



Santiago del Estero, 2 de Octubre del 2013. -

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

Ref: Actuaciones N° 885/2013.-

Asunto: *Aprueba dictado del curso de posgrado "Sistemática Molecular y sus Aplicaciones en Biología Evolutiva".-*

**VISTO:**

Las actuaciones de referencias presentadas por la **Doctora Ana María Anton**, Directora del Centro de Investigaciones y Transferencia de Santiago del Estero; y

**CONSIDERANDO:**

Que mediante la misma eleva propuesta para el dictado del curso de Posgrado "**Sistemática Molecular y sus Aplicaciones en Biología Evolutiva**" cuyo programa figuran como Anexos de la presente Resolución.

Que el mencionado curso será dictado entre los días 28 de octubre al 1 de noviembre del corriente año en la Facultad de Agronomía y Agroindustrias y estará dirigido a profesionales y/o estudiantes de posgrado vinculados a las ciencias biológicas.

Que se cuenta con la intervención y aprobación del Asesor del área de Vinculación, Transferencia y Extensión, **Ingeniero Gilles Ayrault**, quien consigna en su providencia que por tratarse de un Curso de Posgrado, se exime del pago de gastos de administración (20 %) de Fondos Especiales para el Desarrollo Institucional (FEDI).

Que la actividad se realizará de acuerdo con la Resolución H.C.S. N° 64/97, como oferta permanente, a través de la **Unidad Ejecutora Posgrado**, bajo la **Dirección del Doctor José Francisco Maidana** y la **Responsabilidad Técnica del Servicio del Ingeniero Alberto Oscar Morales**.

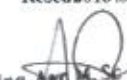
Que el tema ha sido considerado en sesión Ordinaria de este Cuerpo, de fecha 1 de Noviembre del 2013, resolviéndose en consecuencia: **Por ello:**

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE AGRONOMÍA Y AGROINDUSTRIAS  
RESUELVE**

**ARTICULO 1.-** AUTORIZAR el dictado del curso de Posgrado: "**Sistemática Molecular y sus Aplicaciones en Biología Evolutiva**", a través de la **Unidad Ejecutora Posgrado** bajo la **Dirección del Doctor José Francisco Maidana** y la **Responsabilidad Técnica del Ingeniero Alberto Oscar Morales**, en un todo de acuerdo a los considerandos que anteceden y al Programa que figura en los ANEXO I y II de la presente Resolución.

**ARTICULO 2.-** COMUNICAR y dar copia al Área de Posgrado, Área de Ciencia y Técnica; Área de Vinculación y Transferencia y a la oficina de Vinculación Tecnológica de la UNSE. Cumplido, archivar.

SMG/smg.-  
Rescd2013/083-13.-

  
Ing. Agr. M. Sc. Lidia S. Albanesi  
SECRETARIA  
Ciencia, Técnica y Posgrado  
FAA UNSE

  
Ing. Agr. Jose Manuel Salgado  
DECANO  
Facultad de Agronomía y Agroindustrias  
U.N.S.E.

Santiago del Estero, 2 de Octubre del 2013. -

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

**A N E X O I**  
**CURSO DE POSGRADO**  
**SISTEMÁTICA MOLECULAR Y SUS APLICACIONES EN**  
**BIOLOGÍA EVOLUTIVA**

**Docente Coordinador**

Doctora Ana Anton (Directora CITSE-UNSE)

**Docente Responsable**

Doctora Victoria Sosa

**Colaboradores**

Lic. Leonardo David Amarilla  
Señora Marta Viviana García

**Lugar:**

Aula 7. Facultad de Agronomía y Agroindustrias, Universidad Nacional de Santiago del Estero,  
Avenida Belgrano (s) N° 1912

**Fecha programada:** 28 de Octubre al 1 de Noviembre

**Duración del Curso:** 40 horas

**Distribución Horaria:**

Desarrollo de actividades Teóricas: 25 hs.  
Desarrollo de actividades Prácticas: 15 hs.

**Metodología:**

**Las clases teóricas serán expositivas y participativas:** Sobre las bases teóricas para cada tópico propuesto y considerando trabajos científicos recientemente publicados se presentarán y discutirán los principales conceptos y sus aplicaciones. Se fomentará la participación activa de los alumnos.

**Las clases prácticas serán participativas:** Cada alumno desarrollará aptitudes para el manejo de los programas de cómputo más utilizados en biología evolutiva. Para esto, los docentes entregarán un archivo con los programas de cómputo y las matrices sobre las que se ensayarán los análisis y los alumnos deberán asistir a las clases con su notebook o netbook.

**Destinatarios**

Graduados en Ciencias Biológicas, Ingeniería Forestal, Agronomía y carreras afines

**Arancel:**

Alumnos de posgrado, becarios e investigadores UNSE \$ 600

**Cupo:** mínimo 20 inscriptos  
Máximo 35 inscriptos



Ing. Agr. Jose Manuel Salgado  
DECANO  
Facultad de Agronomía y Agroindustrias  
U. N. S. E.

Santiago del Estero, 2 de Octubre del 2013. -

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

**Fines y Objetivos:**

El reciente auge en la obtención y uso de datos moleculares para el estudio de la historia evolutiva de los organismos ha llevado al desarrollo de novedosas metodologías para obtener un máximo de información a partir las secuencias de DNA. Esto en conjunto con varios métodos de reconstrucción filogenética tales como parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia bayesiana hace imperativo que los alumnos de posgrado conozcan la teoría y sus aplicaciones en la sistemática filogenética. Más aún es necesario que también conozcan las bases conceptuales y metodológicas para la datación de linajes y para los estudios biogeográficos usando caracteres moleculares.

La presente propuesta pretende, brindar las herramientas para que los alumnos puedan comprender las bases conceptuales de métodos de inferencia filogenética y de datación de tiempos de divergencia, así como de métodos biogeográficos con datos moleculares. Conocer las ventajas, desventajas y alcances de estos métodos y aprender las bases para el uso de los programas de cómputo que los implementan.

**Contenidos Mínimos**

1. Moléculas y morfología. El diseño de un estudio molecular.
2. Genomas (nuclear, mitocondrial, de cloroplasto)
3. Homología molecular
4. Secuencias de ADN
5. Métodos de reconstrucción filogenética (parsimonia, máxima verosimilitud, inferencia bayesiana).
6. Diferentes tipos de relojes moleculares
7. Introducción a la biogeografía
8. Evolución de caracteres

**PROGRAMA ANALÍTICO DEL CURSO**

**Objetivo general**

Brindar las herramientas para que los alumnos puedan comprender las bases conceptuales de métodos de inferencia filogenética y de datación de tiempos de divergencia, así como de métodos biogeográficos con datos moleculares. Conocer las ventajas, desventajas y alcances de estos métodos y aprender las bases para el uso de los programas de cómputo que los implementan.

**Objetivos particulares**

Leer críticamente la literatura sobre estudios filogenéticos moleculares.

Conocer los principales métodos de uso de filogenias moleculares: biogeográficos, evolución de hábitats, evolución de caracteres, etc.

Conocer cuáles son los programas de cómputo más importantes en parsimonia, máxima verosimilitud, inferencia bayesiana, datación, e igualmente los principales métodos de biogeografía y evolución de hábitats y caracteres.


Ing. Agr. Jose Manuel Saigado  
DECANO  
Facultad de Agronomía y Agroindustrias  
U. N. S. E.

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

**Programa**

1. **Moléculas y morfología.** El diseño de un estudio molecular.  
Tipos de datos moleculares utilizados, introducción y manejo de GenBank. El diseño de un estudio molecular. Tipos de datos morfológicos, selección de caracteres morfológicos, aspectos metodológicos. Análisis de caracteres cualitativos (de la morfología externa) y caracteres cuantitativos (morfometría).
2. **Genomas** (nuclear, mitocondrial, de cloroplasto)  
Estructura y complejidad del genoma eucariota. Composición nucleotídica. Origen de la variación genética.  
Tasas de mutación. Evolución y características de los genomas; nuclear, cloroplastidial y mitocondrial. Origen y evolución de organelas.
3. **Homología molecular**  
Modelos de evolución molecular. Distribución gamma. Homología. Genes ortólogos, parálogos, xenólogos: conceptos e influencias en alineamiento de secuencias y las estimaciones filogenéticas
4. **Secuencias de ADN**  
Construcción de matrices moleculares, concatenación y combinación. Alineamiento de secuencias de ADN usando BioEdit y Muscle. Manipulación de matrices moleculares. Búsqueda de modelos de evolución molecular usando jModeltest..
5. **Métodos de reconstrucción filogenética** (parsimonia, máxima verosimilitud, inferencia bayesiana).  
Métodos de reconstrucción de árboles filogenéticos. Criterios de optimalidad: máxima parsimonia, distancia, maximum likelihood, análisis bayesiano. Interpretación de filogenias, inconsistencia. Long Branch Attraction. Bootstrap, Decay index. CI index. Incongruencias filogenéticas. Medidas soporte, bootstrap, jackknife y bremmer. Árboles consenso. Los programas más comunes para cada método: TNT, GARLI, RAxML, MrBayes.
6. **Diferentes tipos de relojes moleculares**  
Conceptos teóricos y práctica de reloj molecular, Reloj molecular estricto y reloj molecular relajado. Estrategias de calibración, inclusión de fósiles. Datación en BEAST.
7. **Introducción a la biogeografía**  
Biogeografía histórica. Vicarianza, Dispersión, Expansión: Barreras y aislamiento. Áreas ancestrales. Principales programas y utilización de RASP.
8. **Evolución de caracteres**  
Conceptos y optimización. Estudio de los estados ancestrales de los caracteres, dirección de la diversificación y tasa de cambio evolutivo. Principales programas y utilización de Mesquite
9. **Sistemática y conservación**  
Aplicaciones de la Sistemática filogenética. Diversidad filogenética y Áreas de endemismo: Conceptos e implicancias en la conservación.

**Bibliografía**

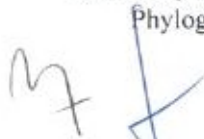
- Alfaro, M.E., Zoller, S., Lutzoni, F. 2003. Bayes or Bootstrap? A simulation study Comparing the performance of bayesian markov chain monte carlo sampling and bootstrapping in assessing phylogenetic confidence. *Molecular Biology and Evolution* 20: 255-266.
- Avice, J.C. 2009. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*. 36: 3-15.
- Barton, N.H., Wilson, I.1995. Genealogies and geography. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 349:49-59.
- Bergsten, J. 2005. A review of long-branch attraction. *Cladistics*, 21: 163-193



Ing. Agr. Jose Manuel Salgado  
DECANO  
Facultad de Agronomía y Agroindustrias  
U.N.S.E.


**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

- Chippindale, P.T., Wiens, J.J. 1994. Weighting, partitioning, and combining characters in phylogenetic analysis. *Systematic Biology* 43: 278-287.
- Clement, M., Posada, D., Crandall, K.A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9: 1657-1659.
- Cummings, M.P., Otto, S.P., Wakeley, J. 1995. Sampling properties of DNA sequence data in phylogenetic analysis. *Molecular Biology and Evolution* 12: 814-822.
- Drummond, A.J., Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7: 214.
- Drummond, A.J., Suchard, M.A. 2010. Bayesian random local clocks, or one rate to rule them out. *BMC Biology* 8: 114.
- Dupanloup, I., Schneider, S., Excoffier, L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, 11: 2571-2581.
- Eklom R., Galindo J. 2011. Applications of next generation sequencing in molecular ecology of non-model organisms. *Heredity* 107:1-15.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131: 479-491.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S. 2005. Arlequin (version 3): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47-50.
- Farris, J.S., Källersjö, M., Kluge, A.G., Bult, C. 1994. Testing significance of incongruence. *Cladistics*. 10: 315-319.
- Felsenstein, J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *Journal of Molecular Evolution*. 17: 368-376.
- Felsenstein, J. (1989) PHYLIP – Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics*, 5: 164-166.
- Goloboff, P.A., Farris, J.S. Nixon, K.C. 2008. TNT a free program for phylogenetic analysis. *Cladistics* 24: 774-786.
- Graybeal, A. 1998. Is it better to add taxa or characters to a difficult phylogenetic problem? *Systematic Biology* 47: 9-17
- Hickerson, M.J., Carstens, B.C., Cavender-Bares, J., Crandall, K.A., Graham, C.H., Johnson, J.B., Rissler, L., Victoriano, P.F., Yoder, A.D., 2010. Phylogeography's past, present, and future: 10 years after *Avise*, 2000. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54: 291-301.
- Huelsenbeck, J.P., Crandall, K.A. 1997. Phylogeny estimation and hypothesis testing using maximum likelihood. *Annual Review in Ecology and Systematics* 28: 437-466.
- Huelsenbeck, J.P., Larget, B., Miller, R.E., Ronquist, F. 2002. Potencial applications and pitfalls of Bayesian inference of phylogeny. *Systematic Biology*. 51: 673-688.
- Inoue, J., Donoghue, P.C.J., Yang, Z. 2010. The Impact of the Representation of Fossil Calibrations on Bayesian Estimation of Species Divergence Times. *Systematic Biology*. 59:74-89
- Johnson, J.B., Omland, K.S. 2003. Model selection in ecology and evolution. *Trends in Ecology and Evolution*. 19: 101-108.
- Kelchner, S.A., Thomas, M.A. 2007. Model use in phylogenetics: nine key questions. *Trends in Ecology and Evolution*. 22: 87-94.
- Kolaczowski, B., Thornton, J.W. 2004. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. *Nature*. 431: 980-984.
- Lanfear, R., Welch, J.J., Bromham, L. 2010. Watching the clock: Studying variation in rates of molecular evolution between species. *Trends in Ecology and Evolution*. 25: 495-503
- Lemmon, A.R., Moriarty, E.C. 2004. The importance of proper model assumption in Bayesian Phylogenetics. *Systematic Biology*. 53: 265-277.

  
Ing. Agr. Jose Manuel Salgado  
DECA  
Facultad de Agronomía Agroindustrias  
UNSE

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 083 /13.-**

- Maddison, W.P., Maddison, D.R. 2011. Mesquite: A modular system for evolutionary analysis, version 2.75. <http://mesquiteproject.org>.
- Manni, F., Guérard, E., Heyer, E. 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by using Monmonier's algorithm. *Human Biology*. 76: 173-190.
- Nabholz, B., Glemin, S., Galtier, N. 2008. Strong variations of mitochondrial mutation rate across mammals—the longevity hypothesis. *Molecular Biology and Evolution* 25: 120-130
- Nei, M., Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. New York: Oxford University Press. (En Biblioteca).
- Nixon, K. C. 1999-2002. WinClada ver. 1.0000 Published by the author, Ithaca, NY, USA.
- Page, R.D.M., Holmes, E.C. 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Oxford: Blackwell Science; OpenURL (en pdf)
- Piontkivska, H. 2004. Efficiencies of maximum likelihood methods of phylogenetic inferences when different substitution models are used. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 31: 865-873.
- Posada, D. 2001. The effect of branch length variation on the selection of models of molecular evolution. *Journal of Molecular Evolution*. 52: 434-444.
- Posada, D. 2008. jModelTest: Phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*. 25: 1253-1256.
- Rambaut, A., Drummond, A.J. 2009. Tracer, version 1.5. <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.
- Rambaut, A. 2002. Se-AL Sequence Alignment Editor, v2.0a11. Department of Zoology, University of Oxford, Oxford.
- Rokas, A., Carroll, S.B. 2005. More genes or more taxa? The relative contribution of gene number and taxon number to phylogenetic accuracy. *Molecular Biology and Evolution*. 22: 1337-1344.
- Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*. 19: 1572-1574.
- Rosenberg, N.A., M. Nordborg. 2002. Genealogical trees, coalescent theory and the analysis of genetic polymorphisms. *Nature Reviews*. 3: 380-390.
- Simmons, M.P., Ochoterena, H. 2000. Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology* 49: 369-381.
- Smith, S.A., Donoghue, M.J. 2008. Rates of molecular evolution are linked to life history in flowering plants. *Science* 322: 86-89
- Swofford, D. L. 2002. PAUP\*: phylogenetic analysis using parsimony (\*and other methods). Sinauer, Sunderland, Massachusetts, USA.
- Stamatakis, A., Hoover, P., Rougemont, J. 2008. A rapid bootstrap algorithm for the RAXML web-servers. *Systematic Biology*. 75: 758-771.
- Whelean, S., Lió, P., Goldman, N. 2001. Molecular phylogenetics: state-of-the-art methods for looking into the past. *Trends in Genetics* 17: 262-272
- Wortley, A. H. and R. W. Scotland. 2006. The effect of combining molecular and morphological data in published phylogenetic analyses. *Systematic Biology* 55: 677-685.
- Yu, Y., Harris, A.J., He, X.J. 2010. S-DIVA (Statistical Dispersal- Vicariance Analysis): A tool for inferring biogeographic histories. *Molec. Phylogen. Evol.* 56: 848-850.
- Yu, Y., Harris, A.J., He, X.J. 2011. RASP (Reconstruct Ancestral State in Phylogenies), version 2.0.1.0. <http://mnh.scu.edu.cn/soft/blog/RASP>.



Ing. Agr. Jose Manuel Salgado  
DECANO  
Facultad de Agronomía y Agroindustrias  
UNSE

Santiago del Estero, 2 de Octubre del 2013. -

RESOLUCION C.D. F.A.A. N°

**082**/13.-

A N E X O II

ACTIVIDAD	SOP	X	SE	PROYECTO	CURSO DE POSGRADO
<b>UNIDAD ACADEMICA: Facultad de Agronomía y Agroindustrias</b>					
<b>Unidad Ejecutora : POSGRADO</b>				<b>Director: Dr. José Francisco Maidana Responsable Técnico: Ing. Oscar Alberto Morales</b>	
<b>NOMBRE DE LAS ACTIVIDADES: Curso de Posgrado: “Bases y Aplicaciones de la Espectroscopia de Impedancia Electroquímica”</b>					<b>Código:</b>
<b>AUTORIZADA POR</b>					
<b>INSTANCIA</b>		<b>CDFAA</b>		<b>CAT</b>	
		Res. CDFAA N° 082/13 Fecha: 02/10/13			
<b>RUBROS</b>				<b>PRESUPUESTO (\$)</b>	
				<b>Parciales</b>	<b>Totales</b>
<b>Insumos:</b> Material Didáctico y reactivos y Refrigerio					<b>3000</b>
<b>Costos de movilidad</b>					<b>500</b>
<b>Bonificación al Personal:</b>					<b>2500</b>
<b>Gastos Generales (alojamiento, comida Dr. Omar E. Linarez Pérez )</b>					<b>3500</b>
<b>(A) Subtotal</b>					<b>0</b>
<b>Gastos de Administración</b>					<b>0</b>
Rectorado (A) x 0,10					
Unidad Académica (A) x 0,10					
Unidad Ejecutora (A) x 0,05					
<b>TOTAL GENERAL .....</b>					<b>\$ 9500</b> (pesos nueve mil quinientos)



Santiago del Estero, 2 de Octubre del 2013. -

**RESOLUCION C.D. F.A.A. N° 082/13.-**

**A N E X O II**

**RECURSOS HUMANOS**

**PERSONAL – BONIFICACIÓN**

Apellido y Nombres, Tipo y N° de Documento (1) o (2)	Título /Lugar de Trabajo / Cátedra Lab. O Dpto.	Categorías del personal interviniente (3) y dedicación hs/sem. Mens. O Anuales dedicadas a ejecución del a O.D.T. (4)	Tiempo de Afectación	Bonificación en \$ (Pesos)
Dr. Omar E. Linarez Pérez	(INFIQC-CONICET-UNC)		40 hs	\$ 2500
TOTAL				\$ 2500

**RESUMEN FINAL**

TOTALES PARCIALES (en pesos en letras y números)	
INSUMOS	3000
COSTOS DE MOVILIDAD	500
BONIFICACIÓN AL PERSONAL	2500
GASTOS GENERALES	3500
GASTOS DE ADMINISTRACIÓN	0
<b>TOTAL GENERAL DEL PRESUPUESTO:</b> (Pesos en letras y números)	<b>\$ 9500</b> (Pesos: nueve mil quinientos)

Mg. Ing. LUIS H. GARCIA  
SECRETARIO ACADEMICO  
FAA - UNSE

