para los/las Alumnos/as Libres.</p>


Lic. MIRTA RAMONA GANDUGLIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

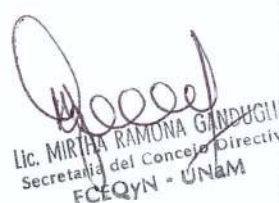

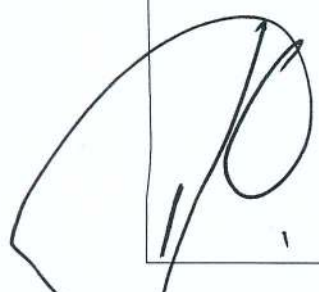

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM





ANEXO RESOLUCION CD N° 17.0-18

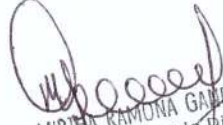
<p>REGLAMENTO DE CÁTEDRA (8)</p>	<p>El dictado de la materia se llevará a cabo siempre y cuando se encuentren inscriptos al menos 5 alumnos. Para cursar la materia deben ser alumnos regulares de la asignatura Evolución y tener aprobada la asignatura Inglés Técnico. Para aprobar deben tener la asignatura Evolución aprobada.</p> <p>La cátedra reconoce tres tipos de alumnos:</p> <ol style="list-style-type: none">1- Alumnos/as Regulares Con TP aprobados: aquellos/as que posean al menos el 80% de asistencia a las clases prácticas aprueben con al menos el 50% ambos exámenes parciales.2- Promoción: aquellos/as que posean al menos el 80% de asistencia a las clases prácticas aprueben con al menos el 70% ambos exámenes parciales.3- Alumnos/as libres: No cumplen con los requisitos del punto 1. Rendirán examen escrito y de aprobar pasarán al oral.
----------------------------------	--

<p>BIBLIOGRAFIA OBLIGATORIA (9)</p> <p> Lic. MIRTZA RAMONA GANDUGLIA Secretaria del Consejo Directivo FCEQYN - UNaM</p> <p> Dr. JOSÉ LUIS HERRERA PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO FCEQYN - UNaM</p> <p></p>	<p><u>Bibliografía General:</u></p> <ul style="list-style-type: none">• Bleidorn C. 2017. Phylogenomics: An Introduction. 1st Ed. Kindle Edition.• Brooks D., J. Caira, T. Platt & M. Pritchard. 1984. Principles and methods of phylogenetic systematics: A cladistics workbook.• De Salle R., G. Giribet & W. Wheeler. 2002. Molecular Systematics and Evolution. Theory and Practice. Basel: Birkhäuser Verlag.• DeSalle R. & Jeffrey A. Rosenfeld. 2013. Phylogenomics: A Primer. New York. Garland Science. xiv+338 pp. ISBN 978-0-8153-4211-3.• Felsenstein J. 2004. Inferring Phylogenies.• Forey et. al. 1992. Cladistics: a practical course in systematics.• Goloboff P. 1998. Principios básicos de cladística. Sociedad Argentina de Botánica, Buenos Aires.• Goloboff P.A., J. Farris & K. Nixon. 2008. TNT, a Free Program for Phylogenetic Analysis. <i>Cladistics</i> 24:774–786.• Harvey P.H. & M.D. Pagel. 1991. The Comparative Method in Evolutionary Biology. Oxford University Press, Oxford and New York. 239 pp.• Hennig W. 1962. Elementos de una sistemática filogenética. EUDEBA, Buenos Aires.• Hillis D.M., C. Moritz & B. Mable. (Eds.). 1996. Molecular Systematics. Second Edition. Sinauer Associates, Inc.• Kimura M. 1983. The neutral theory of molecular evolution. Cambridge University Press.• Lemey P.M. Salemi. & A.M. Vandamme (Eds.). 2009. The phylogenetic handbook: A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. Cambridge: Cambridge University Press. 430 p.• Mayr E. 1982. The growth of biological thought: diversity, evolution and inheritance, Cambridge, MA: Harvard University Press. 974 pp.
--	---

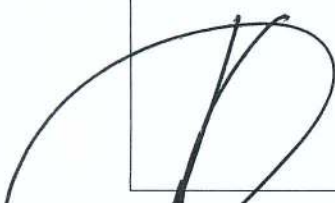


ANEXO RESOLUCION CD Nº 170-18

	<ul style="list-style-type: none">• Mayr E. 1991. One long, argument, Charles Darwin and the genesis of modern evolutionary thought. Harvard University Press, Cambridge. 224 pp.• Nelson G. & N. Platnick. 1981. Systematics and biogeography: cladistics and vicariance. Columbia Univ. Press.• Sober E. 1988. Reconstructing the past: parsimony, evolution, and inference.• Wheeler W. 2012. Systematics: A Course of Lectures.• Wiley E. 1981. Phylogenetics: The theory and practice of phylogenetic systematics. New York: Wiley Interscience.• Wiley E., D. Siegel-Causey, D. Brooks & V. Funk. 1991. The complete cladist: a primer of phylogenetic procedures.
BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTARIA	<ul style="list-style-type: none">• Adams E.N. 1972. Consensus techniques and the comparison of taxonomic trees. <i>Syst Zool</i> 21:390-397.• Archibald J.D. 1994. Metataxon concepts and assessing possible ancestry using Phylogenetic Systematics. <i>Syst Biol</i> 43:27-40.• Bremer K. 1990. Combinable component consensus. <i>Cladistics</i> 6:369-372.• Bromham L. 2009. Why do species vary in their rate of molecular evolution? <i>Biol Letters</i> 5:401-404.• Bryant D., N. Galtier & M.A. Poursat. 2005. Likelihood calculation in molecular phylogenetics. Oxford, New York: Oxford University Press. pp. 33-58.• Camin J.H. & R.R. Sokal. 1965. A method for deducing branching sequences in phylogeny. <i>Evolution</i> 19:311-326.• Castresana J. 2000. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. <i>Mol Biol Evol</i> 17:540-552.• de Pinna M.G.G. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. <i>Cladistics</i> 7:367-394.• De Queiroz K. 1994. Replacement of an essentialistic perspective on taxonomic definitions as exemplified by the definition of "Mammalia". <i>Syst Biol</i> 43:497-510.• dos Reis M., J. Inoue, M. Hasegawa, R.J. Asher, P.C.J. Donoghue & Z. Yang. 2012. Phylogenomic datasets provide both precision and accuracy in estimating the timescale of placental mammal phylogeny. <i>Proc Roy Soc, Biol Sc</i> 279:3491-3500.• Drummond A.J., S.Y.W. Ho, M.J. Phillips, & A. Rambaut. 2006. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. <i>PLoS Biol</i>. 4:88.• Eisen J.A. 1998. Phylogenomics: improving functional predictions for uncharacterized genes by evolutionary analysis. <i>Gen Res</i> 8:163-167.• Farris J.S. 1969. A successive approximations approach to character weighting. <i>Syst Zool</i> 18:374-385.• Farris J.S. 1977. Phylogenetic analysis under Dollo's Law. <i>Syst Zool</i> 26:77-88.• Farris J.S. 1982. Outgroups and parsimony. <i>Syst. Zool.</i> 31: 328-334.• Farris J.S. 1989a. The retention index and homoplasy excess. <i>Syst Zool</i> 38:406-407.• Farris J.S. 1989b. The retention index and the rescaled consistency index. <i>Cladistics</i> 5:417-419.• Farris, J.S. 1972. Estimating phylogenetic trees from distance matrices. <i>Am Nat</i> 106:645-668.• Felsenstein J. 1978b. The number of evolutionary trees. <i>Syst Zool</i>


Lic. MIRIAM RAMONA GANDUGLIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM


Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM





ANEXO RESOLUCION CD Nº

170-18

27:27-33.

- Felsenstein J. 1981. Evolutionary trees from dna sequences: a maximum likelihood approach. *J Mol Evol* 17:368-376.
- Felsenstein J. 1984. The statistical approach to inferring phylogeny and what it tells us about parsimony and compatibility. *En Cladistics: Perspectives on the reconstruction of evolutionary history*, ed. T. Duncan and T.F. Stuessy, 169-191. New York: Columbia Univ. Press. 169-191.
- Felsenstein J. 1985. Phylogenies and the comparative method. *Am Nat* 125(1):1-15.
- Fitch W.M. 1971. Toward defining the course of evolution: minimal change for a specific tree topology. *Syst Zool* 20:406-416.
- Hastings W.K. 1970. Monte carlo sampling methods using markov chains and their applications. *Biometrika* (57)1:97-109.
- Hendy M.D. & D. Penny. 1982. Branch and bound algorithms to determine minimal evolutionary trees. *Mathem Biosc* 59:277-290.
- Holder M. & P.O. Lewis. 2003. Phylogeny estimation: traditional and bayesian approaches. *Nat Rev Genet* 4:275-284.
- Huelsenbeck J.P. & K.A. Crandall. 1997. Phylogeny estimation and hypothesis testing using maximum likelihood. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 28(1):437-466.
- Jeffroy O., H. Brinkmann, F. Delsuc & H. Philippe. 2006. Phylogenomics: the beginning of incongruence? *Trends Genet.* 22(4):225-31.
- Kitching I.A., P.L. Forey, C.J. Humphries & D.M. Williams. 1998. *Cladistics: The Theory and Practice of Parsimony Analysis*. Oxford University Press Inc., New York. 228 pp.
- Kluge A.G. & J.S. Farris. 1969. Quantitative phyletics and the evolution of anurans. *Syst. Zool.* 18:1-32.
- Kosakovsky S.L., A.F.Y. Poon, W. Frost & D. Simon. 2009. *Estimating selection pressures on alignments of coding sequences*, second edition ed. New York: Cambridge University Press, pp. 419-490.
- Lanfear R., B. Calcott, S.Y. Ho & S. Guindon. 2012. Partitionfinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Mol. Biol. Evol.* 29(6):1695-701.
- Lanyon S.M. 1983. Phylogenetic frameworks: towards a firmer foundation for the comparative approach. *Biol. J. Lin. Soc.* 49:45-61.
- Le Quesne W.J. 1982. Compatibility analysis and its application. *Zool. J. Linn. Soc.* 74:267-275.
- Lemey P. & D. Posada. 2009. *Molecular clock analysis*, second edition ed. New York: Cambridge University Press. pp. 362-377.
- Maddison D.R. 1991. The discovery and importance of multiple islands of most-parsimonious trees. *Syst. Zool.* 40:315-328.
- Maddison W.P. & D.R. Maddison. 2018. Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 3.40. <http://mesquiteproject.org>
- Maddison W.P., M.J. Donoghue & D.R. Maddison. 1984. Outgroup analysis and parsimony. *Syst. Zool.* 33: 83-103.
- Mayr E. 1978. "Origin and history of some terms in systematic and evolutionary biology", *Syst. Zool.* 27(1):83-88.
- Meacham C.A. & G.F. Stabrook. 1985. Compatibility methods in systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 16:431-446.
- Miyamoto M.M. 1985. Consensus Cladograms and general

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUETA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM


Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM


ANEXO RESOLUCION CD Nº

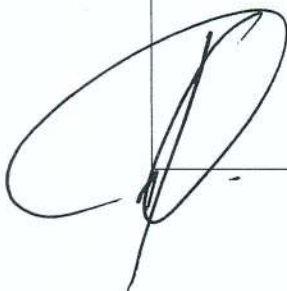
170-18

classifications. *Cladistics* 1:186–189.

- Mijkevich M.F. 1978. Taxonomic congruence. *Syst. Zool.* 27:143–158.
- Neff, N.A. 1986. A rational basis for a priori character weighting. *Syst. Zool.* 35(1):110–123.
- Nei M. & S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Nylander J.A., J.C. Wilgenbusch, D.L. Warren & D.L. Swofford. 2008. Awty (are we there yet?): A system for graphical exploration of mcmc convergence in bayesian phylogenetics *Bioinformatics* 24(4):581–583.
- Page R.D.M. & E.C. Holmes. 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd., London, Cambridge. 346 pp.
- Page R.D.M. (Ed.) 2002. *Tangled Trees: Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution*. University of Chicago Press, Chicago.
- Patterson C. 1982. Morphological characters and homology, En Joysey K.A. & Friday A.E. *Problems in Phylogenetic Reconstruction, Systematics*. Association Special Volume 21, London: Academic Press.
- Patterson C. 1988. Homology in classical and molecular biology", *Mol. Biol. Evol.* 5(6):603–625.
- Patterson C. 1988. Homology in classical and molecular biology. *Mol. Biol. Evol.* 5(6):603–625.
- Philippe H., Delsuc F., Brinkmann H. & N. Lartillot. 2005. Phylogenomics. *Ann. Rev. Ecol. Syst. Evol.* 36: 541–562.
- Philippe H., E.A. Snell, E. Baptiste, P. López, P.W. Holland & D. Casane. 2004. Phylogenomics of eukaryotes: impact of missing data on large alignments. *Mol. Biol. Evol.* 21(9):1740–52.
- Posada D. & T.R. Buckley. 2004. Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of akaike information criterion and bayesian approaches over likelihood ratio tests. *Syst. Biol.* 53(5):793–808.
- Posada D. 2008. Jmodeltest: phylogenetic model averaging. *Mol. Biol. Evol.* 25(7):1253–1256.
- Ronquist F., P. van der Mark, & J.P. Huelsenbeck. 2009. *Bayesian phylogenetic analysis using MrBayes, Second Edition* Ed. New York: Cambridge University Press, pp. 210–266.
- Sanderson M.J. 1997. Nonparametric approach to estimating divergence times in the absence of rate constancy. *Mol. Biol. Evol.* 14:1218–1231.
- Sankoff D. & R.J. Cedegren. 1983. Simultaneous comparison of three or more sequences related by a tree. In *Time warps, string edits and macromolecules: the theory and practice of sequence comparison* (ed. D. Sankoff & J.B. Kruskall) pp. 253–263.
- Sankoff D. 1975. Minimal mutation trees of sequences. *SIAM J. App. Mathem.* 21:35–42.
- Savory T. 1970. *Animal Taxonomy*. Heinemann Educational, London, 101 pp.
- Schmidt H.A. & A. von Haeseler. 2009. Phylogenetic inference using maximum likelihood methods. En: *The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*, Lemey P., M. Slemi & A.M. Vandamme (Eds.). Cambridge University Press.
- Schuh R. T. 2000. *Biological systematics: principles and applications*.


Lic. MIRTHA RAMONA GANDUCHIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM


Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº 17.0-18

	<p>New York: Cornell University Press.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Schuh Randall T. & Brower, Andrew V.Z. (2009), <i>Biological Systematics: Principles and Applications</i> (2nd ed.), Cornell University Press. 328 pp. • Simpson G.G. 1961. <i>Principles of Animal Taxonomy</i>. Columbia Univ. Press., New York, 247 pp. • Sjölander K. 2004. Phylogenomic inference of protein molecular function: advances and challenges. <i>Bioinformatics</i> 20(2):170–9. • Sneath P.H.A. & R.R. Sokal. 1973. <i>Numerical Taxonomy</i>. W.H. Freeman and Company. San Francisco. • Sokal R.R. & P.H.A. Sneath. 1963. <i>Principles of Numerical Taxonomy</i>. W.H. Freeman and Company. San Francisco. 573 pp. • Swiderski D.L., Zelditch M.L. & W.L. Fink. 1998. Why morphometrics is not special: coding quantitative data for phylogenetic analysis. <i>Syst. Biol.</i> 47(3):508–19. • Swofford D.L. & G.J. Olsen. 1990. Phylogeny reconstruction. Pages 411–501. En D.M. Hillis & C. Moritz (Ed.), <i>Molecular Systematics</i> (Sinauer Associates: Sunderland, Massachusetts). • Swofford D.L. 1991. When are phylogeny estimates from morphological and molecular data incongruent? Pages 295–333. En Miyamoto M.M. & J. Cracraft (Ed.), <i>Phylogenetic Analysis of DNA Sequences</i> (Oxford University Press: New York). • Swofford D.L., G.J. Olsen, P.J. Waddell, & D.M. Hillis. 1996. Phylogenetic inference. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates. pp. 407–514. • Swofford, D.L. 2002. PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods). Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, MA. • Thorne J.L., H. Kishino & I.S. Painter. 1998. Estimating the rate of evolution of the rate of molecular evolution. <i>Mol. Biol. Evol.</i> 15(12):1647–1657. • Wagner G.P. 2014. Homology, Genes, and Evolutionary Innovation. Princeton University Press. 467 pp. • Wartous L.E. & Q.D. Wheeler. 1981. The outgroup comparison method of character analysis. <i>Syst. Zool.</i> 30:1–11.
--	--

III...

- (1) Carga horaria debe corresponderse al plan de estudios vigente.
- (2) Se debe colocar el cargo y dedicación completo. Entre paréntesis aclarar si tiene afectación a la asignatura, como dedicación semiexclusiva o simple dedicación.
- (3) Distribución del Dictado, consignar la distribución por semana.
- (4) Se prevé la justificación de la asignatura dentro del plan y fundamentación epistemológica de la ciencia y disciplina. Enunciar su relación con otras y sus aportes al perfil del egresado que se quiere lograr.
- (5) Iniciar con un verbo en infinitivo y con acciones demostrables.
- (6) Se debe detallar los contenidos mínimos que figuran en el plan de estudios.

Lic. MIRTHA RAMONA GONDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



170-18

ANEXO RESOLUCION CD Nº

----- VISTO, el programa presentado por el/la Profesor/a

.....
Dr. DOMINGO J. LIOTTA
.....

de la Asignatura:

..... SISTEMATICA FILOGENETICA
.....

correspondiente a la Carrera:

..... LICENCIATURA EN GENETICA
.....

y habiendo evaluado los siguientes ítems:

Ítem considerado	Observaciones
Plan de estudio, año que se dicta, porcentaje de práctica y teoría	EN CONFORMIDAD
Equipo de cátedra	ACORDE
Fundamentación	ACORDE
Objetivos	ACORDE
Contenidos mínimos y por unidad	ACORDE
Estrategias de aprendizaje	ACORDE
Sistema de evaluación	ACORDE
Reglamento de cátedra	ACORDE
Bibliografía	ACORDE

Reglamentación de consulta, para evaluación de cada ítem: Reglamento de Enseñanza, Resolución de aprobación del plan de estudios vigente, Criterios de acreditación de la CONEAU

Lic. MIRTNA RAMONA GANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM

Este Consejo Departamental APRUEBA el presente Programa, que consta de

.....
Fojas, a los 21 días del mes de Marzo de 2018

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM

Por el CONSEJO DEPARTAMENTAL(*)

Firma y Aclaración

(*) tres firmas del Consejo Departamental.

Dra. Barrandegus
M. Eugenie

Dra. M.V. Garcia

Dr. JULIO R. DAVINA
Director
Departamento de Genética
FCEQYN - UNaM