



Programa del Curso: Análisis macroevolutivos cuantitativos en R	
Sede: Puerto Madryn	

Profesores: Martín Daniel Ezcurra

Carga Horaria: 40 horas

Total	Sem. Teóricos	Total Teóricos	Sem. Prácticos	Total Prácticos	Sem. Teórico/Práct.	Total Teórico/Práct.
40	20	20	20	20	-	-

Clases Teóricas /Teórico-prácticas

Días: 5 días de 9 a 17 horas

I. Objetivos de la Asignatura:

Introducir a los participantes al uso de R y brindar herramientas analíticas para poner a prueba hipótesis macroevolutivas y/o realizar análisis exploratorios a partir del registro fósil. Adquirir flexibilidad a la hora de elegir y utilizar métodos para poner a prueba hipótesis macroevolutivas en forma cuantitativa.

II. 1 Contenidos Mínimos:

- Introducción al uso de R
- Manipulación de árboles filogenéticos
- Métodos filogenéticos comparativos
- Disparidad morfológica
- Tasas evolutivas

II. 2 Programa Analítico:

Introducción al uso de R. Sintaxis, tipos de variables y estructura de objetos (e.g. vectores, matrices, listas, dataframes). Instalación de paquetes. Uso y programación de funciones. Comandos, bucles (loops) y análisis estadísticos básicos. Guardado de objetos. Generación y guardado de gráficos. Toma de datos desde repositorios en la web. Ejemplificación del uso de R a partir de análisis alométricos.

Manipulación de árboles filogenéticos y métodos filogenéticos comparativos. Carga de matrices y árboles filogenéticos en R. Introducción a la calibración de árboles filogenéticos y generación de figuras para su publicación. Modelos evolutivos. Contrastes filogenéticos independientes. Señal filogenética. Autocorrelación filogenética. Ajuste de modelos evolutivos a caracteres morfológicos.

Disparidad morfológica I. Bases teóricas de los análisis de disparidad morfológica: introducción histórica, diferentes fuentes de datos, matrices de distancias, ordenación de la matriz de distancias y medidas de disparidad (e.g. WMPD, suma de rangos, suma de varianzas). Bootstrapeado de medidas para generación de intervalos de confianza.



Programa del Curso:

Análisis macroevolutivos cuantitativos en R

Sede: Puerto Madryn

Disparidad morfológica II y tasas evolutivas. Ordenación de las matrices de distancias. Análisis de varianza no-paramétricos. Generación de morfoespacios, filomorfoespacios y cronofilomorfoespacios. Precauciones a tener en cuenta en los análisis de disparidad morfológica. Bases teóricas de los análisis de tasas evolutivas morfológicas. Calibración temporal de árboles filogenéticos utilizando las metodologías “equal”, “mbl”, “cal3” y “Hedman”. Calculo de tasas evolutivas de ramas internas y terminales. Tasas evolutivas a través del tiempo.

IV. Bibliografía

Bapst, D. 2012. Meth. Eco. Evol. 3: 803-807.
Bapst, D. 2014. Paleobiol. 40: 331-351.
Brusatte, S. 2011. In: Comp. Paleo. 4.
Brusatte, S. *et al.* 2011. Earth Environ. Sci. Trans. Roy. Soc. Edin. 101: 367-382.
Brusatte, S. *et al.* 2011. Paleobio. 37: 1-22.
Butler, R. *et al.* 2013. Palaeobio. Palaeoclim. Palaeogeo. 372: 78-87.
Ezcurra, M. *et al.* 2016. Front. Ecol. Evol. 3: 142.
Foth, C. *et al.* 2016. BMC Evol. Bio. 16: 188.
Harmon, L. *et al.* 2008. Bioinfo.24: 129-131.
Lloyd, G. 2016. Biol. Jour. Linn. Soc. 118: 131-151.
Paradis, E. 2012. Anal. of Phylo. Evol.
Sookias, R. *et al.* 2012. Proc. Roy. Soc. B 2441.

V. Metodología de Enseñanza:

Clases teóricas presenciales. Clases prácticas presenciales que incluyen el análisis de diferentes tipos de datos.

VI. Condiciones para la aprobación del cursado de la asignatura:

Análisis de un conjunto de datos y aplicación de los métodos explicados, con exposición oral de los resultados.

Vigencia de este programa

Año de Vigencia

Nro. De Orden :


Página 2



Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES

Programa del Curso: Análisis macroevolutivos cuantitativos en R	
Sede: Puerto Madryn	

Año	Firma	Profesor responsable
2018		Dr. Martín Ezcurra

Visado

Decano	Sec. Investigación y Posgrado Facultad	Director Carrera Posgrado
Fecha	Fecha	Fecha