



Universidad Nacional del Nordeste
Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales y Agrimensura

RESOLUCION N° 0177 18
CORRIENTES, 22 MAR 2018

VISTO el Expediente N° 09-2018-01264 en el cual el Dr. Alfredo E. Zurita, solicita la autorización para el dictado del Curso de Posgrado “CONCEPTOS Y PRINCIPIOS DE ANÁLISIS FILOGENÉTICOS CON EL PROGRAMA TNT (TREE ANALYSIS USING NEW TECHNOLOGY)”; y

CONSIDERANDO:

QUE el curso está destinado a personas con formación académica de grado en paleontología y Biología.

QUE lo profesores dictantes: Dr. Alfredo E. Zurita, el Dr. Andrés Sebastián Quinteros y el Dr. Juan Manuel Díaz Gómez, cuentan con experiencia en el tema, como se desprende de sus curriculum vitae.

QUE la dirección y coordinación del curso estará a cargo del Dr. Alfredo E. Zurita.

QUE se establece para su dictado un cupo mínimo de 15 (quince) y un cupo máximo de 30 (treinta) participantes.

QUE la fuente de financiamiento será a través del pago de un arancel de \$1.200 (pesos mil doscientos) y para estudiantes de posgrado de la UNNE abonarán el 50%.

QUE la carga horaria total es de 50 horas, distribuidas en 40 horas presenciales y 10 horas no presenciales.

QUE se dictará desde los días 17 al 22 de mayo de 2018.

QUE cuenta con el aval de la Comisión de Posgrado;

QUE en la sesión del día 22/03/18 este Cuerpo resolvió autorizar el presente expediente y hacer lugar a lo solicitado;

POR ELLO:

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES Y AGRIMENSURA

RESUELVE:

ARTÍCULO 1º) AUTORIZAR el dictado de del Curso de “CONCEPTOS Y PRINCIPIOS DE ANÁLISIS FILOGENÉTICOS CON EL PROGRAMA TNT (TREE ANALYSIS USING NEW TECHNOLOGY)”, con una carga horaria total de 50 horas; a cargo del Dr. Alfredo E. Zurita, el Dr. Andrés Sebastián Quinteros y del Dr. Juan Manuel Díaz Gómez, y bajo la coordinación del Dr. Alfredo E. Zurita, cuyo programa obra en el ANEXO de la presente.-

ARTÍCULO 2º) AUTORIZAR el cobro de un arancel de de \$1.200 (pesos mil doscientos) y para estudiantes de posgrado de la UNNE abonarán el 50%.-

ARTÍCULO 3º) EMITIR los respectivos certificados a los asistentes que hayan cumplimentado con las diferentes actividades exigidas en el presente cursos.-

LL.ABB
1

ES COPIA



Universidad Nacional del Nordeste
Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales y Agrimensura

RESOLUCION N° 0177
CORRIENTES, 22 MAR 2018

ARTÍCULO 4°) REMITIR las presentes actuaciones la Secretaría de Investigación y Posgrado.-

ARTÍCULO 5°) REGISTRESE, comuníquese y archívese.-

Dra. Laura C. Leiva de Vita
Secretaria de Invest. y Posgrado
F.A.C.E.N.A.

Dra. Lidia I. Ferraro
DECANA
F.A.C.E.N.A.

ES COPIA

Enrique de Jesús Navarro
Jefe Departamento Despacho
F.A.C.E. N.A. - U.N.E.

ANEXO I

ANEXO I

A.- DATOS GENERALES DEL CURSO:

1. Denominación del Curso:

Consignar el nombre del Curso

Conceptos y principios de análisis filogenéticos con el programa TNT (Tree analysis using New Technology)

2. Unidad Académica Responsable:

Consignar la/s Facultades responsables del dictado del Curso

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura - UNNE

3. Duración:

Consignar la duración en meses, semanas o días

5 días

4. Carga horaria:

Consignar la carga horaria presencial discriminada por: horas teóricas, teórico-prácticas, prácticas.

Se recuerda que la carga horaria mínima de estos cursos es de 30 horas presenciales y una máxima de 150 horas presenciales, con evaluación final.

Carga horaria total: 50 Horas

El curso consta de 9 horas de cursado diarias (8.00-12.30; 14.30-19.00) durante cuatro días y cuatro horas el quinto día, totalizando 40 horas presenciales, más diez horas no presenciales en las que se realizará la lectura de artículos.

5. Destinatarios del curso:

Consignar a quiénes está dirigido el Curso. Sólo podrán realizar Cursos de Postgrado quienes posean Título de Grado Universitario.

Paleontólogos, Biólogos. Requisitos mínimos el manejo básico de pc y buen nivel de lectura en inglés. Los estudiantes deberán contar con su propia computadora portátil.



6. Cupo:

Se debe especificar cupo máximo y mínimo.

Minimo: 15 alumnos. Máximo: 30

7. Certificaciones a otorgar:

Sólo se otorgará certificación de aprobación del Curso. Los certificados se expedirán conforme al formato vigente, según Anexo II.

Se otorgará Certificado de Aprobación del Curso De Posgrado

8. Docentes a cargo (adjuntar curriculum):

Señalar Nombres y Apellidos de los docentes a cargo del Curso, y funciones que cumplirán dentro del equipo, por ejemplo: Director, Coordinador, Profesor Dictante, Tutor, etc.

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

9. Fuente/s de financiamiento:

Consignar con qué recursos se financiará el Curso.

El curso será autofinanciado con las inscripciones. Arancel: \$1200 (pesos mil doscientos) Estudiantes de posgrado de la UNNE abonarán el 50%.

B.- PROGRAMACIÓN DIDÁCTICA DEL CURSO:

1. Fundamentación:

Referirse brevemente a la necesidad que dio origen a la propuesta, qué demanda se estaría atendiendo con su dictado, a qué rama del saber se aporta, etc.

La sistemática es la ciencia de la diversidad, el estudio de la organización del conjunto total del conocimiento sobre los organismos. Incluye la información filogenética, taxonómica, de la clasificación y de la nomenclatura. Es una disciplina de síntesis, de abstracción de conceptos, de enunciado de teorías explicativas de los fenómenos

LLABR
4

ES COPIA



Universidad Nacional del Nordeste
Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales y Agrimensura

RESOLUCION N° 0177 18
CORRIENTES, 22 MAR 2018

observados. Por lo tanto, tiene en sí, un trasfondo teórico que supera al de la taxonomía y una vocación predictiva. La taxonomía ha sido definida como una forma de organizar la información biológica con arreglo a diferentes métodos. Es una disciplina eminentemente empírica y descriptiva, acumula fenómenos, hechos, objetos y a partir de dicha acumulación genera las primeras hipótesis explicativas. Además de describir organismos, la importancia de la taxonomía estriba en que organiza la diversidad entomológica en forma de clasificaciones.

La filogenia se define como la historia evolutiva de los taxa. Su misión es conocer las relaciones evolutivas entre los grupos de taxa y hay un acuerdo generalizado en que es el criterio a seguir en el establecimiento de la clasificación natural. La necesidad de la filogenia en la clasificación es clara ya que las categorías clasificatorias dejan de ser abstracciones ideales más o menos arbitrarias para convertirse en entidades reales que expresan la perspectiva histórica única e irrepetible del mundo orgánico. De esta forma se consigue un valor predictivo en los grupos formados y, además, es refutable con la aportación de nuevas evidencias filogenéticas.

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.

2. Objetivos del Curso:

Señalar qué objetivos se persiguen con el dictado del Curso. En un punto aparte se puede hacer referencia a los **objetivos de aprendizaje** del Curso, es decir qué conocimientos lograrán los participantes del mismo.

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).

LJAHR
5

ES COPIA



3. Contenidos:

Indicar los contenidos mínimos que se desarrollarán durante el curso, según el criterio de organización adoptado, ejemplo: unidades, módulos, etc.

Recordar:

- que la cantidad de contenido debe ser acorde a las horas de dictado,
- que estos cursos deben atender a contenidos relevantes para una formación de Postgrado,
- que este punto se refiere a los contenidos seleccionados y organizados curricularmente, no a un listado minucioso de temas.

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 calibraos temporalmente. BEAST: Relojes moleculares; *Beast; Tracer; TreeAnnotator; LogCombiner.

4. Metodología de enseñanza:

Consignar las estrategias de enseñanza que se priorizarán en el dictado del curso, por ejemplo: taller, clases teóricas, trabajos prácticos de laboratorio, tutorías, trabajos de campo, elaboración de informes y monografías, trabajos grupales, etc.

El curso es teórico-práctico. Cada tema del programa será en primer lugar explicado por los docentes de forma teórica haciendo hincapié en la comprensión de los métodos, sus ventajas y limitaciones. Esta parte de la clase será llevada a cabo con la ayuda del proyector y el pizarrón. Con posterioridad, se aplicará cada concepto explicado en teoría con el uso de software específico. 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. Al finalizar cada jornada se hará una puesta en común de los resultados obtenidos, dificultades encontradas e intercambio sobre los conceptos y técnicas aprendidas

LJ/AHR
6

ES COPIA

5. Instancias de evaluación durante el curso:

Detallar en que consistirá la evaluación de los aprendizajes del alumno, por ejemplo evaluación de trabajos prácticos individuales o grupales, exámenes escritos, evaluaciones orales, monografías. Consignar la cantidad y frecuencia de las evaluaciones y si se prevén instancias de recuperación.

La evaluación se realizará el último día por la tarde y consistirá en un examen integrador por escrito. El examen tendrá un carácter teórico-práctico orientado a constatar la asimilación de los contenidos básicos del curso por cada alumno.

6. Requisitos de aprobación del curso:

Enumerar cuáles serán las exigencias para otorgar la aprobación del Curso, además de cumplir con las evaluaciones anteriormente mencionadas, por ejemplo asistencia, pago de arancel, etc.

Se otorgará certificado de asistencia a los alumnos que alcancen el 80% de asistencia a clases. Se otorgará certificado de Aprobación a los graduados, previa evaluación escrita.

7. Cronograma estimativo:

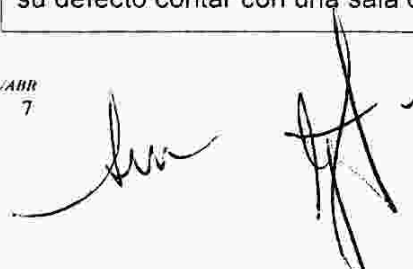
En este punto consignar cómo se distribuirán las horas de dictado del curso, en el tiempo de duración establecido. Se puede completar el siguiente cuadro consignando la fecha de los días de semana en que se dictará el curso y la cantidad de horas por día, según los meses de duración.

Meses	Lunes 21	Martes 22	Miércoles	Jueves 17	Viernes 18	Sábado 19
Mayo				8.00-12.30 14.30-19.00	8.00-12.30 14.30-19.00	8.00-12.00
	8.00-12.30 14.30-19.00	8.00-12.30 14.30-19.00				

8. Infraestructura y equipamiento necesarios:

Consignar las instalaciones y recursos materiales necesarios para el dictado del Curso.

Aula para 30 alumnos, data display. Los alumnos deberán traer su propia computadora, o en su defecto contar con una sala de cómputos con computadoras suficientes para los alumnos.





9. Bibliografía básica:

Enumerar los textos básicos que serán manejados total o parcialmente durante el curso, que den cuenta del enfoque adoptado y su actualización.

- BOUCKAERT, R., HELED, J., KÜHNERT, D., VAUGHAN, T., WU, C-H., XIE, D., SUCHARD, MA., RAMBAUT, A., & DRUMMOND, A. J. (2014). BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. *PLoS Computational Biology*, 10(4), e1003537. doi:10.1371/journal.pcbi.1003537
- BREMER, K. 1988. The limits of amino-acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution*, 42: 795-803.
- BREMER, K. 1990. Combinable component consensus. *Cladistics*, 6: 369-372.
- BREMER, K. 1994. Branch support and tree stability. *Cladistics*, 10: 295-304.
- CAROLINE PARINS-FUKUCHI. 2018. Use of Continuous Traits Can Improve Morphological Phylogenetics. *Systematic Biology*, Volume 67, Issue 2, 1 March 2018, Pages 328-339, <https://doi.org/10.1093/sysbio/syx072>
- C. COLIJN, G. PLAZZOTTA. 2018. A Metric on Phylogenetic Tree Shapes. *Systematic Biology*, Volume 67, Issue 1, 1 January 2018, Pages 113-126, <https://doi.org/10.1093/sysbio/syx046>
- CARPENTER, J. M. 1992. Random cladistics. *Cladistics*, 8: 147-153.
- CARPENTER, J. M. 1996. Uninformative bootstrapping. *Cladistics*, 12: 177-181.
- 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. 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.
- DE QUEIROZ, K. & D. A. GOOD. 1997. Phenetic clustering in biology: a critique. *The Quarterly Review of Biology*, Vol.72, N°1: 3-30.
- 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. & J. FARRIS. 2001. Methods for quick consensus estimation. *Cladistics*, 17: 26-34.
- GOLOBOFF, P. FARRIS J. & K. NIXON. 2003a. T.N.T.: Tree Analysis Using New Technology. Program and documentation, available from the authors, and at www.zmuc.dk/public/phylogeny

- GOLOBOFF, P. A., FARRIS, J. S., KÄLLERSJÖ, M., OXELMAN, B., RAMÍREZ, M. J. AND SZUMIK, C. A. (2003). Improvements to resampling measures of group support. *Cladistics*, 19: 324–332. doi:10.1111/j.1096-0031.2003.tb00376.x
- GOLOBOFF, P. A., FARRIS, J. S. & K. C. NIXON. 2008. TNT, a free program for phylogenetic analysis. *Cladistics*, 24: 774-786.
- GOLOBOFF, P., FARRIS, J., Källersjö, M., Oxelmann, B., Ramírez, M. & C. Szumik. 2003b. 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.
- GOLOBOFF, P. A., CARPENTER, J. M., ARIAS, J. S. & D. R. MIRANDA ESQUIVEL. 2008. Weighting against homoplasy improves phylogenetic analysis of morphological data sets. *Cladistics*, 24: 1–16
- GOLOBOFF, P. A., MARK P. SIMMONS. 2014. Bias in Tree Searches and its Consequences for Measuring Group Supports, *Systematic Biology*, Volume 63, Issue 6, 1 November 2014, Pages 851–861, <https://doi.org/10.1093/sysbio/syu051>
- GOLOBOFF, P.A., WILKINSON, M., *On Defining a Unique Phylogenetic Tree with Homoplastic Characters*, *Molecular Phylogenetics and Evolution* (2018), doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2018.01.020>
- HAUSER, D. L. & W. PRESCH. 1991. The effect of ordered characters on phylogenetic reconstruction. *Cladistics*, 7: 243-266.
- 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.
- HALL, B. K. 1994. *Homology. The hierarchical basis of comparative biology*. Academic Press, 483 pp.
- HILLIS, D. M., C. MORITZ & B. K. MABLE (eds.). 1996. *Molecular Systematics*. Second Edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA. 655 pp.
- HOLTON THÉRÈSE A., MARK WILKINSON, DAVIDE PISANI. 2014. The Shape of Modern Tree Reconstruction Methods, *Systematic Biology*, Volume 63, Issue 3, 1 May 2014, Pages 436–441.
- 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.
- LIPSCOMB, D. L. 1992. Parsimony, homology, and the analysis of multistate characters. *Cladistics*, 8: 45-65.
- 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. 1989. An empirical rejection of the ontogenetic polarity criterion. *Cladistics* 5: 409-416.
- 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.
- MABEE, P. M. & J. HUMPHRIES. 1993. Coding polymorphic data: examples from allozymes and ontogeny. *Syst. Biol.* 42(2): 166-181.
- MADDISON, W. P. 1993. Missing data versus missing characters in phylogenetic analysis. *Syst. Biol.* 42(4): 576-581.



Universidad Nacional del Nordeste
Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales y Agrimensura

RESOLUCION N° 0177 1
CORRIENTES, 22 MAR 2018

- MADDISON, W. P.; M. J. DONOGHUE & M. J. MADDISON. 1984. Outgroup analysis and parsimony. *Systematic Zoology*, 33: 83-103.
- 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.
- RICHTER, S. (2017). Homology and synapomorphy-symplesiomorphy—neither synonymous nor equivalent but different perspectives on the same phenomenon. *Cladistics*, 33: 540-544. doi:10.1111/cla.12180
- RONQUIST, F. AND J. P. HUELSENBECK. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19:1572-1574.
- ROSE, M. R. & G. V. LAUDER (eds.). 1996. *Adaptation*. Academic Press, 511 pp.
- 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.

LL/ARR
10

ES COPIA



Universidad Nacional del Nordeste
Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales y Agrimensura

RESOLUCION N°: 0177 18
CORRIENTES, 22 MAR 2018

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.

ES COPA