



**UNPSJB**

**FACULTAD DE  
CIENCIAS NATURALES  
Y CIENCIAS DE LA  
SALUD**

**Curso de Posgrado: Análisis  
macroevolutivos cuantitativos en  
R**

**Director del curso:**  
Martín D. Ezcurra

**Colaboradores:**  
Oscar R. Lehmann

**Objetivos:** Introducir a los participantes al uso de R y brindarles herramientas analíticas para poner a prueba hipótesis macroevolutivas o realizar análisis exploratorios a partir del registro fósil.

**Contenidos mínimos:**  
-Introducción al uso de R  
-Manipulación de árboles filogenéticos y métodos filogenéticos comparativos  
-Disparidad morfológica  
-Tasas evolutivas

**Descripción:**

**Programa analítico:**

*Introducción al uso de R.* Sintaxis, tipos de variables y estructura de objetos. Paquetes. Comandos, bucles y análisis estadísticos básicos.

*Manipulación de árboles filogenéticos y métodos filogenéticos comparativos.* Matrices y árboles filogenéticos en R. Calibración de árboles filogenéticos y generación de figuras. 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. Matrices de distancias, ordenación de la matriz de distancias y medidas de disparidad. Bootstrapeado de medidas para generación de intervalos de confianza.

*Disparidad morfológica II y tasas evolutivas.* Análisis de varianza no-paramétricos. Generación de morfoespacios, filomorfoespacios y cronofilomorfoespacios. Bases teóricas de los análisis de tasas evolutivas morfológicas. Calibración temporal de árboles filogenéticos. Cálculo de tasas evolutivas de ramas internas y terminales. Tasas evolutivas a través del tiempo.

**Actividades prácticas:**

Instalación de paquetes en R. Uso y programación de funciones, comandos, loops y análisis estadísticos. Trabajo con objetos, generación de gráficos. Toma de datos desde repositorios web. Carga de matrices y árboles filogenéticos. Calibración de árboles. Contrastes, señal y autocorrelación filogenética. Ordenación de matrices, cálculo de disparidad y bootstrapeado para generar intervalos de confianza. Generación de morfoespacios y filomorfoespacios. Cálculo de tasas evolutivas en ramas y terminales. Exploración y análisis de matrices propias.

**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.

**Requisitos de cursado:**

Conocimientos generales de evolución, filogenia y cladística. Conocimientos previos de R no son necesarios pero serán útiles.

**Modalidad de dictado:** Presencial

Duración en semanas: 1 (Una) semana  
Carga horaria total: 40 horas

Teoría		Práctica	
Presencial	No-presen	Presencial	No-presen
20	-	20	-

**Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación:**

Exposición oral.

**Número de vacantes:** 20

**Frecuencia de dictado:** Diaria

**Aranceles del curso (por participante):**

**Destinatarios:** Estudiantes de grado y posgrado y profesionales en Paleontología, Biología y ciencias afines.

**Informes e Inscripción:**  
**posgrado.fcn.madryn@gmail.com**  
**FB: @Naturales.Madryn**