

# ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 63  
Suplemento

XIII Reunión Argentina  
de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019  
San Miguel de Tucumán, Argentina

---

Resúmenes



Fundación Miguel Lillo

TUCUMÁN - ARGENTINA

— 2019 —

## Cladule: Usando algoritmos filogenéticos para encontrar distribuciones de horarios óptimas

Roffé, Ariel<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Centro de Estudios de Filosofía e Historia de la Ciencia (Universidad Nacional de Quilmes-CONICET), Roque Saenz Peña 352, B1876BXD, Bernal, Buenos Aires, Argentina.

<sup>2</sup> Facultad de Filosofía y Letras (Universidad de Buenos Aires), Puán 480, 1420, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

<sup>3</sup> Universidad Nacional Tres de Febrero, Mosconi 2736, B1674AHF, Sáenz Peña, Buenos Aires, Argentina. ariroffe@hotmail.com

En el presente trabajo se introduce un software (Cladule) cuyo fin es automatizar el armado de programas de congreso complejos, que poseen gran número de sesiones en paralelo. Para ello, se utilizan estrategias teóricas y computacionales extraídas de la cladística. A grandes rasgos, la solución consta de dos pasos. En primer lugar, se define un criterio de optimalidad, que surge de asignar costos a la ocurrencia de ciertos eventos indeseables (superposiciones de autor, de simposio, de áreas temáticas, etc.). Por cada ocurrencia de uno de estos eventos, se suma el costo correspondiente al programa en el que aparecen. En segundo lugar, se emplean métodos heurísticos de búsquedas para encontrar programas de congreso con bajo costo (dado que la combinatoria de programas posibles es demasiado grande para intentar una búsqueda exacta). Se utilizan, por una parte, métodos de adición (RAS), en donde las ponencias se agregan una a una al programa, en un orden randomizado, en el lugar en donde tienen menor costo. Por otra parte, Cladule utiliza métodos de *swapeo*, mediante los cuales intenta mejorar los programas de RAS intercambiando exposiciones y/o sesiones enteras de lugar. Se ejemplifica y demuestra el software utilizando la base de datos del XI Encuentro AFHIC, un congreso de filosofía e historia de la ciencia que contó con aproximadamente 350 exposiciones, distribuidas en 5 días.

## Uso de semilandmarks en filogenias: un caso de estudio en marsupiales didélfidos

Saguir, Sergio Omar<sup>1</sup>; Santiago Andrés Catalano<sup>1,2</sup>; David Flores<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo – CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

<sup>2</sup> Facultad de Ciencias Naturales e IML, UNT, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

<sup>3</sup> Instituto de Vertebrados, Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

Desde el comienzo de la utilización de caracteres morfogeométricos en filogenia, han existido diversos puntos de conflicto como el concepto carácter, la dependencia entre landmarks, alineamientos y el criterio para inferir filogenias. Un punto que no ha sido analizado se relaciona con qué tipo de landmarks pueden utilizarse en análisis

filogenéticos. Algunos autores plantean que solamente pueden utilizarse landmarks tipo I, que tendrían definición más estricta de homología. Aunque los semilandmarks no presentan tal característica, permiten describir la forma de las estructuras donde no es posible definir landmarks tipo I. En este trabajo proponemos analizar el desempeño de los caracteres de landmarks en filogenias y analizar el aporte de semilandmarks utilizando como caso de estudio a marsupiales didélfidos. Se analizaron 26 especies y 14 estructuras (configuraciones) de cráneo y poscráneo, digitalizadas en 2 dimensiones. El análisis filogenético utilizando el método de morfometría filogenética, recuperó como monofiléticas a las dos subfamilias actuales (*Caluromyinae* y *Didelphinae*) así como dos de las tres tribus actuales (*Didelphini* y *Thylamyini*). La tribu *Marmosini* no fue monofilética ya que las especies de *Marmosa* aparecieron formando un grado en la base de la familia. A nivel genérico, tres de los ocho géneros con más de una especie resultaron monofiléticos (*Marmosops*, *Monodelphis*, *Caluromys*). La inclusión de semilandmarks produjo resultados similares o mejores que los obtenidos considerando solamente landmarks. Estos resultados preliminares estarían en contra de la idea que los semilandmarks deberían ser excluidos de los estudios filogenéticos y muestra la utilidad de los caracteres morfogeométricos en estos estudios.

## Filogenia morfológica de un clado neotropical de Euophryini con espiral embólica reducida (Araneae: Salticidae)

Salgado, Alexandre<sup>1,2\*</sup>; Gustavo Ruiz<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Rua Augusto Corrêa, 01, CEP 66075-110, Belém, PA, Brasil.

<sup>2</sup> Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Universidade Federal do Pará / Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brasil.

\* alexandre.salgado.souza@gmail.com

En la familia Salticidae, la tribu Euophryini está compuesta actualmente por 117 géneros y su monofilia está bien soportada por caracteres morfológicos y moleculares. Los machos de esta tribu tradicionalmente son reconocidos por tener el émbolo en espiral (en un plano ligeramente paralelo al eje longitudinal del palpo); además de un ducto espermático que forma un bucle en la región retrolateral del tegulum y se proyecta hasta el centro de este. Las hembras, en general, poseen en la placa epiginal un par de áreas circulares y transparentes con las aberturas copulatorias (ventanas) en los bordes, a través de las cuales es posible observar las espermatecas. De acuerdo con las recientes hipótesis filogenéticas para la tribu, los géneros *Amphidraus*, *Marma*, *Yacuitella* y *Nebridia* componen un clado neotropical en Euophryini. La sinapomorfía más evidente de este clado es la presencia de una expansión en el borde del surco cimbial que forma una estructura modificada en la que reposa el émbolo. Recientemente, el descubrimiento de un nuevo macho con características intermedias entre