

# BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 1 Número: 2 Año: 2013 Mes: Julio



# BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA



## Editores:

Henry Arenas-Castro	Universidad de Antioquia
Ángela P. Navas-Berdugo	Universidad Central
Yherson F. Molina-Henao	Universidad del Valle
Juan Pablo Narváez-Gómez	Universidad de Antioquia
Ángela P. Sánchez	Universidad Central
Kevin Jiménez	Universidad de Córdoba

## Comité científico:

Alejandro Berrío	University of Texas at Austin
Alejandro Rico	University of Connecticut
Ana Caicedo	University of Massachusetts Amherst
Andrew J. Crawford	Universidad de los Andes
Camilo Salazar Clavijo	Universidad del Rosario
Carlos Botero	North Carolina State University
Carlos Machado	University of Maryland
Cristina López-Gallego	Universidad de Antioquia
Daniel Cadena	Universidad de los Andes
Daniel Matute	University of Chicago
Daniel Ortiz-Barrientos	University of Queensland
Federico Brown	Universidad de los Andes
Gabriel Bedoya	Universidad de Antioquia
Hernán Burbano	Max Planck Institute for Developmental Biology
Iván Darío Soto-Calderón	Universidad de Antioquia
Juan Manuel Daza	Universidad de Antioquia
Margarita Womack	Princeton University
María Ángela Echeverry-Galvis	Pontificia Universidad Javeriana
Mauricio Linares	Universidad del Rosario
Mónica Medina	University of California at Merced
Santiago Ramírez	University of California at Davis
Sergio Solari	Universidad de Antioquia

## Edición gráfica:

Ángela P. Navas-Berdugo

## ÍNDICE DE CONTENIDO

EDITORIAL NACIONAL	4
EDITORIAL INTERNACIONAL	5
RECONOCIMIENTOS	7
BIODIVERSIDAD	8
INVESTIGACIÓN EN COLOMBIA	9
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	11
COMENTARIO CIENTÍFICO	12
RESEÑA INVESTIGADOR COLOMBIANO	14
INVESTIGACIONES COLOMBIANAS	16
NOTICIAS NACIONALES	17
NOTICIAS INTERNACIONALES	18
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	19
MESAS DE TRABAJO REGIONAL	25
AVISOS Y AGRADECIMIENTOS COLEVOL	30

**Portada:**  
Santiago David Rivera, 2011  
*Onychorhynchus coronatus*  
Madre de Dios, Perú

# EDITORIAL NACIONAL

## INTEGRACIÓN EN COLEVOL

María Ángela Echeverry-Galvis<sup>1</sup>

El estudio de la biología evolutiva demanda por quienes nos dedicamos a ella un alto grado de especialización y a la vez generalización e integración que pareciera inicialmente ambiguo. Esto es parte de lo que COLEVOL busca enfatizar a lo largo de las diferentes oportunidades de interacción que propicia, como las mesas de trabajo regional y los simposios nacionales (como el que está por ocurrir en julio de este año).

Estudiar la evolución precisa del manejo de conceptos y herramientas específicas en cada rama de la biología que va más allá del aprendizaje mecánico de equipos o conceptos novedosos, implica un proceso de especialización del saber donde es posible perder de vista la escala de los eventos que moldean los fenómenos estudiados y donde cada rama aporta información valiosa. En nuestros estudios de biología y ecología evolutiva no podemos perder de vista la interacción entre disciplinas y la integración de los patrones, procesos y mecanismos evolutivos a diferentes escalas. Es en perspectiva que logramos evaluar las causas, los efectos y las sinergias de la evolución.

Aunque en la biología evolutiva cada rama está experimentando una creciente especialización, COLEVOL ofrece un espacio a investigadores y estudiantes para contemplar preguntas desde múltiples disciplinas. En él se articulan conocimientos a partir de estudios en comportamiento, genética de poblaciones y desempeño ecológico, en lo que algunos llaman “estudios a nivel de organismos”. El trabajo en biología evolutiva de los colombianos se destaca a nivel mundial por su alto grado de colaboración nacional e internacional (como lo mencionó el Dr. Noor en su editorial del primer número del Boletín). Tal vez esto se deba en parte a las dificultades propias del que hacer investigativo en nuestro país (ej. la burocracia de los permisos de

investigación, poca disponibilidad de recursos para investigación avanzada, entre otros).

Esto trae a colación, un reciente comentario de E. O Wilson (2013)\* en el periódico “The Wall Street Journal”. Wilson aboga, desde mi punto de vista, no que los investigadores y científicos no tengan un conocimiento de otras disciplinas como la matemática, sino por una colaboración activa entre actores y áreas del conocimiento que conlleve a un avance en preguntas de alta complejidad, mientras que el propio investigador alcanza los niveles de conocimiento e interacción que le sean útiles. Si bien en el proceso de especialización se obtiene gran cantidad de conceptos y herramientas de investigación, existe un compromiso intelectual o “trade-off” que evita la misma profundización y especialización en otras áreas. Típicamente esto se ve como una desventaja, sin embargo como hemos visto en varias de las ponencias de los simposios de COLEVOL y de las diferentes charlas en las mesas de trabajo regional, esta “falta de experticia” no constituye un obstáculo para la investigación, sino que ofrece oportunidades que son entre sí no mutuamente excluyentes. Por un lado, afrontar un nuevo proceso de aprendizaje individual que le permita adquirir los conocimientos y técnicas de las áreas necesarias, o por otro, establecer colaboraciones con investigadores en las áreas en cuestión. Ojo, esto no quiere decir que una investigación no deba abarcar a cabalidad diferentes aspectos o que los investigadores podamos pasarlos por alto y tener una “excusa” para ignorar otras áreas del conocimiento.

Que esta sea pues una invitación a la integración de conceptos, trabajo e investigaciones en el ámbito nacional e internacional, resultados que esperamos ansiosamente encontrar en el IV Simposio Colombiano de Biología Evolutiva.

\* Wilson EO. 2013. Great Scientist  $\neq$  Good at Math. The Wall Street Journal. April 5 2013.

<sup>1</sup> Profesora, Pontificia Universidad Javeriana.  
Contacto: <ma.echeverryg (at) javeriana.edu.co>

# EDITORIAL INTERNACIONAL

## EVOLUTIONARY BIOLOGY IN COLOMBIA: READINESS, OPPORTUNITY AND NEED

Douglas J. Futuyma<sup>2</sup>

My colleagues and students are often surprised when I tell them that I became a naturalist and biologist because I had the advantage of growing up in New York City. As a boy, I spent countless hours in a zoological park and a botanical garden that are among world's best, and my enthrallment by the biological diversity I met there has continued throughout my life. Seeing hummingbirds, sloths, iguanas, *Atelopus* frogs, palms, aroids, and orchids made me dream of actually experiencing luxuriant tropical forests where I might find snakes on every tree and ocelots around every twist of a trail. Finally, in graduate school, my dream came to life (although with fewer snakes and so far no ocelots at all) when I took, and later taught, courses in tropical biology offered by the Organization for Tropical Studies in Costa Rica. By now, I have taught in 12 such courses and I have been in the field in ten other Central and South American countries. As an evolutionary biologist and field biologist, I have learned that the richness of tropical American ecosystems is far greater, and more rewarding to the trained and questioning mind, than I ever imagined as a boy, and I have acquired a deep appreciation and affection for the equally rich and generous cultures of Latin America.

When I was a student in the 1960's, much of the research on tropical American organisms was carried out by North Americans who visited Latin America and took home specimens for taxonomic research. Most research on biodiversity by Latin American scientists, likewise, was on descriptive systematics. This was crucially important research, and it continues to be. Even in the best-known taxa, such as birds, new species are discovered or recognized, such as the cucarachero paisa (*Thryophilus sernai*) in Colombia, described last year. (I was fortunate to see this bird, courtesy of Diego Calderón.) But it was necessary, by building

on the taxonomic foundation, to develop deeper knowledge of the origin and the processes that shape this diversity, by research on the living organisms in their environment, informed by the conceptual frameworks of evolution and ecology. The development of this framework of knowledge since the 1960's has been spectacular, through the efforts of both Latin American biologists and extranjeros, often in full partnership. Studies of tropical systems have led to important new perspectives in ecology (e.g., the role of frequency-dependent seedling mortality in maintaining high species diversity of trees) and evolution (e.g., analysis of coevolved interactions such as *Heliconius* mimicry rings and plant-pollinator interactions, or recent phylogenetic analyses of adaptive radiation in *Anolis*, Furnariidae, and many other clades).

In Colombia, as in some other Latin American countries, young biologists are now making major contributions to evolutionary biology and ecology, as was evident in the student-organized conference in Medellín that I was honored to speak at, last year. Colombian biologists now have the expertise to carry out first-class research in molecular evolution, evolutionary genomics, phylogenetics, behavioral ecology, evolutionary community ecology, and other subdisciplines of our field. Most young Colombian evolutionary biologists have far greater command of the molecular, statistical, and bioinformatics tools of their trade than I have ever had. They also have the great advantage of having had field experience and classes in plant systematics, entomology, ornithology, and other taxon-based training in biodiversity, which provides the knowledge needed to identify organisms and systems that will reward question-based research – research that takes advantage of the incomparable biodiversity found in Colombia. (And it is truly incomparable: Colombia has recorded more species of birds, at least, than any other country.) In this respect, Colombian students have an edge over their North American counterparts, most of whom receive little such training.

Colombian friends and colleagues, you are now in a position to advance the basic sciences of biodiversity – evolutionary biology, systematics, and ecology – and to address the real practical and social problems to which biodiversity scientists can and must make major contributions. Two areas of the practical application of evolutionary biology stand out as especially important. One is the rapidly growing area of evolution and public health (see, for example, R. M. Nesse and S. C. Stearns 2008, *Evol. Applications* 1:28-48; S. C. Stearns et al. 2010, *PNAS* 107:1691-95; M. F. Antolin et al. 2012, *Evolution* 66:1991-2006), including especially the evolution of infectious disease agents and their vectors and hosts. The other is climate change. There are reasons to suspect that tropical species may be at greater risk of extinction from global warming than species at higher latitudes, because many ectotherms live closer to their critical thermal maximum, and many species are sensitive to desiccation, have specialized interspecific interactions, and/or have limited dispersal abilities (see, for example, R. B. Huey et al. 2012, *Phil. Trans. Royal Soc. B* 367:1665-79; K. J. Feeley et al. 2011, *Ecology* 92:871-882). We know almost nothing about the phenotypic plasticity or genetic variation in physiological and ecologically important traits that may be required to avert extinction of tropical populations, or of the ability of tropical species to shift their ranges (especially to cross vast areas of unsuitable habitat) as climatic and biotic variables change.

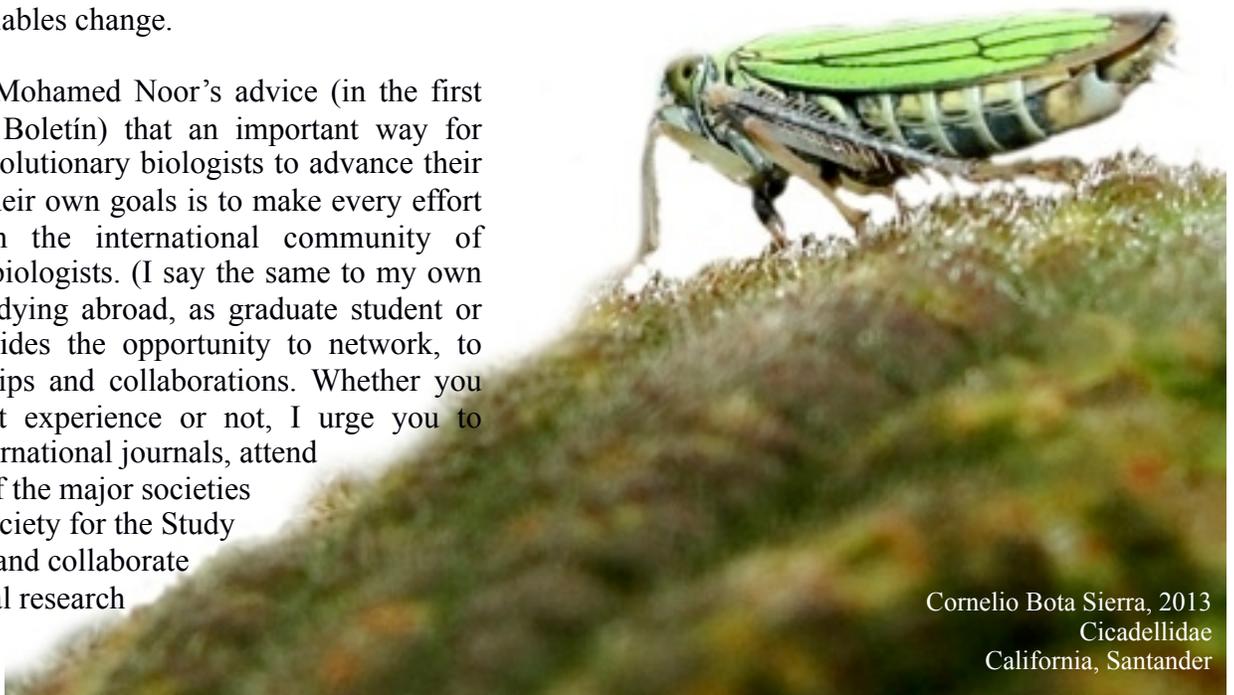
I agree with Mohamed Noor's advice (in the first issue of this *Boletín*) that an important way for Colombian evolutionary biologists to advance their science and their own goals is to make every effort to engage in the international community of evolutionary biologists. (I say the same to my own students.) Studying abroad, as graduate student or postdoc, provides the opportunity to network, to form friendships and collaborations. Whether you have had that experience or not, I urge you to publish in international journals, attend conferences of the major societies such as the Society for the Study of Evolution, and collaborate in international research

efforts if you possibly can. Many societies and journals explicitly include seats for international representatives on their committees or editorial boards, and Colombian biologists include some who are ready to hold those positions, or soon will be.

The conference in Medellín in 2011 demonstrated that Colombia's young biologists have immense enthusiasm and proven ability to do research that is second to none, and who can transmit their knowledge, understanding, and research perspective to their own students. I hope Colombian and international funding agencies will recognize the great talent and promise that you represent, and the importance of the questions and problems that you can address. I feel honored to have been invited to speak in Medellín and to contribute this slight essay in celebration of the emergence of a Colombian Evolutionary Biology. With sincere thanks,

Douglas J. Futuyma  
7 April 2013

<sup>2</sup> Distinguished Professor, Stony Brook University, New York.  
Contacto: <futuyma (at) life.bio.sunysb.edu>



Cornelio Bota Sierra, 2013  
Cicadellidae  
California, Santander

# RECONOCIMIENTOS

**Abril 2013**

**Raul G. Cuero**

Biólogo de la Universidad del Valle, PhD de la Universidad de Strathclyde y de la Universidad de Ohio, quien actualmente se desempeña como presidente y director de investigaciones del Parque de la Creatividad y asesor científico de la NASA, fue anunciado como el mejor científico hispano del 2013. El galardón es otorgado por el Museo de Ciencia e Industria de Tampa, Mosi.

**Junio 2013**

**Carlos Daniel Cadena**

La Academia de Ciencias para el Mundo en Desarrollo (TWAS) ha otorgado el premio a mejor científico joven colombiano a este biólogo de la Universidad de los Andes, PhD de la Universidad de Missouri y quien actualmente es el director del Departamento de Ciencias Biológicas de la Universidad de los Andes. Este premio es otorgado todos los años a investigadores menores de 40 años que hayan realizado excelentes contribuciones al avance de la ciencia, medidas en términos de número e impacto de artículos científicos publicados en revistas reconocidas internacionalmente. Daniel ha participado en alrededor de 40 publicaciones en revistas como *Evolution*, *Ecology Letters* y *Nature*.



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Ectobiidae  
San Luis, Antioquia

# BIODIVERSIDAD

## Aldemar Acevedo y colegas

Dos nuevas especies de salamandras del género *Bolitoglossa* fueron descritas recientemente en la Cordillera Oriental, dentro del área de influencia del Parque Nacional Natural Tamá (Norte de Santander), en límites con Venezuela. Se trata de *B. tamaense* y *B. leandrae*. Estos registros reafirman a Colombia como el país sudamericano con más especies de Caudados, a pesar de lo poco que se han estudiado en esta parte del neotrópico. Los autores enfatizan en la necesidad de documentar mucho más a estas especies para contribuir con su conservación.



Fotografías cortesía de Aldemar Acevedo. Arriba: Adultos de *Bolitoglossa tamaense*. Abajo: Adultos de *Bolitoglossa leandrae*.

**Artículo:** Acevedo A, Wake D, Márquez R, Silva K, Franco R, Amézquita A. 2013. Two new species of salamanders, genus *Bolitoglossa* (Amphibia, Plethodontidae) from the Eastern Colombian Andes. *Zootaxa*, 3609(1).

**Enlace:** <http://biotaxa.org/Zootaxa/article/view/222>

## Juli Pujade-Villar y colegas

Estos investigadores de la Universidad de Barcelona reportan para Colombia un nuevo género y tres nuevas especies de la subfamilia Figitinae: el género *Ferpereira* y las especies *F. fiorellae*, *Neralsia levis* y *F. colombiensis*. Los especímenes fueron hallados en los departamentos de Boyacá y Huila. Su descripción para Sudamérica es un aporte valioso en el intento por esclarecer la sistemática de estos insectos Hymenoptera poco conocidos. Se presume un origen Gondwánico para la familia Figitidae y la mayoría de la información que se tiene de ella proviene de continentes septentrionales.



Fotografías cortesía de Juli Pujade-Villar. A la derecha, la cabeza de un individuo de *Ferpereira fiorellae*. Izquierda: Vista dorsal de un ejemplar de *Figitinae colombiensis*.

**Artículo:** Pujade-Villar J, Petersen-Silva R, Paretas-Martínez J. 2013. Description of a new genus and three new species of Figitinae (Hymenoptera: Cynipoidea: Figitidae) from Colombia. *Neotropical Entomology*, 42(1). DOI: 10.1007/s13744-012-0095-z

**Enlace:** <http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs13744-012-0095-z>

# INVESTIGACIÓN EN COLOMBIA

## ¿POR QUÉ ES TAN ESCASA LA INVESTIGACIÓN EN BIOLOGÍA EVOLUTIVA EN COLOMBIA?

Juan Pablo Narváez-Gómez<sup>3</sup>

La respuesta se encuentra anclada a una realidad social, política y económica compleja. Nuestro país asumió un modelo de desarrollo cuyo fin principal es el crecimiento económico. La idea de que la triada Universidad-Empresa-Estado (UEE) es esencial para sacar al país del subdesarrollo tomó fuerza durante los últimos años y empezó a determinar cómo se destinan los recursos para la investigación científica y social. Se notó que si Colombia quería hacer parte—sin quedarse atrás—de un mundo globalizado debía apostarle a la economía global del conocimiento.

Paradójicamente, el afán propio de los gobiernos de turno por aumentar el valor de los indicadores de crecimiento económico condujo a circunstancias que van en contravía de este propósito. En particular quiero resaltar dos asuntos que sin ser los únicos son preocupantes. La ausencia de una financiación adecuada y el privilegio de unos tipos de investigaciones sobre otros que obstaculizan la dinámica de la comunidad académica. Los argumentos que los sustentan son extensos y el espacio disponible en esta nota pequeño. Por eso los expondré brevemente, so pena de estar incompletos. Ellos han sido objeto de debate recientemente en periódicos nacionales y en foros académico (ej. “Foro Investigación y Desarrollo en Colombia para el Siglo XXI” realizado el 3 de abril del presente año en la Universidad de los Andes).

El modelo UEE pretende aumentar la financiación de la investigación que sea pertinente para la productividad, el incremento de la economía y el desarrollo social. Este es un propósito sensato. Sin embargo, la tendencia fue el privilegio creciente de la investigación aplicada que contribuye de manera inmediata a la solución de problemas productivos, en detrimento de las humanidades y las ciencias básicas—entre éstas la que nos compete: la biología evolutiva. Este no es privilegio sensato. La aplicación del conocimiento depende de una caracterización rigurosa de los problemas que aquejan al país, del desarrollo conceptual y metódico de las ideas, de la crítica y del reconocimiento de nuestro contexto. Las humanidades y las ciencias básicas hacen precisamente eso. No puede haber aplicación efectiva sin conocimiento básico, sin una perspectiva que proyecte a largo plazo la solución de los problemas.

Además de las maneras habituales de medir el impacto de una investigación—publicaciones en revistas indexadas, citas y formación de estudiantes—no existen formas alternativas que comprueben el impacto económico y social. Por lo general son pocos los proyectos aprobados cuyos resultados se traducen en crecimiento económico y bienestar social, pues muchos suelen quedarse en prototipos, aplicaciones remotas, patentes en registro formal y producción de instrumentos ya desarrollados en algún otro lugar\*. Así las cosas, ¿qué sentido tiene privilegiar económicamente a las ciencias aplicadas si su impacto social y económico consiste en contribuir con los mismos indicadores con que se miden las investigaciones en áreas que no tienen un espíritu tan pragmático?

Otro aspecto de la financiación es que Colombia invierte alrededor del 0.46% del PIB en investigación—el menor al porcentaje del PIB invertido en investigación respecto a otros países del continente— y un porcentaje de las regalías producto de la explotación de recursos naturales conferido recientemente. Aunque el dinero proveniente de las regalías es un gran avance, que su distribución sea por regiones y no directamente a través de Colciencias, y la falta de políticas administrativas claras por parte del gobierno pueden resultar en la politización y desviación de los recursos hacia otros intereses no propiamente académicos. Esto tendría como consecuencias un debilitamiento de la comunidad académica nacional y una disminución de la calidad de la investigación por falta de recursos permanentes.

Además, la falta de seriedad por parte del gobierno con Colciencias ha hecho que en tres años se haya cambiado tres veces el director del departamento y se haya reducido ostensiblemente la financiación de posgrados en el exterior. Se pasaron de 140.000 millones de pesos en 2012 a 34.000 millones en 2013 con los cuales se debe cubrir además la financiación de semilleros de investigación y otros campos. Con este presupuesto solo se financiarían este año a 50 estudiantes de doctorado en todo el país. Si tomamos en cuenta que en parte las decisiones sobre qué proyectos financiar descansará sobre la pertinencia de los proyectos para el desarrollo de las regiones, en este contexto la biología evolutiva no será una de las áreas privilegiadas.

La ausencia de una financiación adecuada para la investigación y el privilegio de unos tipos de estudios sobre otros minan el desarrollo económico, social e



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Acrididae  
Belmira, Antioquia

intelectual de nuestro país. No es que solo deban estudiarse ciencias básicas, historia o filología. Si realmente se quiere que Colombia progrese en alguna dirección, deben financiarse por igual aquellas disciplinas que nos permitan caracterizar nuestra realidad con espíritu crítico y planear soluciones a largo plazo, como aquellas que a corto plazo implican un crecimiento económico y tecnológico. Las ciencias y las humanidades deberían financiarse tan solo por tener una relevancia cultural invaluable. Sin embargo, este deseo está lejos de hacerse realidad; aquello que la sociedad financia es lo que sus líderes consideran importante.

¿De qué depende que Colombia decida exigir a sus gobernantes que se financie y se le dé al conocimiento el estado que merece como vía para el desarrollo? Como preguntó la señora Luz Marina Anderfelt en el Grupo de Estudios en Biología Evolutiva de la MTR Antioquia y el Parque Explora: “Bueno, y al fin de cuentas, ¿por qué estudiar biología evolutiva?”

De cómo se responda a esta pregunta depende que la biología evolutiva tenga un lugar más visible en la agenda de investigación de nuestro país, que nuestros líderes y en especial los contribuyentes vean el sentido de estudiar algo tan “insignificante” económicamente.

\* Si el lector está interesado en el desarrollo de esta idea y en las dificultades que tiene la relación universidad-empresa puede remitirse al texto “La investigación en la universidad y el sector productivo: Una relación difícil” del profesor Jorge Orlando Melo.

**Enlace:** <http://www.jorgeorlandomelo.com/bajar/Universidad%20y%20sector%20productivo.pdf>

<sup>3</sup> Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia  
Contacto: <jupanago (at) gmail.com>

# DESARROLLOS COMPUTACIONALES

## RetroSeq

Una proporción significativa de los genomas eucariotas consiste de secuencias derivadas de elementos transponibles (ET). Estos elementos son conocidos por tener la capacidad de modular funciones génicas y evolución de genomas. Keane y colaboradores han desarrollado RetroSeq para detectar inserciones de ET a partir de datos genómicos.

**Referencia:** Keane TM, Wong K, Adams DJ. 2012. RetroSeq: transposable element discovery from next-generation sequencing data. *Bioinformatics*, 29(3). DOI: 10.1093/bioinformatics/bts697

**Enlace:** <http://www.sanger.ac.uk/resources/software/retroseq/>

## HAL

Alineamientos grandes de múltiples genomas y genomas ancestrales inferidos son recursos ideales para estudios comparativos de evolución molecular. Los avances en tecnologías de secuenciación y computación hacen que estos recursos sean cada vez más asequibles. Estas estructuras pueden proveer un rico entendimiento de las relaciones genéticas entre los subgrupos de especies que estos contienen. Los formatos actuales de almacenamiento de alineamientos genómicos, como XMFA y MAF, están todos indexados y ordenados usando un único genoma de referencia, sin embargo, esto limita la información que puede ser obtenida respecto a otras especies o clados. Esta pérdida de información crece con el número de especies bajo comparación como también con su distancia filogenética. Hickey y colaboradores presentan HAL, un formato de alineamiento jerárquico basado en gráficos para el almacenamiento de alineamientos de múltiples genomas y reconstrucciones ancestrales. Las gráficas de HAL están indexadas en todos los genomas que contiene. Además están organizados filogenéticamente, lo que permite un acceso modular y paralelo a subclados arbitrarios sin fragmentación debido a los rearrreglos que han ocurrido en otros linajes. Las gráficas de HAL pueden ser creadas o leídas con C++ API. También cuentan con un conjunto de herramientas para llevar a cabo operaciones básicas como importar y

exportar datos, identificar mutaciones y coordinar mapeo.

**Referencia:** Hickey G, Paten B, Earl D, Zerbino D, Haussler D. 2013. HAL: a hierarchical format for storing and analyzing multiple genome alignments. *Bioinformatics*, 28(10). DOI: 10.1093/bioinformatics/btt128

**Enlace:** <http://github.com/glennhickey/hal>

## DAMBE5

DAMBE ha ganado nuevas funciones desde su lanzamiento en 2001 como un programa para análisis filogenéticos, análisis de datos para biología molecular y evolución. Éstas son: 1) recuperación, edición, manipulación y conversión de secuencias entre más de 20 formatos (i.e. cMEGA, NEXUS, PHYLIP, GenBank y NeXML), 2) descubrimiento y caracterización de motivos protéicos (i.e. position weight matrix y Gibbs sampler), 3) herramientas de análisis genómico descriptivo (índices de adaptación, número efectivo de codones, punto isoelectrico de proteínas, predicción de estructuras secundarias de ARN y proteínas, energía mínima de plegamiento y gráficos de sesgo genómico mutacional con tamaños de ventana optimizados), 4) herramientas básicas de filogenética molecular (alineamientos, reconstrucción de árboles por distancia genética, máxima parsimonia y máxima verosimilitud, evaluación de hipótesis de reloj molecular, datación de duplicaciones génicas y eventos de especiación, evaluación de modelos de sustitución y estimación de tasas de heterogeneidad), 5) métodos comparativos basados en filogenias para variables continuas y discretas, y 6) funciones gráficas, desde visualización de estructuras secundarias, gráficos optimizados de sesgo mutacional e hidrofobicidad, y visualización de árboles filogenéticos.

**Referencia:** Xia X. 2013. DAMBE5: a comprehensive software package for data analysis. *Molecular Biology and Evolution*. DOI:10.1093/molbev/mst064

**Enlace:** <http://dambe.bio.uottawa.ca/dambe.asp>

# COMENTARIO CIENTÍFICO

## LA BASE GENÉTICA DE LAS ADAPTACIONES: CRÓNICA DE NUESTRA IGNORANCIA

Daniel R. Matute<sup>4</sup>

Uno de los principales eventos en la historia evolutiva de una especie es el origen de fenotipos por medio de selección natural. Establecer cuál es la arquitectura genética de caracteres adaptativos es una de las principales metas de los genetistas evolutivos. El foco de estos estudios inicialmente fue la descripción de tales fenotipos. Actualmente, son múltiples los objetivos de los estudios de caracteres adaptativos. Primero, una de las preguntas sin resolver en biología es la conexión precisa entre genotipo y fenotipo (1). El estudio de adaptaciones permite establecer esta conexión en caracteres cuya influencia para la persistencia (o el origen) de especies es clara. Segundo, es posible que algunos caracteres adaptativos aceleren las tasas de especiación en algunos grupos taxonómicos (2-4). La identificación de la base genética de estos caracteres, permiten establecer una conexión entre procesos micro- y macroevolutivos. Finalmente, este tipo de estudios nos permiten determinar si es posible que la selección natural actué a través de los mismos mecanismos genéticos en diferentes grupos taxonómicos (5, 6). La resolución de estas preguntas inevitablemente requiere la identificación de la base genética de este tipo de caracteres.

Uno de los mayores interrogantes es cuántos genes están involucrados en adaptaciones. La aplicación de diversas técnicas de mapeo genético ha llevado a la identificación de diferentes alelos involucrados en adaptaciones tan variadas como resistencia a la altitud en múltiples poblaciones humanas o patrones de pigmentación en diferentes grupos taxonómicos. Sin embargo el aislamiento de alelos individuales revela poco con respecto a la arquitectura genética de los caracteres (7, 8). La pregunta principal que surge de este tipo de estudios es cuántos otros genes están involucrados en la evolución de estos caracteres adaptativos. En ninguno de estos casos ha sido posible establecer si los genes identificados son los únicos alelos que están involucrados o si hay otros alelos de efectos menores que pueden modificar el fenotipo o en algunos casos no tener impacto en el carácter como tal pero haber facilitado o permitido su evolución (9). Teoría formulada desde el auge de la síntesis evolutiva indica que los caracteres adaptativos son probablemente codificados por una gran cantidad de alelos y que los caracteres oligogénicos (mal llamados mendelianos) son raros (10). Trabajos en genética cuantitativa que han sido llevados a cabo durante los últimos 70 años validan esta hipótesis (11). Sin embargo, la mayoría de esfuerzos de mapeo usualmente identifican pocos alelos con un gran efecto en el fenotipo. Esto ha generado un

álvido debate con respecto a cuantos alelos están involucrados en el proceso de adaptación y si los actuales estudios tienen el poder estadístico para identificar todos los alelos involucrados en un fenotipo (9, 12,13). Este campo de estudio está abierto y el veredicto de cuantos alelos están involucrados en caracteres adaptativos está por resolverse.

La secuenciación de genomas completos ha dado lugar a otra serie de estudios en los que se secuencian dos especies con fenotipos disímiles y por medio de análisis bioinformáticos se identifican las mayores diferencias entre dos clados. Este método ha sido utilizado para analizar genomas de una multitud de organismos, para analizar el origen de caracteres tan notables como la evolución del vuelo y la colonización terrestre (14-19). Estos análisis presentan un problema claro. Primero, las conclusiones se basan en diferencias entre dos genomas ciertamente disímiles; sin embargo la diferenciación no significa causalidad, por lo cual este tipo de comparaciones genómicas deben ser validadas de forma funcional. Sin embargo este tipo de estudios no son validados y no hay una aplicación del método científico como tal. Si una familia génica muestra una rápida expansión en un linaje con una adaptación en particular, no existe evidencia que estos dos eventos estén correlacionados. Esto no significa que los estudios genómicos para el estudio de adaptaciones sean impráctico o no recomendado. Todo lo contrario. La generación de genomas completos con el estudio dedicado de patrones biológicos y la validación experimental es una herramienta tremendamente poderosa para el avance de la biología evolutiva. Una alternativa es el estudio de genomas para generar hipótesis nulas que pueden ser validadas por medio de análisis genéticos, bioquímicos y funcionales.

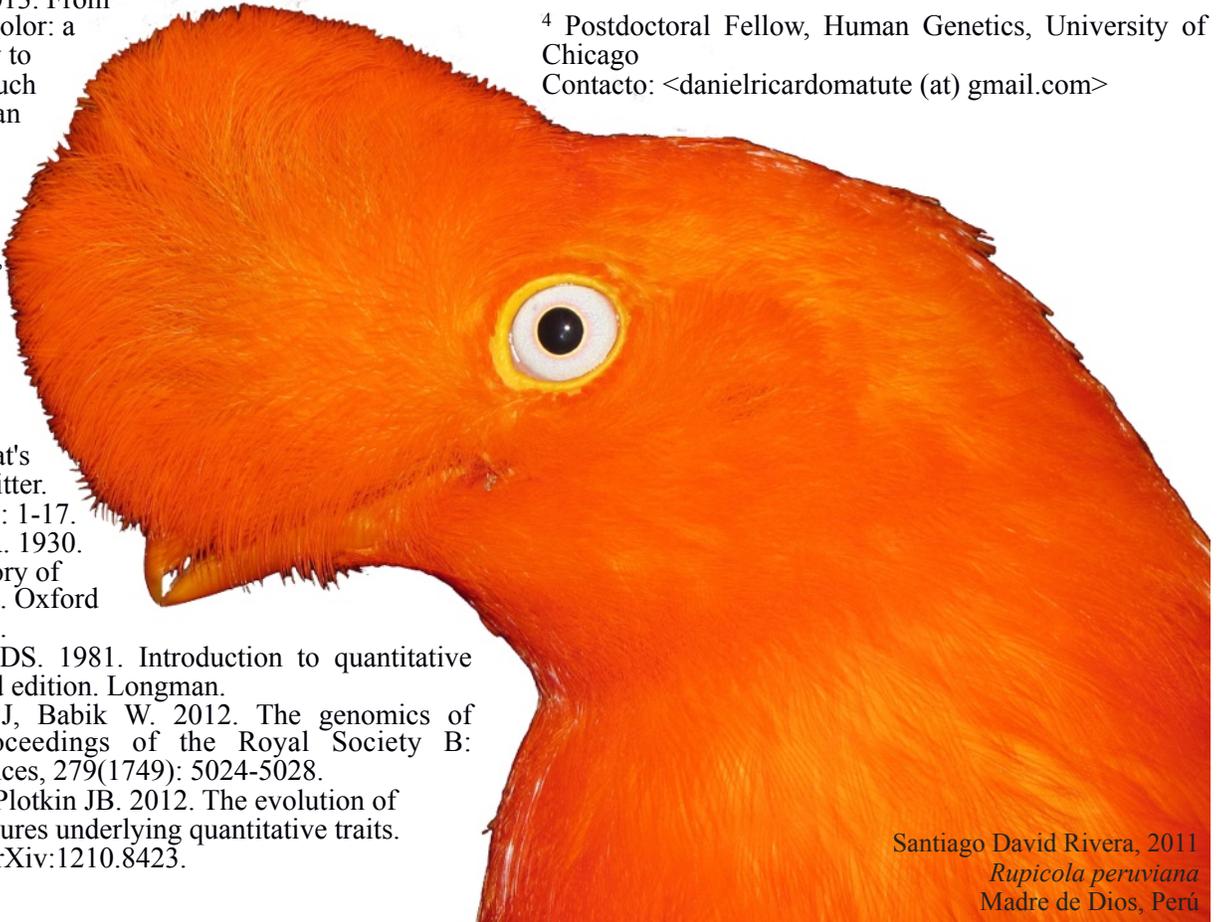
Una tercera generación de estudios de la base genética de fenotipos adaptativos ha tenido como objetivo la identificación de variantes genéticas que han sido el objeto de selección a nivel molecular. Este tipo de estudios combinan el uso de genómica con estudios de evolución molecular para determinar si hay variantes genéticas que han evolucionado más rápido de lo esperado. La combinación de este tipo de resultados con técnicas moleculares ha permitido la validación de los resultados generados por medio de estudios de secuencias (20, 21). Estudios de esta índole son notables porque han permitido el estudio de caracteres potencialmente adaptativos en un contexto funcional y han establecido una hoja de ruta en la necesidad de validar hipótesis generadas por medio de estudios genómicos. Este tipo de estudios, han generado una corriente de pensamiento que incorpora estudios a niveles del genoma completo para generar hipótesis nulas que pueden ser corroboradas por medio de genética funcional. La combinación de métodos de biología evolutiva en una perspectiva multidisciplinaria

nos permitirá resolver preguntas con respecto a los mecanismos genéticos y evolutivos que llevan al origen de múltiples caracteres y al fin y al cabo, resolver el misterio que representa el origen de múltiples organismos.

## REFERENCIAS

1. Wagner GP, Zhang J. 2011. The pleiotropic structure of the genotype–phenotype map: the evolvability of complex organisms. *Nature Reviews Genetics*, 12(3): 204-213.
2. Schluter D. 2000. *The ecology of adaptive radiation*. OUP Oxford.
3. O'Meara BC. 2012. Evolutionary inferences from phylogenies: a review of methods. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 43: 267-285.
4. Carlson BA, Hasan SM, Hollmann M, Miller DB, Harmon LJ, Arnegard ME. 2011. Brain evolution triggers explosive diversification of species and signals. *Science*, 332: 583-586.
5. Stern DL, Orgogozo V. 2008. The loci of evolution: how predictable is genetic evolution?. *Evolution*, 62(9): 2155-2177.
6. Zhen Y, Aardema ML, Medina EM, Schumer M, Andolfatto P. 2012. Parallel molecular evolution in an herbivore community. *Science*, 337(6102): 1634-1637.
7. Wu XL, Hu ZL. 2012. Meta-analysis of QTL Mapping Experiments. In *Quantitative Trait Loci (QTL)*: 145-171. Humana Press.
8. Slate J. 2013. From Beavis to beak color: a simulation study to examine how much QTL mapping can reveal about the genetic architecture of quantitative traits. *Evolution*, 67: 1251-1262.
9. Rockman MV. 2012. The QTN program and the alleles that matter for evolution: all that's gold does not glitter. *Evolution*, 66(1): 1-17.
10. Fisher RA. 1930. *The general theory of natural selection*. Oxford University Press.
11. Falconer DS. 1981. *Introduction to quantitative genetics*. Second edition. Longman.
12. Radwan J, Babik W. 2012. The genomics of adaptation. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1749): 5024-5028.
13. Rajon E, Plotkin JB. 2012. The evolution of genetic architectures underlying quantitative traits. arXiv preprint arXiv:1210.8423.
14. Zhang G. 2013. Comparative analysis of bat genomes provides insight into the evolution of flight and immunity. *Science*, 339(6118): 456-460.
15. Abramyan J et al. 2013. The western painted turtle genome, a model for the evolution of extreme physiological adaptations in a slowly evolving lineage. *Genome Biology*, 14(3): R28.
16. Amemiya CT et al. 2013. The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution. *Nature*, 496(7445): 311-316.
17. Cai Q et al. 2013. The genome sequence of the ground tit *Pseudopodoces humilis* provides insights into its adaptation to high altitude. *Genome biology*, 14(3), R29.
18. Tsai IJ et al. 2013. The genomes of four tapeworm species reveal adaptations to parasitism. *Nature*, 496: 57-63.
19. Zhan X, Pan S, Wang J, Dixon A, He J, Muller MG, Bruford MW. 2013. Peregrine and saker falcon genome sequences provide insights into evolution of a predatory lifestyle. *Nature Genetics*, 45: 563-566.
20. Kamberov YG et al. 2013. Modeling recent human evolution in mice by expression of a selected EDAR variant. *Cell*, 152(4): 691-702.
21. Arnoult L, Su KF, Manoel D, Minervino C, Magriña J, Gompel N, Prud'homme B. 2013. Emergence and diversification of fly pigmentation through evolution of a gene regulatory module. *Science*, 339(6126): 1423-1426.

<sup>4</sup> Postdoctoral Fellow, Human Genetics, University of Chicago  
Contacto: <danielricardomatute (at) gmail.com>



Santiago David Rivera, 2011  
*Rupicola peruviana*  
Madre de Dios, Perú

# RESEÑA INVESTIGADOR COLOMBIANO

## CARLOS DANIEL CADENA

Ángela Patricia Navas-Berdugo<sup>5</sup>

Andrea Morales-Rozo<sup>6</sup>

Daniel Cadena, como prefiere que le llamen, es actualmente uno de los ornitólogos evolutivos colombianos más reconocidos, ha sido docente de diferentes cursos nacionales e internacionales. Cuenta con diversos tipos de publicaciones en revistas de alto impacto y de opinión, como lo es su blog *Evolución y Diversidad*\*.

Estudió biología en la Universidad de los Andes, donde despertó su interés por las aves después de ver ornitología con Loreta Rosselli. Desde entonces realizó sus primeros aportes a la ornitología colombiana con varias descripciones de nidos, inventarios de aves con énfasis en humedales de la Sabana de Bogotá, y finalmente su estudio sobre interacciones entre plantas y colibríes en los bosques montanos de Ucumarí. Continuó con sus estudios doctorales en la Universidad de Missouri en donde desarrolló su tesis doctoral tomando como sistema de estudio las aves del género *Buarremon*. En su trabajo integró ecología, evolución y sistemática con el fin de determinar patrones biogeográficos en las especies pertenecientes a este género. Paralelamente, publicó diversos artículos sobre biología reproductiva, taxonomía, filogenética y especiación. Desde ese momento se comenzaba a perfilar como uno de los investigadores más importantes en biología evolutiva en Colombia.

Conocimos a Daniel hace aproximadamente siete años, cuando ingresó a la Universidad de los Andes como profesor asistente y donde hoy se desempeña como docente, investigador y director del Departamento de Ciencias Biológicas. Su primera asignatura, Vertebrados, fue todo un reto y él generó un cambio trascendental en la manera en la que ésta se enseñaba. Daniel actualizó la materia, y en todas sus clases uno de los aspectos más impresionantes fue la asombrosa cantidad de artículos científicos a los que hacía referencia, se pasó de hablar únicamente de lo que estaba en los

libros para sustentarlo con bibliografía actualizada, ¡incluso publicada dos horas antes de la clase! De manera paralela organizó el Laboratorio de Biología Evolutiva de Vertebrados donde, según sus palabras textuales “comenzó a formar sus nuevos retoños”. Los frutos de su trabajo comenzaron a verse pronto, rápidamente pasó de tener tres a tener 10 estudiantes en su laboratorio, número que en promedio se ha mantenido desde ese entonces.

A pesar de que su área de trabajo es la ornitología Daniel se le ha medido a dirigir y codirigir tesis que tienen como sistema de estudio otros grupos de vertebrados (peces, anfibios, tortugas, mamíferos). Ha sido interesante ver como él le ha dado la oportunidad a muchos estudiantes de desarrollar sus proyectos de grado en las áreas que les interesan y ha aceptado tantos tesis como su tiempo se lo ha permitido. De cierta manera le ha abierto las puertas del conocimiento y la investigación a todos los que se han acercado a él pidiendo un consejo.

Como director de tesis, Daniel nos permitió moldear nuestros proyectos a nuestro antojo, por supuesto siempre entre los límites lógicos, cada una de nuestras ideas fue evaluada y modificada para que pudiéramos implementarla en nuestras investigaciones. Ha sido más que un director que se limita a revisar los manuscritos de las tesis, ya que ha inculcado en sus estudiantes valores como el compromiso y la responsabilidad. Adicionalmente, con el ejemplo hemos adquirido la rigurosidad y disciplina propia de un científico. Hoy sus estudiantes plantean novedosos proyectos de investigación que desarrollan en colaboración con científicos de diversos lugares del mundo, y que reciben financiación y premios de distintas instituciones nacionales e internacionales.

Es inspiradora la meticulosidad y seriedad con la que Daniel trabaja, la pasión con la que dicta sus clases, la claridad con la que asesora a sus estudiantes y la generosidad con la que comparte todo el conocimiento que posee. Sea esta la oportunidad para agradecerle, a nombre de todos

los que hemos tenido la fortuna de ser sus pupilos, por su infinita paciencia, dedicación y apoyo.

\* Enlace al blog Evolución y diversidad: <http://evodiversidad.blogspot.com/>

<sup>5</sup> MSc. en Ciencias Biológicas. Profesora de tiempo completo, Universidad Central.

<sup>6</sup> MSc. en Ciencias Biológicas. Investigadora del Grupo Herpetológico de Antioquia, Universidad de Antioquia. Directora de Proyectos de la Sociedad Antioqueña de Ornitología, Medellín, Colombia.



**Fuente:** [http://evolvert.uniandes.edu.co/Biologia\\_Evolutiva\\_de\\_Vertebrados/C.\\_D.\\_Cadena.html](http://evolvert.uniandes.edu.co/Biologia_Evolutiva_de_Vertebrados/C._D._Cadena.html)

# INVESTIGACIONES COLOMBIANAS

## Las selvas tropicales pueden soportar el calentamiento global

Andrés L. Cárdenas<sup>7</sup>

Actualmente existe una gran preocupación acerca de la respuesta futura de la selva tropical de Suramérica ante el actual calentamiento global. Las estimaciones de temperatura muestran que al final de este siglo las temperaturas globales aumentarían entre 1.4 a 5.8 °C, como resultado la selva tropical experimentaría temperaturas medias anuales mayores a los 29 °C. Bajo estas nuevas condiciones, varios autores han sugerido que los niveles de diversidad de la selva tropical alcanzarán mínimos históricos y por lo tanto este ecosistema colapsará. Sin embargo, el registro geológico nos muestra que la tierra ha sufrido múltiples episodios de calentamiento global y debido a esto el estudio de los cambios de diversidad ocurridos en los bosques tropicales fósiles es fundamental para establecer predicciones robustas acerca de su futuro. En un reciente artículo titulado 'Global Warming and Neotropical Rainforest: A historical perspective' Carlos Jaramillo y Andrés Cárdenas, paleontólogos en el Instituto Smithsonian de Investigación Tropical, basados en la compilación de aproximadamente 6000 registros empíricos de temperatura tropical durante los últimos 120 millones de años y la comparación de las dinámicas de diversidad entre el bosque tropical y templado de Sur América durante el Paleógeno (~65 millones de años atrás hasta el presente), obtenido de los registros paleobotánicos y palinológicos, han determinado que: (i) las regiones paleotropicales durante los eventos de calentamiento global han incrementado sus temperaturas, respecto a las actuales, hasta en 7°C, (ii) aunque las paleotemperaturas globales durante estos episodios de calentamiento fueran apropiadas para la expansión de los bosques tropicales hacia las zonas templadas esto no sucedió, sugiriendo que la radiación solar juega un rol importante en la distribución espacial de los biomas tropicales, (iii) por el contrario, durante estos eventos de calentamiento global, en la zona localizada inmediatamente al sur del área tropical suramericana, caracterizada por tener inviernos más cálidos y alta pluviosidad, un bioma distinto y sin análogo moderno se desarrolló. Finalmente (iv) el bosque tropical no colapsó durante los episodios pasados de calentamiento global y contrariamente a lo esperado su diversidad incrementó. Lo que sugiere que el aumento de temperatura ha sido uno de los principales promotores de diversidad tropical a través de largos períodos de tiempo (miles a millones de años).

**Referencia:** Jaramillo C, Cárdenas A. 2013. Global warming and neotropical rainforest: a historical perspective. *Annual Reviews of Earth and Planetary Sciences*. DOI: 10.1146/annurev-earth-042711-105403

**Enlace:** <http://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-earth-042711-105403>

<sup>7</sup> Postdoctoral Fellow, Smithsonian Tropical Research Institute

Contacto: <alc1006 (at) gmail.com>



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Salticidae  
Puerto Nariño, Amazonas

# NOTICIAS NACIONALES

## **Concurso Profesorial 2013, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.**

Abierta convocatoria para proveer cargos docentes de dedicación exclusiva y de cátedra en distintas áreas de las ciencias biológicas, entre otras: Anatomía vegetal, Morfología funcional y evolución de vertebrados, Biología del desarrollo y evolución.

Fecha límite para recepción de documentos: 26 de julio de 2013

**Enlace:** <http://www.concursoprofesorunal.unal.edu.co/ConcursoDocente//page.php?43>

## **Curso Sexo y Conflicto: selección sexual con énfasis en artrópodos**

Instituciones: Sociedad Colombiana de Entomología, Universidad Jorge Tadeo Lozano

Lugar: Bogotá

Fecha: 10-20 de julio de 2013

**Enlace:** [www.socolen.org.co/cong\\_cursos.html](http://www.socolen.org.co/cong_cursos.html)

## **III Congreso Iberoamericano y del Caribe de Restauración Ecológica**

Instituciones: Red Iberoamericana y del Caribe de Restauración (RIACRE) y Red Colombiana de Restauración Ecológica (REDCRE)

Lugar: Bogotá

Fecha: 29-31 de julio de 2013

**Enlace:** <http://www.congreso2013.redcre.com>

## **IX Coloquio de Insectos Sociales**

Instituciones: Sección Bolivariana de la Unión Internacional para el Estudio de los Insectos Sociales y Universidad del Valle

Lugar: Cali

Fechas importantes: 21-24 de agosto de 2013, inscripción temprana hasta el 30 de junio

**Enlace:** <http://iussibolivariana.univalle.edu.co>

## **XI Encuentro Colombiano de Dinámica de Sistemas**

Instituciones: Comunidad Colombiana de Dinámica de Sistemas y Universidad Industrial de Santander.

Lugar: Bucaramanga

Fechas importantes: 11-13 de septiembre de 2013, inscripción temprana hasta 1 de agosto

**Enlace:** <http://simon.uis.edu.co/11encuentrods>

## **IV Congreso Colombiano de Ornitología**

Instituciones: Pontificia Universidad Javeriana, Cali y Asociación Colombiana de Ornitología (ACO)

Lugar: Cali

Fechas importantes: 5-8 de noviembre de 2013, inscripción temprana hasta el 31 de agosto.

**Enlace:** <http://congresocolombianodeornitologia.org/>



Cornelio Bota Sierra, 2012  
Membracidae; tribu Membracini  
Anorí, Antioquia

# NOTICIAS INTERNACIONALES

## Cursos virtuales en Coursera

Periódicamente Coursera oferta cursos en una gran variedad de áreas. Entre ellos recomendamos dos:

*Introduction to Genetics and Evolution* por Mohamed Noor, 12 semanas, inicia el 3 de enero de 2014. **Enlace:** <https://www.coursera.org/course/geneticsevolution>

*Computing for Data Analysis* por Roger Peng, 4 semanas, inicia en septiembre de 2013. **Enlace:** <https://www.coursera.org/course/compdata>

## Lepidoptera course 2013

Taxonomy, ecology and evolution

Lugar: Arizona, Estados Unidos

Fecha: 8-17 de agosto de 2013

**Enlace:** <http://research.amnh.org/swrs/education/lepidoptera-course>

## V Congress of the Italian Society for Evolutionary Biology

Lugar: Trento, Italia

Fechas importantes: 28-31 de agosto de 2013, recepción de trabajos hasta el 23 de junio

**Enlace:** <http://evoluzione2013.it/>

## International Symposium and Annual National Science Meeting

Thirty years of Thornhill & Alcock: The Evolution of Insect Mating Systems

Lugar: Saint Andrews, Escocia

Fechas importantes: 4-6 septiembre de 2013, inscripciones hasta el 19 de agosto

**Enlace:** <http://www.royensoc.co.uk/content/ento-13-4-6-september-2013>

## Black Forest Summer School 2013

Bioinformatics for molecular biologists

Lugar: Freiburg, Alemania

Fechas importantes: 10-13 de septiembre de 2013, inscripciones y recepción de trabajos hasta el 30 de julio

**Enlace:** <http://plantco.de/BFSS2013/>

## Mathematics for an Evolving Biodiversity

Lugar: Montreal, Canadá

Fechas importantes: 16-20 de septiembre de 2013, inscripción temprana hasta el 15 de mayo, recepción de trabajos hasta el 15 de julio

**Enlace:** [http://www.crm.umontreal.ca/2013/Biodiversity13/inscription\\_e.php](http://www.crm.umontreal.ca/2013/Biodiversity13/inscription_e.php)

## 17<sup>th</sup> Evolutionary Biology Meeting at Marseilles

Lugar: Marsella, Francia

Fechas importantes: 17-20 de septiembre de 2013, inscripción temprana antes de junio

**Enlace:** <http://sites.univ-provence.fr/evol-cgr>

## Disentangling Evolution Relationships with Phylogenetics Comparative Methods

Lugar: Barcelona, España

Fecha: 7-11 de octubre de 2013

**Enlace:** <http://www.transmittingscience.org/courses/evol/pcm/>

## III Escuela Latinoamericana de Evolución, Genómica Evolutiva y Aplicada

Lugar: Buenos Aires, Argentina

Fechas importantes: 11-20 de noviembre de 2013, inscripciones entre el 10 de junio y 31 de julio.

**Enlace:** <http://3escuelalatinadevo.blogspot.com.ar/>

## 32<sup>nd</sup> New Phytologist Symposium

Plant interactions with other organisms: molecules, ecology and evolution

Lugar: Buenos Aires, Argentina

Fechas importantes: 20-22 de noviembre de 2013, inscripción temprana antes del 18 de octubre, recepción de trabajos hasta el 13 de septiembre

**Enlace:** <http://www.newphytologist.org/symposiums/view/2>



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Syrphidae  
Liborina, Antioquia

# ARTÍCULOS RECOMENDADOS

## Evolución humana

**Kubo D, Kono RT, Kaifu Y.** 2013. Brain size of *Homo floresiensis* and its evolutionary implications. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2013.0338

El volumen endocraneal (VEC) extremadamente pequeño de LB1, el espécimen tipo de *Homo floresiensis*, representa un reto para nuestro entendimiento de la evolución del cerebro humano. Algunos investigadores hipotetizan un enanismo dramático del tamaño cerebral relativo a *Homo erectus* presumiblemente sin decremento significativo en la función intelectual, mientras otros suponen un grado menor de disminución cerebral a partir de un homínido ancestral de cerebro pequeño del este de Asia, actualmente sin documentar. Sin embargo, inconsistencias en los VECs publicados para LB1 (380-430 cm<sup>3</sup>), el ajuste intraespecífico no claro del tamaño cerebro-cuerpo en humanos y otras incertidumbres han impedido un modelamiento elaborado de su reducción de tamaño cerebral. Kubo y colaboradores determinan de forma precisa el VEC de LB1 usando un escáner de alta resolución. El VEC de LB1 (426cm<sup>3</sup>) es más grande que lo señalado en estudios previos (400 cm<sup>3</sup>). Acoplado con la correlación de tamaño cerebro-cuerpo en *Homo sapiens* (muestra de 20 poblaciones humanas modernas) ellos construyeron nuevos modelos de reducción de tamaño cerebral en la evolución de *H. floresiensis*.

**Enlace:** <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2013.03>

**Gómez-Robles A, Hopkins WD, Sherwood CC.** 2013. Increased morphological asymmetry, evolvability and plasticity in human brain evolution. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2013.0575

El estudio de la evolución cerebral en homínidos se basa en la morfología interna de cráneos fósiles. Sin embargo, sólo algunas características de la morfología cerebral externa son evidentes y muchos detalles anatómicos son difíciles o imposibles de medir. Gómez-Robles y colaboradores usaron técnicas de morfometría geométrica para evaluar diferencias inter- e intraespecíficas en la morfología cerebral por resonancia magnética *in vivo* de chimpancés y humanos, con énfasis en la variación asimétrica. Revelaron que las diferencias chimpancé-humano en morfología cerebral son principalmente simétricas. Entre especies existe continuidad en la variación asimétrica, pero en los humanos el rango de variación es mayor. La variación asimétrica no parece ser el resultado de correlaciones

alométricas a niveles intraespecíficos, mientras que los cambios simétricos presentan efectos alométricos intraespecíficos leves. Sus resultados enfatizan: 1) la evolución de los cerebros de humano y chimpancé (y probablemente especies cercanas) no está fuertemente constreñido morfológicamente, por lo que sus cerebros son altamente evolucionables y sensibles a presiones selectivas. 2) el cerebro de chimpancé, y especialmente el de humano, muestran altos niveles de asimetría fluctuante indicadora de plasticidad del desarrollo pronunciada. Los autores infieren que estas características pueden tener un papel en la evolución cognitiva humana.

**Enlace:** <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2013.0575>

## Evolución del comportamiento

**Storey S, Workman L.** 2013. The effects of temperature priming on cooperation in the iterated prisoner's dilemma. Evolutionary Psychology 11(1).

Storey y Workman estudiaron en conjunto la evaluación interpersonal, la perspectiva de temperatura y modelos teóricos como el Dilema del Prisionero. Los resultados indican que los participantes tienden a cooperar más con los objetos previamente calentados que con los objetos enfriados. Esto apoya la predicción de que la sensación de calor físico influye positivamente en la evaluación de confianza interpersonal.

**Enlace:** <http://www.epjournal.net/articles/the-effects-of-temperature-priming-on-cooperation-in-the-iterated-prisoners-dilemma/>

**Weber J, Peterson B, Hoekstra H.** 2013. Discrete genetic modules are responsible for complex burrow evolution in *Peromyscus* mice. Nature. DOI:10.1038/nature11816

Los ratones de Oldfield (*Peromyscus polionotus*) construyen madrigueras complejas con entradas largas y túneles de escape. La longitud de las madrigueras no varía entre poblaciones y la profundidad varía con la composición del suelo. Por otro lado, el ratón ciervo (*P. maniculatus*) construye pequeñas madrigueras simples. Cruzas entre las dos especies revelan que las madrigueras de los ratones de Oldfield son dominantes y evolucionaron a través de la adición de múltiples cambios genéticos.

**Enlace:** <http://www.nature.com/nature/journal/v493/n7432/full/nature11816.html>

## Ecología evolutiva

**Gonzalez A, Ronce O, Ferriere R, Hochberg M.** 2013. Evolutionary rescue: an emerging focus at the

intersection between ecology and evolution. Philosophical Transactions of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rstb.2012.0404

El rescate evolutivo se presenta cuando la adaptación genética le permite a una población recuperarse de los efectos demográficos desencadenados por un cambio ambiental que de otra manera causaría su desaparición. Esto toma especial relevancia en la actualidad, ante una tasa de cambio ambiental antropogénico que excede la capacidad de muchas poblaciones para adaptarse a las nuevas condiciones. El rescate evolutivo traza el vínculo entre demografía y evolución, con potenciales aplicaciones para mitigar la pérdida de biodiversidad, al elaborar modelos teóricos y experimentales de estos procesos de declive y recuperación que permitirían desarrollar mejores planes para garantizar la persistencia de las poblaciones en escalas temporales cortas.

**Enlace:** <http://rstb.royalsocietypublishing.org/content/368/1610/20120404.abstract>

**Hanley D, Cassey P, Doucet S.** 2013. Parents, predators, parasites, and the evolution of eggshell colour in open nesting birds. *Evolutionary Ecology*. DOI: 10.1007/s10682-012-9619-6

Hanley y colegas desarrollan una aproximación para poner a prueba potenciales factores que influyen sobre la evolución de la coloración de superficie de las cáscaras de huevos en las aves. Un gran conjunto de datos (información de 5604 huevos de 636 especies), permitió determinar que no hay una relación significativa entre la tasa de depredación y el brillo de los huevos, aunque las cáscaras de huevos más brillantes están en un mayor riesgo de depredación en el nido. La hipótesis del “chantaje” recibió respaldo al encontrarse que los huevos más conspicuos recibieron mayor cuidado parental combinado. La hipótesis del reconocimiento también fue apoyada, pues el parasitismo de nidos puede promover la variación en la coloración de las cáscaras de los huevos entre nidadas y facilitar el reconocimiento. La única hipótesis no evidenciada fue la de señalización sexual.

**Enlace:** <http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10682-012-9619-6>

## EvoDevo

**Fleming L, McShea DW.** 2013. *Drosophila* mutants suggest a strong drive toward complexity in evolution. *Evolution & Development*. DOI: 10.1111/ede.12014

Fleming y McShea evaluaron las causas de la tendencia evolutiva a incrementar la complejidad de los organismos partiendo de la premisa de que en ausencia de fuerzas de selección natural o restricciones morfológicas o fisiológicas la variación heredable se acumula y la complejidad se incrementa. Se evaluaron mutantes de laboratorio de *Drosophila melanogaster*, que representan organismos que surgen en ambiente en



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Bibionidae  
Liborina, Antioquia

los que las fuerzas selectivas son reducidas, con cepas silvestres. Los resultados mostraron que las cepas mutantes son significativamente más complejas que las silvestres. Estos resultados representan un primer paso en la aplicación de la “Zero Force Evolutionary Law” (ZFEL), además de mostrar evidencia empírica que soporta esta hipótesis.

**Moda LM et al.** 2013. Nutritionally Driven Differential Gene Expression Leads to Heterochronic Brain Development in Honeybee Castes. Plos one. DOI: 10.1371/journal.pone.0064815.

Los diferentes regímenes alimenticios entre la reina y las obreras de las abejas *Apis mellifera* genera una respuesta en cascada del sistema endocrino que finalmente produce diferencias morfológicas en el cerebro. En este trabajo Moda y colaboradores analizaron la expresión del genoma donde lograron establecer que el desarrollo diferencial del cerebro se da en el estadio larvar 3 (L3), adicionalmente identificaron 21 genes que codifican para proteínas que potencialmente están involucrados en el desarrollo del tejido cerebral, uno de estos genes (*Shot*) se encontró que se transcribe a niveles significativamente más altos en reinas que en obreras en el estadio L4. De esta forma concluyen que durante el periodo larval, el cerebro de las reinas es más largo y se desarrolla más rápido que el de las obreras, esto representa una heterocronía en el desarrollo reflejando el efecto de los diferentes regímenes alimenticios de las dos castas en el desarrollo del sistema nervioso.

## Evolución molecular

**Nelson-Sathi S, Dagan T, Landan G, Janssen A, Steel M, McInerney JO, Deppenmeier U, Martin WF.** 2012. Acquisition of 1,000 eubacterial genes physiologically transformed a methanogen at the origin of Haloarchaea. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.1209119109

Desde hace unas décadas se conoce bien que el modo en que lo genomas procariontes evolucionan es sustancialmente diferente a como lo hacen sus contrapartes eucariotas. La principal razón de esto es la frecuente transferencia horizontal de genes posible entre organismos distantemente relacionados, y que hace que sus genomas sean extremadamente fluidos. Nelson-Sathi y colegas reportan un caso extremo de transferencia génica horizontal que moldeó la historia evolutiva de las arqueobacterias. Compararon 10 genomas de haloarqueas con 1,143 genomas procariontes de referencia, concluyendo que más de 1,000 genes fueron transferidos de fuentes eubacterianas a un metanógeno ancestral convirtiéndolo en una haloarquea. Este estudio arroja luces sobre el evento megaevolutivo que dio origen a las Haloarchaea al interior de las arqueobacterias metanogénicas, y que permitió la transformación de una fisiología anaerobia y quimiolitotrófica a una aerobia, heterotrófica y con fotosíntesis basada en bacteriorhodopsinas.

**Enlace:** <http://www.pnas.org/content/early/2012/11/21/1209119109.abstract>

**Lachowiec J, Lemus T, Thomas JH, Murphy PJM, Nemhauser JL, Queitsch C.** 2013. The protein chaperone HSP90 can facilitate the divergence of gene duplicates. Genetics. DOI: 10.1534/genetics.112.148098

La proteína HSP90 es chaperona, asegura la maduración y doblamiento de otras proteínas. Se ha postulado que relaja la selección sobre sus proteínas “usuarias” facilitando la acumulación de mutaciones. Este trabajo lo comprueba. Lachowiec y colegas usaron una pareja de genes duplicados —uno “usuario” y otro “no usuario” de HSP90— y hallaron que el gen usuario de HSP90 ha evolucionado más rápidamente que el gen no usuario. Un gen duplicado que se convierta en usuario de HSP90 podría entonces ser retenido más fácilmente, propiciando eventos de neo- y subfuncionalización.



Cornelio Bota Sierra, 2011  
Salticidae  
Puerto Nariño, Amazonas

**Enlace:** <http://www.genetics.org/content/193/4/1269.abstract>

## Genética evolutiva

**Anderson JT, Wagner MR, Rushworth CA, Prasad KVS, Mitchell-Olds T.** 2013. The evolution of quantitative traits in complex environments. *Heredity*. DOI: 10.1038/hdy.2013.33

La heterogeneidad ambiental (espacial y temporal) influencia la evolución de caracteres y los patrones de diferenciación poblacional adaptativa. Por ejemplo, la heterogeneidad puede favorecer adaptación local o puede promover la evolución de genotipos plásticos. Diferentes agentes abióticos y bióticos de selección pueden actuar de manera sinérgica para acelerar o restringir la evolución de caracteres. El contexto ambiental tiene efectos profundos sobre los parámetros genéticos cuantitativos. Por ejemplo, las heredabilidades medidas en condiciones controladas exceden las medidas en el campo; así, experimentos de laboratorio podrían sobreestimar el potencial de una población para responder a selección. La mayoría de estudios de la base genética de caracteres ecológicamente relevantes son conducidos en ambientes simplificados de laboratorio, los cuales no reflejan la complejidad del ambiente. Anderson y colegas defienden los experimentos manipulativos de campo en los rangos naturales de especies de plantas que difieren en sistemas de apareamiento, estrategias de historia de vida y forma de crecimiento. Los estudios de campo son vitales para evaluar los papeles de agentes selectivos, dilucidar los blancos de la selección y desarrollar una perspectiva matizada de la evolución de caracteres cuantitativos. Los estudios en el campo de la genética cuantitativa también arrojarán luz sobre el potencial de las poblaciones naturales de adaptarse a climas nuevos en paisajes altamente fragmentados.

**Enlace:** <http://www.nature.com/hdy/journal/vaop/ncurrent/full/hdy201333a.html>



Cornelio Bota Sierra, 2013  
Micropezidae  
Santa Marta, Magdalena

**Linnen CR, Poh Y, Peterson BK, Barrett RDH, Larson JG, Jensen JD, Hoekstra HE.** 2013. Adaptive evolution of multiple traits through multiple mutations at a single gene. *Science*. DOI: 10.1126/science.1233213

Se requiere la identificación de mutaciones precisas para un completo entendimiento de los mecanismos moleculares y evolutivos subyacentes que conducen cambios fenotípicos adaptativos. Linnen y colegas usaron modelos de plastilina en el campo y muestran que el color de pelaje claro de los ratones ciervo que recientemente colonizaron el suelo de color claro de las dunas de arena de Nebraska, proveen una ventaja selectiva fuerte contra los predadores que cazan de manera visual. La variación del color en una población mezclada sugieren que este fenotipo claro está compuesto de múltiples caracteres. Los autores identificaron distintas regiones dentro del locus *Agouti* asociado con cada carácter del color y encontraron que solamente los haplotipos asociados con valores claros del carácter tienen evidencia de selección. Así, la adaptación local es resultado de selección independiente en muchas mutaciones dentro de un único locus, cada uno con un efecto específico en un fenotipo adaptativo, minimizando de este modo consecuencias pleiotrópicas.

**Enlace:** <http://www.sciencemag.org/content/339/6125/1312.abstract>

## Morfología y fisiología evolutiva

**Sims HJ.** 2013. Morphological rates of angiosperm seed size evolution. *Evolution*. DOI: 10.1111/evo.12057

En este artículo se analizaron las tasas evolutivas a nivel morfológico del tamaño de la semilla en 40 clados (17,375 especies) de plantas. Los análisis comparativos indicaron que dichas tasas evolutivas no están asociadas con el tamaño de semilla, sin embargo sí presentaron una correlación negativa con la posición del clado en la distribución de los tamaños de semilla. Así clados con semillas de tamaño similar al promedio presentan tasas evolutivas significativamente mayores que clados con semillas muy grandes o muy pequeñas. Los resultados de este estudio sugieren que las tasas evolutivas son mayores en aquellos taxa que poseen tamaños de semilla promedio en relación a los que, debido a innovaciones ecofenotípicas, se han movido hacia los extremos del morfoespacio.

**Enlace:** <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/evo.12057/abstract>

**Hertz PE et al.** 2013. Asynchronous Evolution Of Physiology And Morphology In Anolis Lizards. *Evolution*. DOI: 10.1111/evo.12072.

Las especies producto de radiaciones adaptativas típicamente se diversifica a través de distintos ejes ecológicos, cada uno caracterizado por la morfología, fisiología y la adaptación comportamental. En el

presente estudio se quiso probar si los diferentes tipos de caracteres adaptativos comparten patrones similares de evolución dentro de la radiación para investigar patrones de evolución de caracteres morfológicos asociados con especialización en microhábitat y de caracteres fisiológicos asociados con la biología térmica de los lagartos *Anolis*. Con base en estudios previos en este grupo, se esperaba que el análisis filogenético mostrara que la morfología es evolutivamente más conservada que la fisiología térmica. En este artículo lograron corroborar esta hipótesis al establecer: 1). La biología térmica exhibe más divergencia que la morfología entre taxones de *Anolis* recientemente divergidos; y 2). La diversificación de la biología térmica entre todas las especies a menudo sigue a la diversificación en morfología. De esta forma, los investigadores lograron soportar con datos morfológicos y fisiológicos la hipótesis planteada por biólogos expertos en *Anolis* entre 1960 y 1970.

**Enlace:** <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/evo.12072/abstract>

## Paleontología evolutiva

**O'Leary M et al.** 2013. The placental mammal ancestor and the Post-K-Pg radiation of placentals. *Science*. DOI: 10.1126/science.1229237

O'Leary y colegas analizaron el origen de los órdenes de mamíferos placentarios, basándose en datos morfológicos de 86 especies fósiles y vivas de este grupo. Esta información se calibró con secuencias moleculares y con los mismos fósiles, arrojando un árbol filogenético que indica que el grupo corona de los placentarios evolucionó después del límite K-Pg, es decir, posterior a los 65 millones de años antes del presente. Esta evidencia brinda apoyo al modelo de diversificación explosiva de los órdenes de Placentalia y deja sin sustento la hipótesis que propone la fragmentación de Gondwana en el Mesozoico como desencadenante de la diferenciación de estos órdenes. Según lo anterior, la Revolución Terrestre del Cretácico no involucró a este clado de mamíferos, radiado a partir del Paleoceno temprano.

**Enlace:** <https://www.sciencemag.org/content/339/6120/662.abstract>

**Zheng X, Zhou Z, Wang X, Zhang F, Zhang X, Wang Y, Wei G, Wang S, Xu X.** 2013. Hind wings in basal birds and the evolution of leg feathers. *Science*. DOI: 10.1126/science.1228753

Zheng y colegas dan a conocer once especímenes correspondientes a varios taxones de Avialae del Cretácico inferior de China. Estos fósiles demuestran la presencia de cuatro alas basales y su importancia en la evolución del vuelo de estos terópodos. El género *Sapeornis*, con sus patas traseras emplumadas, extiende la ocurrencia de esta condición a la línea con descendencia directa a las aves, después de haberse

documentado las mismas características en dromaeosáuridos basales como *Microraptor* y *Sinornithosaurus*, así como en los deinonycosaurios *Anchiornis* y *Xiaotingia*. Todos ellos, a pesar de mostrar variaciones en la morfología tegumentaria de sus miembros posteriores, conservan como patrón común las plumas metatarsales largas y estructuras de gran importancia en la función aerodinámica.

**Enlace:** <http://www.sciencemag.org/content/339/6125/1309.abstract?sid=79a13bf6-4189-427f-a2b1-f0b5a9330da8>

## Sistemática

**Adams DC.** 2013. Comparing evolutionary rates for different phenotypic traits on a phylogeny using likelihood. *Systematic Biology*. DOI:10.1093/sysbio/sys083

Para evaluar hipótesis macroevolutivas sobre evolución fenotípica es común usar aproximaciones basadas en likelihood. Por lo general se evalúa el efecto de distintos procesos evolutivos en un contexto filogenético dado y se comparan una o varias tasas de evolución para los rasgos evaluados a lo largo de una filogenia. Sin embargo, no es habitual que se evalúen tasas de evolución entre rasgos fenotípicos usando likelihood debido a la ausencia de formalismos que lo permitan. Adams llena este vacío y presenta un nuevo procedimiento para comparar tasas de evolución entre dos o más rasgos fenotípicos sobre una filogenia. Compara el valor likelihood de un modelo donde cada característica evoluciona a tasas diferentes con el valor likelihood de un modelo donde todas las características están limitadas a evolucionar con la misma tasa. Este nuevo método amplía la caja de herramientas de la filogenética y provee a los biólogos evolutivos de instrumentos para determinar cuándo las tasas de evolución difieren entre características fenotípicas.

**Enlace:** <http://sysbio.oxfordjournals.org/chtttp://sysbio.oxfordjournals.org/content/62/2/181.abstractontent/62/2/181.abstract>

**Barker FK, Burns KJ, Klicka J, Lanyon SM, Lovette IJ.** 2013. Going to extremes: contrasting rates of diversification in a recent radiation of New World Passerine birds. *Systematic Biology*. DOI: 10.1093/sysbio/sys094

Análisis recientes sugieren que unos pocos cambios grandes en las tasas de diversificación son suficientes para explicar la mayor parte de la disparidad en la diversidad entre linajes de vertebrados. Al menos un incremento significativo en las tasas de diversificación parece haber ocurrido dentro de las aves; sin embargo, varios linajes anidados dentro de las aves han sido identificados como hiperdiversos. Un clado dentro del orden Passeriformes, incluyendo una gran radiación endémica del Nuevo Mundo (~8% de todas las especies

de aves), puede ser el responsable de este incremento en la tasa. Entender los patrones y proceso de diversificación de este linaje diverso podría ayudar a explicar las tasas de diversificación relativamente rápidas de las aves en general. Barker y colegas presentar el primer análisis filogenético multilocus de esta radiación. Sus análisis recuperaron cinco linajes principales tradicionalmente reconocidos como familias, y otros 10 linajes relativamente antiguos merecedores del nivel de familia. Los análisis de diversificación calibrados sugieren que al menos tres de los 15 linajes de nivel de familia fueron significativamente pobres de especies dada la tasa de diversificación del grupo entero, mientras que al menos una, la familia Thraupidae, es significativamente más diversa. La falta de una relación edad-diversidad dentro de este clado sugiere que, debido a la rápida especiación inicial, pudo haber experimentado límites ecológicos dependientes de densidad sobre su densidad global.

**Enlace:** <http://sysbio.oxfordjournals.org/content/early/2012/12/08/sysbio.sys094.short?rss=1>

## Enseñanza de la evolución biológica

Stansfield S. 2013. Teaching evolution & the nature of science via the history of debates about the levels at which natural selection operates. *The American Biology Teacher*. DOI: 10.1525/abt.2013.75.2.5

Uno de los problemas más discutidos en la biología evolutiva contemporánea es la identificación de los niveles sobre los que opera la selección natural. Habitualmente se acepta que Darwin sostenía que la selección natural actúa a nivel del individuo. Sin embargo, otra línea de interpretación sugiere que Darwin concibió que la selección natural puede actuar a nivel de grupo y que se vio obligado a sostener esto para explicar el comportamiento altruista. Stansfield nos presenta en forma breve y comprensible la historia de los debates sobre la hipótesis de que la selección en grupo es un mecanismo evolutivo. Esta forma de

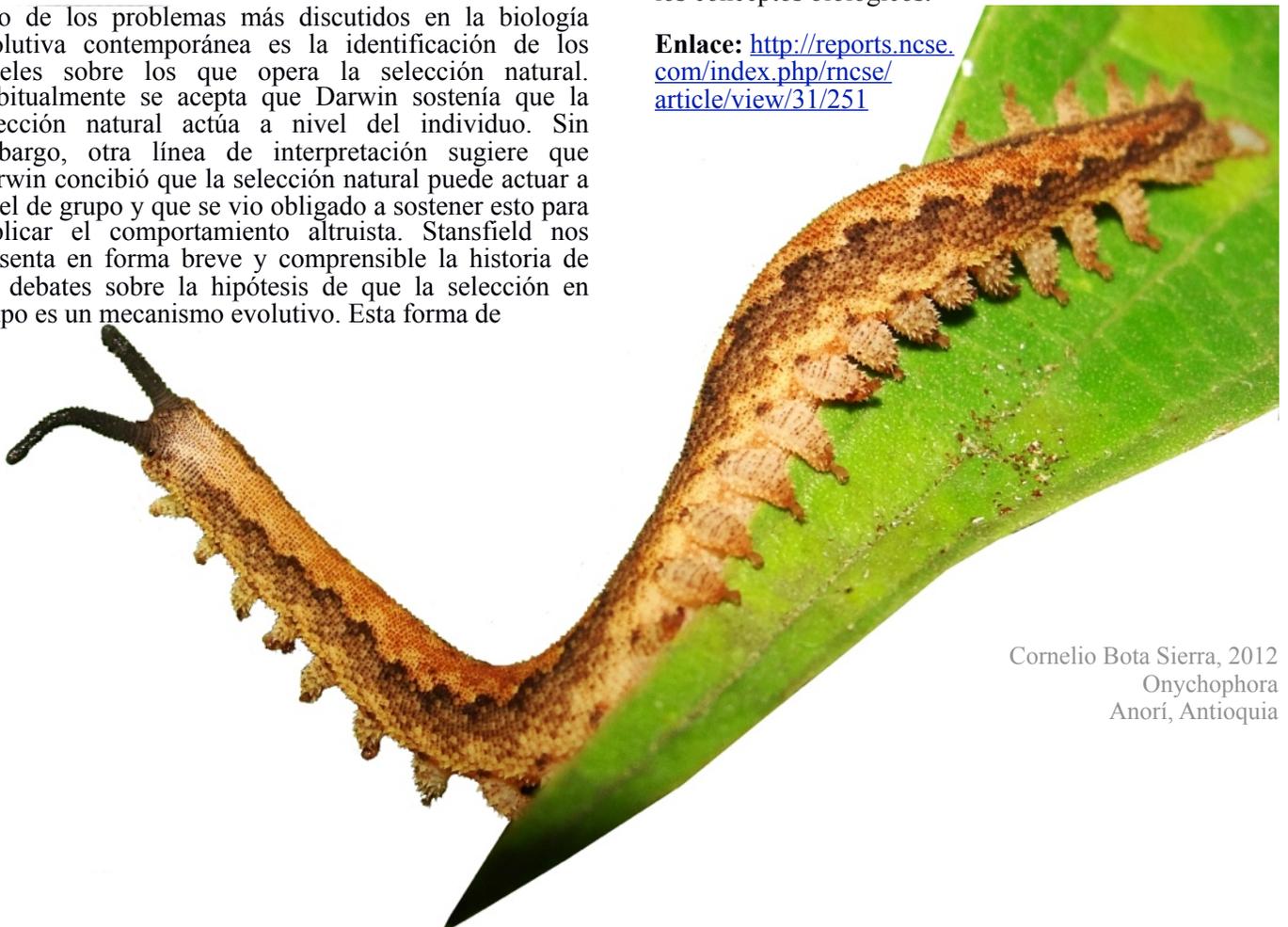
enseñanza genera ánimo en los estudiantes para establecer una búsqueda del conocimiento científico mediante la investigación y la argumentación dentro de asuntos controversiales de este tipo.

**Enlace:** <http://www.jstor.org/discover/10.1525/abt.2013.75.2.5?uid=3737808&uid=2134&uid=2&uid=70&uid=4&sid=21102205132737>

**Werth A.** 2013. An evolutionary focus improves students's understanding of all biology. *Reports of the National Center for Science Education*, 33(1).

Werth da a conocer los resultados derivados de casi diez años (1994-2003) de seguimiento en donde toman como objeto de estudio a un curso biología general, al cual le realizan una modificación en el enfoque que previamente tenía, otorgándole como énfasis la evolución. Los autores miden los efectos sobre las actitudes de los estudiantes que genera el rediseño del curso. Se enfatiza como este enfoque afecta el entendimiento de los conceptos biológicos específicos y si el trasfondo evolutivo mejora en términos generales la calidad del curso. Los resultados demostraron que el cambio en el enfoque del curso sí influye en una mayor aceptación de la teoría evolutiva. Los estudiantes fueron capaces de explicar de mejor manera muchas áreas de la biología y aumentaron su nivel en el conocimiento de los conceptos biológicos.

**Enlace:** <http://reports.ncse.com/index.php/rncse/article/view/31/251>



Cornelio Bota Sierra, 2012  
Onychophora  
Anorí, Antioquia

# MESAS DE TRABAJO REGIONAL

## MTR ANTIOQUIA: Grupo de Estudios en Biología Evolutiva

Sergio Andrés Muñoz Gómez<sup>8</sup>

La MTR Antioquia ha ocupado su tiempo y esfuerzo durante el presente año en la formación y consolidación de un grupo que pretende estudiar aspectos generales de la biología evolutiva. El “Grupo de Estudios en Biología Evolutiva” consolidado por la MTR de Antioquia tiene como objetivo crear un entorno de discusión incluyente, abierto a toda la comunidad, tanto académica como no académica, interesada en el tema de la evolución biológica u orgánica. Al tiempo, el grupo tiene un carácter multidisciplinario, lo que le permite presentar temas evolutivos a nivel científico y divulgativo. El grupo cuenta con el apoyo del Parque Explora y realiza sus encuentros todos los jueves a las 6:30 p.m. en el Planetario de Medellín.

Hasta el momento el grupo ha asumido un enfoque histórico en las discusiones, pues consideramos que de esta forma se pueden explicar los conceptos de una forma clara y también sentar un bagaje sólido para entender debates recurrentes y actuales en biología evolutiva. En las primeras sesiones se evaluó el entendimiento conceptual que presentaban los asistentes al grupo mientras se trataba de clarificar conceptos básicos y se establecía una base terminológica y conceptual común para las futuras discusiones. Algunas de las ideas básicas que fueron puestas en común incluyen: evolución, población, herencia, variación, microevolución, macroevolución, filogenia, genotipo y fenotipo. Una sesión fue dedicada a las observaciones y conclusiones del monje Gregor Mendel, quien con sus experimentos de hibridación (cruces) infirió unos principios generales que sustentarían su teoría de la herencia. Adicionalmente se discutió brevemente la tensión entre Mendelianos y biométricos que surgió luego del redescubrimiento de las leyes en Mendel en 1900 y cómo estas dos aproximaciones vistas de forma antagónica se pudieron reenfocar para ser complementarias y permitir el desarrollo de la genética de poblaciones.

Sesiones posteriores se concentraron en discutir teorías e ideas aportadas por biólogos y naturalistas en un periodo antes a la publicación del “Origen” de Darwin. Diversos autores que podrían ser enmarcados en una línea de “pensamiento evolutivo” o que influyeron el desarrollo de este, como Buffon, Cuvier, Geoffroy Saint-Hilaire, fueron mencionados brevemente. El personaje central de este bloque fue el reconocido francés Jean Baptiste Lamarck, cuyo sistema evolutivo tuvimos la oportunidad de examinar un poco más a profundidad y darnos cuenta de las frecuentes malinterpretaciones, falsas asociaciones y mitos que existen alrededor de este

personaje y sus ideas. Al terminar este bloque nos preocupamos por dejar claro que la esencia o el eje central de su teoría evolutiva consiste de un pensamiento lineal (es decir, no ramificado) que se preocupa por explicar dos factores que el francés reconocía en la naturaleza: (1) progreso y (2) adaptación. Una vez entendido uno de los personajes previo a Darwin más importantes en la historia de la biología evolutiva se nos presentaba un panorama más limpio para entender las contribuciones de Darwin y cómo éstas rompían con la tradición anterior.

La sesión de Darwin fue abordada inicialmente por medio de un recuento biográfico que nos permitió identificar las influencias y motivaciones en el desarrollo de su pensamiento, que eventualmente le llevarían a plasmar sus ideas en forma de un sistema teórico cohesivo y coherente en su libro “El Origen de las Especies” de 1859. Sus principales aportes fueron ilustrados y discutidos en el marco de las cinco teorías identificadas por Ernst Mayr: (1) evolución, (2) descendencia común, (3) gradualismo, (4) multiplicación de las especies y (5) selección natural. Luego se abarcó el periodo entre 1859 y comienzos del siglo XX donde comenzaba a gestarse lo que se llamaría en 1942 la Síntesis Moderna. El codescubridor de la idea de la selección natural Alfred Russel Wallace y el gran teórico alemán August Weismann reconocido por la teoría del plasma germinal y defensa acérrima de la selección natural, también fueron discutidos en sesiones independientes.

El bloque de sesiones destinado a la síntesis clásica de la teoría evolutiva se inició con la exposición de las teorías evolutivas anti-Darwinianas (saltacionismo, ortogénesis y “lamarckismo”) que florecieron en el periodo conocido como el eclipse del Darwinismo alrededor de 1900. Los principales autores exponentes de estas teorías se introdujeron, al igual que los argumentos que más frecuentemente utilizaban. A continuación se estudió el movimiento de la síntesis como tal, su relación con las teorías que se encontraban en disputa, lo que sintetizó y la forma en que lo hizo por medio de la genética de poblaciones. Prosiguiendo con un enfoque histórico se estudiaron los perfiles de los principales personajes y arquitectos, y sus contribuciones a la nueva teoría de la evolución que emergía en la primera mitad del siglo XX.

Tras este abordaje histórico de la gestación de la biología evolutiva hemos iniciado un nuevo ciclo de encuentro. El nuevo enfoque de los encuentros está basado en conceptos por medio de la estructuración de un minicurso de evolución abierto a toda clase de público. Para esto hemos tomado dos libros de texto guía (“Evolución” de Douglas Futuyma y “Evolution” de Barton et al.) y diversos recursos electrónicos. De esta forma, conceptos en biología evolutiva pasan a

tomar un eje aún más central en nuestro método de estudio, y aspectos históricos del desarrollo del campo un papel accesorio en forma de lectura de artículos complementarios.

El Grupo de Estudios en Biología Evolutiva ha sido hasta el momento un ejercicio estimulante para sus integrantes. Asistentes al grupo comprenden primariamente estudiantes de biología de los primeros semestres, algunos estudiantes de últimos semestres de biología, y de forma muy llamativa otros interesados en la evolución provenientes de diferentes disciplinas del conocimiento, algunas no científicas. El rango de edades de los asistentes va desde aquellos que todavía no han ingresado a la universidad hasta adultos profesionales y retirados en áreas ajenas a la biología. Creemos que por medio del Grupo de Estudios en Biología Evolutiva, COLEVOL está cumpliendo una de sus principales metas en el país: estimular la discusión entre investigadores y llevar el emocionante tema de la evolución al público en general por medio de la divulgación científica.

<sup>8</sup> Estudiante de Maestría, Dalhousie University  
Contacto: <sergio0503@gmail.com>



Integrantes del grupo de estudios en Biología Evolutiva

## MTR CÓRDOBA: Celebración del Día de Darwin

El pasado 12 de febrero se estuvo conmemorando el Día de Darwin 2013 en las instalaciones de la Sede Central de la Universidad de Córdoba (Montería). Alrededor de 150 asistentes, entre estudiantes, docentes, investigadores, trabajadores y ciudadanos en general, participaron en este evento. Este encuentro representó una gran oportunidad para la presentación oficial de la MTR Córdoba, así como también para invitar a la comunidad a sumarse a esta iniciativa de COLEVOL. La conferencia central estuvo a cargo de la Dra. Deborah Woodcock, del Instituto George Perkins Marsh, Universidad de Clark (Worcester, EU). Woodcock dio a conocer su trabajo sobre reconstrucciones paleoambientales utilizando maderas fósiles como proxy climático. Su mayor proyecto radica en el estudio del bosque petrificado de Piedra Chamana (Perú), datado por el método radiométrico del Argón en 39.5 millones de años. Este ensamblaje neotropical se desarrolló en un ambiente costero de tierras bajas durante un intervalo temporal en el que el planeta experimentó un dramático ascenso en las temperaturas.

Por otro lado, una de las actividades que también contó con gran receptividad en el evento fue el panel de discusión acerca de las implicaciones científicas, culturales y filosóficas de la teoría de la evolución, en donde intervinieron representantes de variadas concepciones ideológicas y formaciones académicas, incluyendo un estudioso de la teología, un experto en ciencias humanas y sociales, un escéptico militante y, desde luego, un profesional de la biología. Con esta actividad se dio vía libre a la expresión de la capacidad crítica y argumentativa entre los participantes, contribuyendo al fortalecimiento del pensamiento científico y racional en nuestro departamento. Podemos decir que en términos generales el evento no sólo permitió homenajear la vida y obra de Charles Darwin, sino que además ayudó a comprender la importancia de la teoría de la evolución dentro de la biología y sus implicaciones culturales.



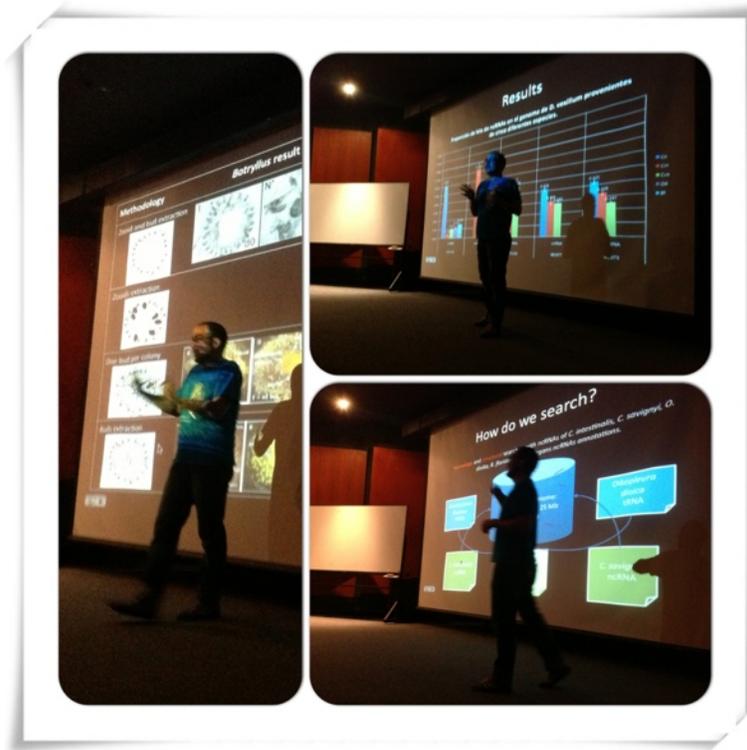
Commemoración del Día de Darwin

## MTR BOGOTÁ

La MTR Bogotá ha generado un espacio para el intercambio de conocimiento entre estudiantes y profesores de las diferentes instituciones que la conforman. De esta manera, el Dr. Federico Brown Almeida, quien tiene una amplia experiencia en el área de evolución y desarrollo, presentó su charla titulada “Células madre y regeneración en el mundo marino”. Durante su conferencia, nos dio a conocer algunos de los experimentos que se han llevado a cabo en el laboratorio que él dirige, al igual que los resultados obtenidos con dos modelos biológicos en los cuales han centrado sus investigaciones.

Inicialmente mencionó la presencia de regeneración celular en órganos y extremidades de diferentes organismos como planarias, salamandras, el gecko leopardo, el pez cebra, humanos, entre otros. Posteriormente, profundizó en los trabajos realizados en Policládidos de los alrededores de Santa Marta. Estos le han permitido establecer regeneración de tejidos y órganos en adultos, enfatizando en que la presencia del cerebro es importante para la regeneración (cerebrodependencia), adicionalmente la parte media de estos organismos puede regenerar la parte posterior y un pseudocerebro, recuperando parcialmente el movimiento pero no la velocidad de éste. Sin embargo la parte posterior por si sola no puede regenerar la cabeza.

Por otra parte, el Dr. Brown nos presentó el trabajo desarrollado con Ascidas. Estos organismos solitarios y coloniales que presentan una habilidad excepcional de regeneración de cuerpo completo, presentan células madre en sangre que pueden regenerar el cuerpo completo. Además, planteó que las ascidias solitarias evolucionaron a coloniales y han establecido diferentes maneras de formar individuos coloniales en tunicados. Como conclusión planteó que a pesar de que la regeneración se da en tan diversos organismos, los mecanismos y tejidos involucrados en este proceso puede ser muy variados y podrían estar relacionados con las historias de vida de cada linaje.



## MTR SUROCCIDENTE: ¿Cómo podemos seleccionar un índice adecuado para medir la diferenciación genética de las poblaciones?

Fernando Díaz-Gonzalez<sup>9</sup>

La estructura genética de las poblaciones constituye uno de los temas más importantes al estudiar la evolución a nivel de especie. El avance en esta área se enfoca principalmente en el desarrollo de las medidas adecuadas de diferenciación genética poblacional por medio de los índices de estructura o estadísticos  $F$ . Estos índices fueron introducidos por primera vez por Wright (1951, 1965) y desde entonces se han publicado muchas modificaciones en busca de evitar o tomar en cuenta los sesgos de muestreo a diferentes niveles en los modelos (Nei 1973, Weir and Cockerham 1984, Nei 1986), así como también la adaptación de los mismos al tipo de evolución que presentan las herramientas moleculares utilizadas (Excoffier 1992, Slatkin 1995).

Recientemente se ha publicado un artículo en el cual se critican todas las medidas de diferenciación genética utilizadas hasta el momento, usando el  $G_{ST}$  Nei (1976) como referencia: “ $G_{ST}$  and its relatives do not measure differentiation” (Jost 2008). Este artículo ha tenido mucha controversia, puesto que de acuerdo a Jost (2008), los índices mayormente utilizados para medir la diferenciación genética entre poblaciones están errados, e inmediatamente propone un nuevo índice  $D$ , con el cual propone solucionar los problemas conceptuales y matemáticos que se critican para los demás índices. De esta manera, demuestra que el  $G_{ST}$  es altamente dependiente de la heterocigosidad dentro de las poblaciones, por lo que es también altamente sesgado en loci con altos niveles de polimorfismo y tasas de mutación.

Las medidas de diversidad se interpretan como un valor relativo de la cantidad de diferenciación entre grupos respecto a la cantidad de diferenciación total presente, por lo que los valores varían entre 0 y 1, extremos que indican ausencia o total diferenciación respectivamente. Sin embargo, como un resultado del sesgo mencionado anteriormente, el  $G_{ST}$  no tiene un valor máximo del como se espera en las interpretaciones dadas, y subestima la estructura de las poblaciones en loci con altas tasas de mutación.

Por otro lado, los problemas anotados por Jost (2008) ya habían sido tratados previamente por Hedrick (1999) y una propuesta había también sido elaborada por el mismo autor utilizando una medida estandarizada del índice de Nei (1976), el  $G'_{ST}$ : “A Standardized Genetic Differentiation Measure” (Hedrick 2005). Esta propuesta es apenas citada en la última parte del artículo de Jost (2008), y algunos autores proponen que ambos estimadores deben reemplazar los utilizados hasta el momento. La controversia está en debate, y algunos autores como Whitlock (2011) en “ $G_{ST}$  and  $D$  do not

replacé  $F_{ST}$ ” se oponen fuertemente a este reemplazo, argumentando que estos índices son tal vez una medida más precisa de la diferenciación genética, pero no por eso resuelven el principal objetivo por el cual fueron desarrollados los índices de diferenciación desde Wright (1951), es decir diferenciar las causas evolutivas de la diferenciación encontrada. Los dos índices propuestos  $D$  y  $G'_{ST}$  no subestiman la diferenciación en loci con altas tasas de mutación, en consecuencia incrementan fuertemente con el aumento en las mismas, evitando en estos casos diferenciar cuando la estructura genética es debida a la relación entre migración y deriva genética o simplemente por mutación. Este es el objetivo principal en esta área de la genética de poblaciones, separar estos dos tipos de causas evolutivas para poder dilucidar la historia demográfica de las poblaciones, principalmente dependiente de la relación deriva genética-migración, pero no de mutación. Adicionalmente, este problema de las tasas de mutación altas ya había sido tratado previamente y se han propuesto índices como el  $R_{ST}$  específicamente para resolver el problema de las altas tasas de mutación en marcadores moleculares como los microsatélites. Estos índices han demostrado evitar el sesgo sin dejar de lado la diferenciación de las causas evolutivas.

Teniendo en cuenta este contexto, pretendemos abordar el tema inicialmente a partir de lecturas y discusiones a fondo sobre las implicaciones de utilizar algunas de las aproximaciones anteriores en comparación a las nuevas propuestas de Jost (2008) y Hedrick (2005). Para esto es necesario conocer a fondo cada uno de los índices de

estructura, sus bases conceptuales y matemáticas, teniendo en cuenta además los diversos tipos de herramientas moleculares, marcadores microsatélites, secuencias, SNP, etc. Finalmente, generar un artículo de tipo revisión, quizá con algunas pruebas finales utilizando algunos datos que permitan realizar análisis comparativos.

<sup>9</sup> Estudiante de Doctorado. Universidad del Valle. Cali, Colombia.  
Contacto: <ferdiazfer (at) gmail.com>



Cornelio Bota Sierra, 2012  
*Progomphus pygmaeus*  
Anorí, Antioquia

# AVISOS Y AGRADECIMIENTOS COLEVOL

Agradecemos a todos los miembros de las MTR que contribuyeron a la publicación del presente número:

Sergio Andrés Muñoz Gómez  
Wendy Valencia  
Maicol Ospina Bedoya  
David López Taborda  
Yeison Tolosa  
Jessica Arenas Castro  
María José Atehortúa  
Óscar Melendrez Vidal  
Fernando Díaz González

Agradecemos muy especialmente a Santiago David Rivera y Cornelio Bota Sierra por permitirnos utilizar sus fotografías como parte del Boletín.

## INVITACIÓN AL IV SIMPOSIO COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

La MTR Bogotá está actualmente organizando el IV Simposio Nacional de la Red Colombiana de Biología Evolutiva COLEVOL, que se llevará a cabo el próximo 24, 25 y 26 de Julio en las instalaciones de la Universidad Central en Bogotá. En esta ocasión los conferencistas magistrales serán Daniel Ortiz-Barrientos, Peter Stadler, Carlos Navas y Trevor Price y contaremos con la presentación de cerca de 30 trabajos de estudiantes de pregrado y posgrado. Para mayor información pueden consultar la página de la red ([www.colevol.co](http://www.colevol.co)) o escribir a los correos [ivsimosiocolevol \(at\) gmail.com](mailto:ivsimosiocolevol@gmail.com) o [colevolbogota \(at\) gmail.com](mailto:colevolbogota@gmail.com)



## IV SIMPOSIO

de la Red Colombiana de  
**Biología Evolutiva**

# ¡Los esperamos!