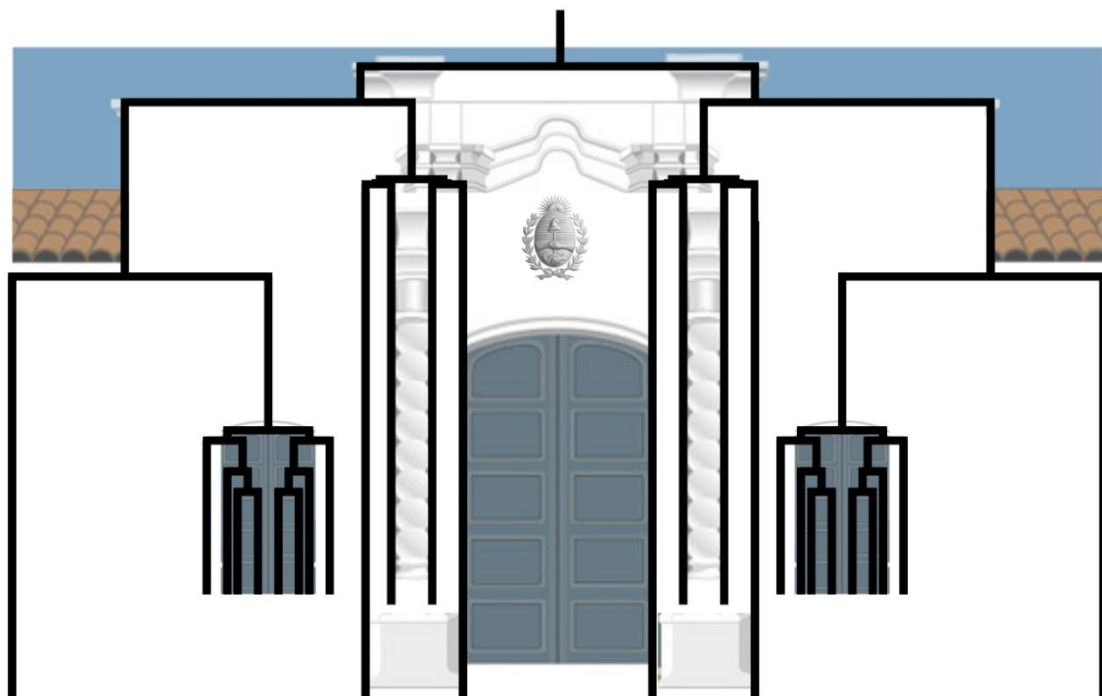

**LIBRO DE RESÚMENES XIII REUNIÓN
ARGENTINA DE CLADÍSTICA Y
BIOGEOGRAFÍA**

San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

8-10 de Abril de 2019



número de caracteres utilizados, número de taxones y metodologías aplicadas.

Ejemplificaré la aplicación de la cladística en la delimitación de especies, clasificación, biogeografía y biología evolutiva a lo largo de mi carrera. Presentaré también un estudio sobre la diversificación de un género de acridios andinos integrando la cladística con el modelado de nicho ecológico. Como conclusión considero que la tendencia hacia una sistemática más integradora que incluya evidencia de datos morfológicos, paleontológicos, biogeográficos (georreferenciados), moleculares, junto con métodos que permitan una mayor síntesis, mejorará considerablemente nuestra capacidad para evaluar la precisión de nuestras hipótesis sobre las relaciones evolutivas de los organismos.

Áreas de endemismo en la provincia de Tucumán: concordancia con propuestas biogeográficas previas

Correa, Carolina María¹

¹Unidad Ejecutora Lillo (CONICET – Fundación Miguel Lillo), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina. correa.carolinamaria@gmail.com

En Argentina, Tucumán es la provincia más pequeña, con una superficie de 22.524 km². Sin embargo, favorecida por sus características topográficas, ubicación, condiciones climáticas, exhibe en pocos kilómetros una gran variedad de ambientes (divisiones biogeográficas) que hasta ahora han sido caracterizadas cualitativamente por diferentes autores. El programa VNDM ver. 3.1 aplica el criterio de optimalidad para la búsqueda de áreas de endemismo a partir de la congruencia espacial de la distribución de dos o más especies. En el presente estudio, datos de distribución de 486 especies de flora y fauna registrados en la provincia de Tucumán fueron analizados con el programa

VNDM ver. 3.1, bajo parámetros estandarizados de tamaño de grilla (0,1°), fill (40%), assume (80%). Los resultados son prometedores, de los 22 patrones obtenidos con valores de endemividad de 2 a 15, 15 están soportados por especies de plantas y animales. En su mayoría presentan valores de endemividad superiores a 8. Finalmente, se evalúan similitudes y diferencias de los patrones obtenidos con propuestas biogeográficas previas.

Filogenómica: ¿concatenar o no concatenar?

Almeida, Francisca C.^{1,2*}; Juan Hurtado^{1,2}; Esteban Hasson^{1,2}

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Av. Intendente Güiraldes s/n, Ciudad Universitaria, Pabellón II, 4° piso, 1428, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Av. Intendente Güiraldes s/n, Ciudad Universitaria, Pabellón II, 4° piso, 1428, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

falmeida@nyu.edu

En los últimos años, la disponibilidad de datos genómicos se ha incrementado enormemente, permitiendo análisis filogenéticos a partir de esta fuente de datos. Sin embargo, la gran cantidad de caracteres que proporcionan los datos genómicos conllevan nuevos desafíos metodológicos. Aquí presentamos, a modo de ejemplo, el análisis filogenómico de moscas del cluster *Drosophila buzzatii* (grupo *repleta*). El cluster *buzzatii*, que incluye siete especies cactofílicas, endémicas de Sudamérica, constituye un importante modelo para estudios evolutivos. Por este motivo, tener una