

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 2 Número: 1 Año: 2014 Mes: Enero



BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen : 2 Número : 1 Año : 2014 Mes : Enero



Editores:

Henry Arenas-Castro	Universidad de Antioquia
Ángela P. Navas-Berdugo	Universidad Central
Ángela Sánchez	Universidad Central
Juan Pablo Narváez-Gómez	Universidad de Antioquia
Kevin Jiménez-Lara	Universidad de Córdoba
Fernando Díaz	Universidad del Valle

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
Carlos A. Navas	Universidade de São Paulo
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	Universidade de São Paulo
Fernando Vargas-Salinas	Universidad del Quindío
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	Pennsylvania State University
Natalia Pabón Mora	Universidad de Antioquia
Natasha Bloch	University of Chicago
Santiago Ramírez	University of California at Davis
Sergio Solari	Universidad de Antioquia
Víctor Hugo García Merchan	Universidad del Quindío
Yherson F. Molina Henao	Harvard University

Edición gráfica:

Andrea Manrique Rincón	Universidade Estadual de Campinas
------------------------	-----------------------------------

ÍNDICE DE CONTENIDO



EDITORIAL NACIONAL.....	4
EDITORIAL INTERNACIONAL.....	6
RECONOCIMIENTOS.....	8
INVESTIGACIÓN EN COLOMBIA.....	9
DESARROLLOS COMPUTACIONALES.....	10
COMENTARIO CIENTÍFICO.....	11
RESEÑA INVESTIGADOR COLOMBIANO.....	14
INVESTIGACIONES COLOMBIANAS.....	16
BIODIVERSIDAD.....	18
NOTICIAS NACIONALES.....	20
NOTICIAS INTERNACIONALES.....	21
ARTÍCULOS RECOMENDADOS.....	22
MESAS DE TRABAJO REGIONAL.....	29
AVISOS Y AGRADECIMIENTOS.....	36

Portada:
Cornelio Bota Sierra, 2013
Tachinidae
California, Santander

EDITORIAL NACIONAL

COLEVOL y la comunidad evolutiva colombiana: reflexiones de una bióloga en diáspora

Ana Caicedo¹

La consideración de quedarse o salir del país es una que enfrentan muchos biólogos colombianos en algún momento de su formación profesional. Primero, quizás, viene la decisión de realizar o no estudios de posgrado o iniciar otra etapa de entrenamiento científico, y luego la de buscar estas oportunidades dentro o fuera de Colombia. Aunque el curso que toman estas decisiones varía de acuerdo a las circunstancias personales, es innegable que el panorama de opciones a las cuales se enfrentan los jóvenes biólogos evolutivos colombianos ha cambiado mucho en los últimos 20 años.

Muchos de los que nos fuimos del país antes de o en la época en que comenzaba a propagarse el uso de internet recordamos los procesos laboriosos que seguíamos para actualizarnos sobre el progreso en la biología evolutiva en los países desarrollados. Habíamos oído hablar sólo de las más prestigiosas universidades internacionales, pero no todos podíamos partir para esos lares. En nuestras clases aprendíamos sobre las grandes mentes evolutivas: Mayr, Wilson, Kimura... pero muy poco sobre los profesores jóvenes más dispuestos a aceptar estudiantes. Cuando las estrellas se alineaban, y salía la oportunidad que añorábamos, nos sentíamos como siguiendo uno de esos mapas antiguos con sus inscripciones de “aquí yacen dragones”, partiendo a lugares desconocidos.

Hoy, las oportunidades de posgrado se han multiplicado a nivel nacional e internacional. En Colombia, los últimos 15 años han visto un incremento en los programas de posgrado, y ya no es necesario salir del país para obtener un doctorado. Las búsquedas de literatura se conducen fácilmente con recursos del internet, y varias revistas han creado suscripciones más baratas para países en vía de desarrollo. Además, existe información en abundancia sobre investigadores e instituciones, y el disparo de las redes sociales ha permitido más contacto con otros que preceden nuestros pasos, complementando el flujo de información sobre posibles destinos.

¿Estos cambios han aumentado la diáspora de biólogos evolutivos fuera de Colombia? Gracias a los amables editores del boletín, descubrí que de los 47

investigadores con perfiles actualizados en COLEVOL, ~30% de los profesores trabajan en el exterior, mientras que 50% de los estudiantes de posgrado y 75% de los posdoctorantes se encuentran en el exterior. Estos números probablemente representan una realidad laboral: que la mayor parte de la diáspora siempre ha estado conformada por estudiantes de posgrado o posdocs, y que muchos vuelven a Colombia a establecerse profesionalmente.

Pero algunos no volvemos. ¿Quiénes somos? De mi generación sé de muchos que pensaban volver a Colombia al concluir sus estudios. Pero, como a menudo ocurre en la vida, se presentan eventualidades: quizás se forma una familia, se abre una oportunidad laboral inesperada o la curiosidad nos lleva a tratar de ver hasta dónde podemos forjar una identidad profesional en otro país. Pasan los años, y un día, aquellos que estamos en diáspora, nos sonrojamos al ver que ya no estamos seguros de cómo decir “flujo genético” en español. Nos damos cuenta que ahora podemos escribir un párrafo científico con mayor facilidad en otro idioma que en nuestra lengua nativa, y que podemos dar una presentación sobre nuestra investigación en autopiloto, pero (¡horror!) tenemos que recurrir ocasionalmente a “Google Translate” para dar la misma charla en español.

Dados estos cambios un poco vergonzosos ¿deseamos, los que estamos en diáspora, hacer un aporte a la comunidad evolutiva colombiana? Desde el humilde punto de vista de esta investigadora, la respuesta a la última pregunta es: sí. Muchos de los que estamos afuera añoramos contribuir al fortalecimiento de las capacidades científicas y académicas de Colombia. Las circunstancias nos han llevado a armar nuestra vida en otros lugares, pero en muchos sigue el deseo de mantener lazos intelectuales con la comunidad científica colombiana. ¿Por qué? Porque muchos de los que estamos en diáspora le debemos a Colombia nuestra formación académica rigurosa y excelente, un asombro por la diversidad biológica, una sensibilidad por la compleja dinámica que existe entre las necesidades sociales y las de conservación, y una conciencia de ser

ciudadanos de un mundo complejo, maravilloso y entrelazado a muchos niveles. Porque para muchos fue en Colombia donde se desarrolló nuestra fascinación por la biología evolutiva. O quizás porque hemos pasado demasiadas horas rumiando las palabras de Julio Numhauser, oyendo a Mercedes Sosa mientras tomamos un aguardientico.

Para algunos de los que estamos en diáspora, entonces, la formación de COLEVOL es algo por lo que estamos sumamente agradecidos. Se presenta como una oportunidad sin paralelo de crear de nuevo esos lazos científicos con Colombia que el tiempo han diluido más de lo que hubiéramos querido. Al ser una red ligada a una temática específica –la de la biología evolutiva–, COLEVOL promete más rápida utilidad, mutuos beneficios y mayor permanencia que otros ensayos previos de esta índole, tales como la Red Caldas en los 90s. Con su presencia en varios medios, y el desarrollo de múltiples actividades, COLEVOL nos brinda a los que estamos en diáspora una valiosa percepción del pulso de la ciencia en Colombia.

¿Qué podemos ofrecer los que estamos en diáspora a los miembros de COLEVOL? Tenemos conocimiento a fondo de oportunidades de estudio o progreso laboral en nuestros respectivos países. Hemos sobrevivido los exámenes, las entrevistas, y tenemos experiencia acumulada para compartir. En

algunos casos, podemos entrenar científicos colombianos en nuestros laboratorios o servir de asesores, ya sea científicos o culturales. En otros, existirá la oportunidad que muchos añoramos de llevar a cabo proyectos colaborativos con científicos en Colombia. Podemos ofrecer nuestra experiencia en escribir y publicar a nivel internacional. Además de asesoría, podemos involucrar a científicos colombianos en la elaboración de artículos tipo “review”, o participación en conferencias internacionales a las que tengamos acceso.

COLEVOL ofrece una oportunidad a los que estamos en diáspora para dar visibilidad a nuestras contrapartes en Colombia. También ofrece una oportunidad única de demostrar que existe una masa crítica de biólogos evolutivos con talento dentro y fuera del país, y que esta masa puede ser utilizada para el beneficio de la ciencia en Colombia. Los biólogos evolutivos en diáspora nos unimos a las aspiraciones expresadas anteriormente de que COLEVOL sea un vehículo para el fortalecimiento intelectual de la comunidad evolutiva colombiana.

¹ Profesora, Biology Department, University of Massachusetts Amherst

Contacto: caicedo(at)bio.umass.edu



Stephanie Vargas Arenas, 2013
Venado
PNN Chingaza

EDITORIAL INTERNACIONAL

Songbirds and humans

Trevor Price²

For most of the past 50 million years, South America was an island, moving towards North America, with what is now Colombia leading the way. About 3-4 million years ago, the water gap between South America and North America finally closed*, and all kinds of animal and plant species began a great exchange across the Isthmus of Panama. Many species of birds present in the tropical rainforests of South America moved into what is now Central America, and some moved further north. These were species reluctant to be out in the open and even cross small water gaps, so needed solid land to make their move. But many northern species of birds had arrived in South America much earlier, before the land bridge connection. Some probably arrived because they were migrants, spending breeding in the north, wintering in South America, and occasionally stopping their migration, to found a new radiation. The actual story of the invasion of northern birds into South America is even more interesting.

Those early invaders from the north were songbirds, a suborder which contains nearly half of all birds, and they started arriving in South America perhaps as long as 20 million years ago, radiating to produce such familiar Colombian species such as tanagers, wrens, and finches (dates are inferred from molecular phylogenetic reconstructions, see for example Barker et al. 2004). Before that time more ancient groups of birds had South America to themselves: South America was drifting in what GG Simpson famously called "splendid isolation", but now it faced a massive invasion.

The songbirds originated in the Australian region. They escaped into Asia via Indonesia perhaps about 30-35 million years ago, at a time when the world was cooling down fast. They then moved through Asia, across the Bering Strait into North America and finally into South America. As the songbirds dispersed and radiated, they replaced bird species that were present before. Why were the songbirds so successful? One speculation is that they were more intelligent than their predecessors, and this was a particularly useful adaptation in a colder climate. For example, Storrs Olson (2001) suggested that they were able to build more elaborate nests than other species. Other signs

of relative intelligence are that several species have the ability to cache food and remember where it is in times of scarcity.

If the songbirds really did replace other species as a result of superior intelligence, they form the prelude for an even more impressive ongoing expansion by a single, very intelligent species: us humans. Also probably a consequence of recent climate change (the Pleistocene ice ages), which through constant disturbance and upheavals may have promoted innovations such the development of agriculture, we have swept through the world, causing many species to go extinct. Although very hard to predict, we may have precipitated changes during the coming century that are as large as any since a meteorite impact drove the extinction of the dinosaurs, a mind-boggling 65 million years ago. However, many species persist at present, and, for example, Colombia itself holds more than 1800 bird species (perhaps the mixing of faunas across the Isthmus of Panama explains some of this diversity?).

The great changes in human societies that are currently happening are not all bad for nature. Many people are becoming wealthier, which has a short-term negative impact as consumerism increases, but a long-term positive impact, as Parks and other natural places become more greatly valued and agricultural land more efficient. Globalization implies exchange of goods, of invasive species and many other things, including ideas. The impressive growth of high quality of science in Colombia is not happening in splendid isolation. Global interchange among scientists with consequently improved understanding of nature is one of the most important routes towards protecting it. I echo the comments of previous colleagues who have contributed to this newsletter, Mohammed Noor and Douglas Futuyma, who also attended student-organized meetings in Colombia. Both urged students to get out and study nature, and to do it in a global context. Much needs to be done, and I am optimistic that much can be done. Colombia's remarkable natural diversity is partly in your hands.

² Profesor, Department of Ecology and Evolution, University of Chicago

Contacto: pricet(at)uchicago.edu

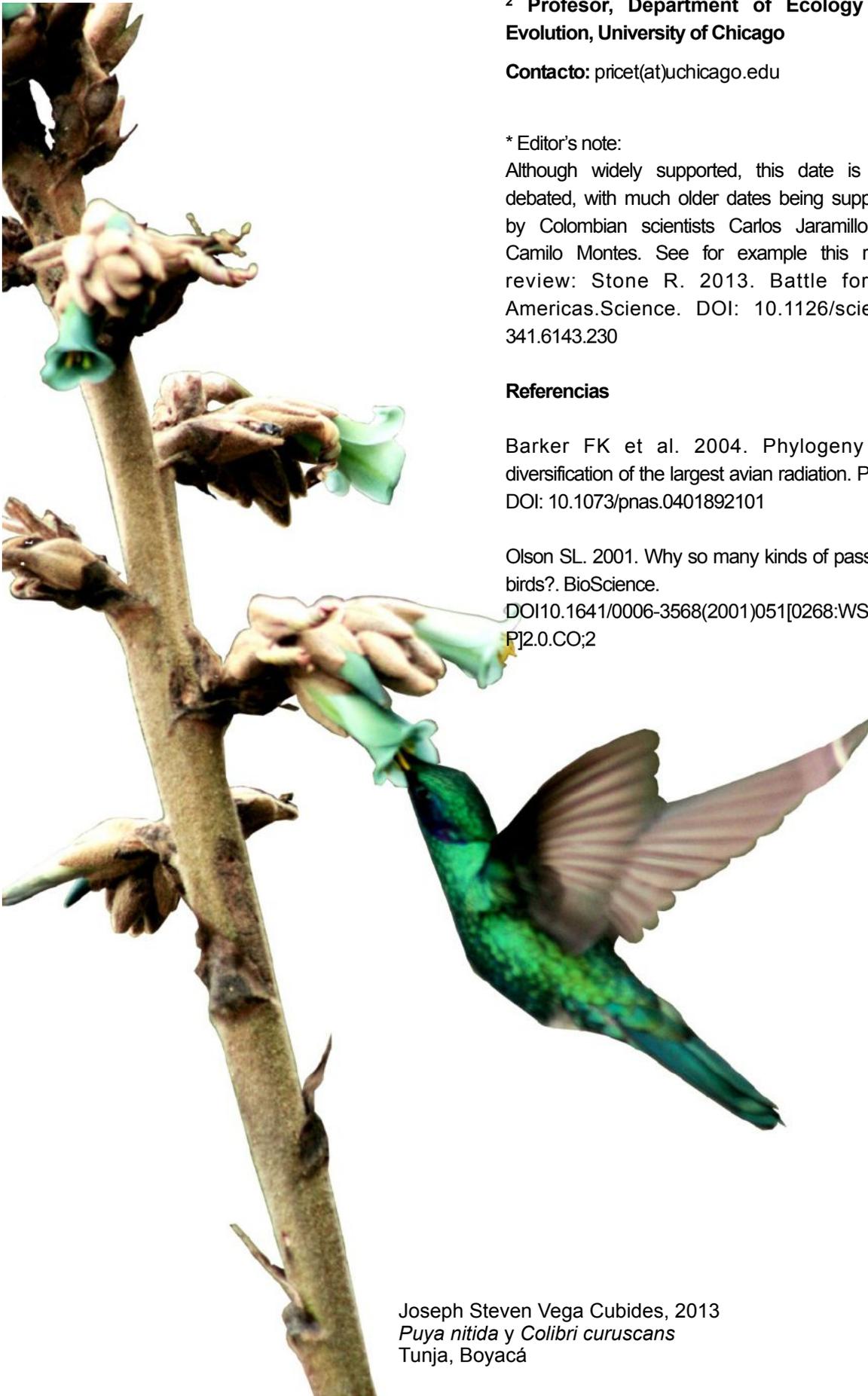
* Editor's note:

Although widely supported, this date is hotly debated, with much older dates being supported by Colombian scientists Carlos Jaramillo and Camilo Montes. See for example this recent review: Stone R. 2013. Battle for the Americas. Science. DOI: 10.1126/science.341.6143.230

Referencias

Barker FK et al. 2004. Phylogeny and diversification of the largest avian radiation. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.0401892101

Olson SL. 2001. Why so many kinds of passerine birds?. BioScience. DOI: 10.1641/0006-3568(2001)051[0268:WSMKO]2.0.CO;2



Joseph Steven Vega Cubides, 2013
Puya nitida y *Colibri curuscans*
Tunja, Boyacá

RECONOCIMIENTOS

Juan David Ramírez González y colaboradores

Científicos del Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT) de la Universidad de los Andes fueron galardonados por la Fundación Alejandro Ángel Escobar con la mención de honor en Ciencias Exactas, Físicas y Naturales por su trabajo “Ecoepidemiología molecular y diversidad genética de *Trypanosoma cruzi* en Colombia”. Así contribuyeron significativamente a la epidemiología molecular de la enfermedad de Chagas considerada problema de salud pública en el país.



Oscar J. Betancourt G, 2013
Syrphidae
Castilla, Caldas

INVESTIGACIÓN EN COLOMBIA

Estudios en evolución molecular sobre la biodiversidad colombiana

Juan Manuel Daza³

Una de las frases más comunes en cualquier informe sobre biodiversidad en Colombia es resaltar que es un país megadiverso y ocupa los primeros lugares a nivel mundial. Aunque esta frase es altamente defendible con la gran inmensidad de ecosistemas y biotas diferentes que tenemos a lo largo de nuestro territorio, su afirmación se fundamenta principalmente en los listados de especies que hemos recopilado con los años. Lamentablemente los patrones espaciales de diversidad per se no nos ayudan a establecer cuáles fueron los mecanismos que originaron esos patrones.

El estudio de los mecanismos que originan y mantienen la diversidad biológica es fundamental para entender los procesos evolutivos subyacentes y pueden ayudar a entender el qué, cómo y cuándo nuestra diversidad se originó y qué esperamos de ella en el futuro. Una forma de acercarnos a entender nuestra biodiversidad es utilizando datos genómicos desde una perspectiva evolutiva. Los estudios en genética evolutiva en el país tienen dos beneficios enormes. Primero, permiten establecer los patrones temporales y espaciales de un nivel de organización biológica poco explorado: la diversidad genómica. Segundo, los datos moleculares permiten la modelización de escenarios complejos con el fin de hacer inferencias robustas de procesos como filogeografía, demografía histórica, límites de especies, adaptación, probabilidades de extinción, entre otros.

Hasta hace algunos años, los estudios evolutivos incorporando datos moleculares que buscaban entender la biodiversidad colombiana eran escasos, debido principalmente a tres razones. Primero, muy pocos biólogos evolutivos en Colombia usaban datos moleculares para explicar el origen y mantenimiento de la diversidad en el país. Segundo, la obtención de información genómica era costosa y poco estandarizada para nuestra biodiversidad. Tercero, la normatividad que regía el uso de datos moleculares provenía de unas leyes que se diseñaron para un país con ganas de sacarle provecho a sus recursos genéticos. La burocracia y el desconocimiento de los tipos de datos utilizados en estudios evolutivos reflejaban una lógica aristotélica que nos perjudicó mucho tiempo: si la biotecnología genera dinero, y la biotecnología está fundamentada en las propiedades genéticas de los organismos, entonces la genética genera dinero! Es así como la normatividad dentro de lo denominado “acceso a recursos genéticos”

implicaba que cualquier estudio de ciencia básica sobre biodiversidad y que incorporara datos moleculares era potencialmente útil para el país y por lo tanto había que firmar un contrato con el ministerio y sus abogados. Este hecho nos atrasó más de 10 años en estudios evolutivos con datos moleculares en comparación con otros países megadiversos como Costa Rica, Ecuador y Brasil. Como consecuencia, nos vimos excluidos de revistas especializadas en evolución molecular y nuestros científicos debieron utilizar otros modelos orgánicos.

Ahora el panorama es bien diferente, la obtención de datos moleculares es altamente accesible, nuestros jóvenes biólogos evolutivos cada vez están más entrenados para incorporar datos genéticos en sus estudios, y finalmente el gobierno en colaboración con las universidades reconocieron la importancia de este tipo de evidencia para el entendimiento de nuestra enorme biodiversidad. Lo que viene en los próximos años es un incremento de estudios evolutivos incorporando evidencia molecular, esto nos permitirá acercarnos mejor a la taxonomía, evolución y conservación de nuestra enorme diversidad biológica.

³ Profesor, Grupo Herpetológico de Antioquia, Universidad de Antioquia

Contacto: jdaza(at)biologia.udea.edu.co



Óscar J. Betancourt G, 2013
Persea sp.
San Bartolomé, Caldas

DESARROLLOS COMPUTACIONALES

The Chordate Proteome History Database

Base de datos novedosa que provee filogenias para los proteomas de cordados, reconstruidos a partir de árboles de genes. Permite detectar en las filogenias y en las secuencias eventos genómicos al nivel de dominio de proteína o nivel genético. Comprende cerca de 20.000 análisis evolutivos de proteínas y se despliega en una aplicación web denominada Interface para el Análisis de Datos Ontológicos (IODA), con funcionalidad plena en los buscadores Firefox y Google Chrome. Se compone de dos subproyectos interconectados: por un lado, los eventos de dominio y las filogenias, y por otro, los filogrupos cordados y la pérdida/ganancia de genes. Las búsquedas en la base de datos pueden realizarse de manera sencilla a través del identificador de proteínas, de palabras claves o dominios, e incluso por eventos.

Referencia:

Levasseur A, Paganini J, Dainat J, Thompson JD, Poch O, Pontarotti P, Gouret P. 2012. The Chordate Proteome History Database. *Evolutionary Bioinformatics*. DOI: 10.4137/EBO.S9186

Enlace:

<http://ioda.univ-provence.fr>

PhyloTreePruner

Software que utiliza una aproximación filogenética para refinar las inferencias ortológicas hechas a través de métodos fenéticos. Un detalle distintivo de esta aplicación radica en que hace colapsar nodos pobremente respaldados dentro de las politomías, evitando así el descarte de secuencias innecesarias en aquellos casos donde topologías de árbol débiles erróneamente sugieran paralogía. PhyloTreePruner muestra árboles de un único gen y los alineamientos correspondientes para evidenciar la paralogía y produce un alineamiento reducido que contiene solo secuencias inferidas como ortólogas. Los scripts Wrapper que automatizan múltiples secuencias de alineamientos en MAFFT, el recorte de alineamientos en Gblocks, y la construcción de árboles de un único gen utilizando tanto FastTree2 como RAxML son recopilados con las funciones de PhyloTreePruner.

Referencia:

Kocot KM, Citarella MR, Moroz LL, Halanych KM. 2013. PhyloTreePruner: a phylogenetic tree-based approach for selection of orthologous sequences for phylogenomics. *Evolutionary Bioinformatics*. DOI: 10.4137/EBO.S12813

Enlace:

<http://sourceforge.net/projects/phyloreepruner/>

PhyloTempo

Paquete de scripts para R que por primera vez implementa en este lenguaje el *clustering* temporal, una nueva medida topológica basada en la reconstrucción del caracteres ancestrales. Este estadístico es una contribución importante para el entendimiento de dinámicas evolutivas rápidas de virus patógenos como el virus de la inmunodeficiencia del simio y humana. Asociado al *clustering* temporal, PhyloTempo trae medidas de topologías de árboles y pruebas de hipótesis, como la prueba gráfica de Aldous y la prueba de radio de probabilidad, los estadísticos de forma de Colless y Sackin, entre otras.

Referencia:

Norström MM, Prospero MC, Gray R, Karlsson AC. 2012. PhyloTempo: a set of R scripts for assessing and visualizing temporal clustering in genealogies inferred from serially sampled viral sequences. *Evolutionary Bioinformatics*. DOI: 10.4137/EBO.S9738

Enlace:

<https://sourceforge.net/projects/phylotempo/>

COMENTARIO CIENTÍFICO

Co-opción en mecanismos del desarrollo embrionario, larval y adulto

Federico Brown⁴

Muchos animales sufren cambios radicales en forma y comportamiento durante su vida. Quizá el cambio más famoso es el de Gregor Samsa cuando despierta transformado en un insecto fabuloso, que se asemeja a una cucaracha^a, y adquiere hábitos nocturnos. Sin embargo, la imaginación literaria de Franz Kafka está basada en las extraordinarias transformaciones que se pueden observar durante la metamorfosis en los animales. Inclusive, la evolución ha generado larvas que pueden parecerse más a adultos de taxones muy distantes filogenéticamente que a estadios adultos de su misma especie. Casi como si fuese un extracto de una novela de realismo mágico, una broma científica, o para un premio honorífico de los Ig Nobel^b, el planctólogo y carcinólogo Donald I. Williamson presenta varias hipótesis de que estadios larvales pueden aparecer en un organismo como consecuencia de hibridogénesis entre especies muy lejanas en términos evolutivos. El caso más discutido fue la aparición de las orugas como consecuencia de la hibridación entre un gusano de terciopelo (*i.e.* onicóforo) y un insecto ancestral (Williamson 2009). Este caso particular despertó muchas críticas (Hart & Grosberg 2009, Giribet 2009), pues el artículo se publicó en PNAS en medio de controversias, así como en medio de discusiones acerca de la libertad de expresión de un investigador para presentar una hipótesis, así ésta fuera rechazada por la comunidad científica en general. A pesar de que este tema es de gran interés evolutivo y en contraste a los avances genómicos, celulares y moleculares de las últimas décadas, aún no se ha podido resolver cómo un mismo genoma puede dar origen a tal diversidad de formas fenotípicas durante la vida un organismo.

Williamson propone que las especies que incorporan nuevos estadios del desarrollo en su ciclo de vida como consecuencia de la hibridogénesis, deberían mostrar un genoma compuesto por los genomas de las especies parentales ancestrales. Esto no ocurre, Hart y Grosberg se han dado el trabajo de buscar los tamaños genómicos estimados en cada una de las especies propuestas por Williamson, poniendo en duda la hipótesis para cada caso. Para comprobar la hipótesis de Williamson, Hart (1996) incluso realizó una genotipificación de erizos congelados supuestamente resultantes de una hibridación entre

erizos y ascidias reportada por Williamson, pero sólo encontró evidencia de ADN de erizo, proponiendo una probable contaminación o casos raros de hermafroditismo en los experimentos originales de Williamson (1992). Además, análisis filogenéticos moleculares de las últimas décadas tampoco coinciden con las propuestas de Williamson. La recurrente presencia de formas larvales en la mayoría de animales sugiere que fuerzas de selección ocurren de manera permanente y variable durante la evolución para generar transformaciones temporales durante el desarrollo (West-Eberhard 2003, Moran 1994, Hall & Wake 1999). Bajo esta tesis evolutiva, se podrían generar algunas predicciones (Moran 1994): (1) presencia de estructuras adaptadas para funciones específicas de cada estadio, (2) estadios larvales que se encuentren en distintos ambientes y bajo distintas condiciones ecológicas, y (3) presiones selectivas del ambiente en los distintos estadios larvales afectarían la aptitud biológica o “fitness” del organismo adulto.

Se han hecho importantes avances para entender los procesos moleculares del desarrollo embrionario de muchos animales, sin embargo se desconoce si los mismos procesos son reutilizados para generar las formas larvales y adultas, o si existen programas distintos que regulan cada uno de los estadios del desarrollo. Muchos invertebrados marinos pasan por una serie de estadios larvales que estarían sujetos a presiones selectivas de manera diferencial. Algunas larvas de animales que pasan por metamorfosis pueden generar células o tejidos especializados y *compartimentados* (“set-aside cells”) que van a dar origen a las futuras estructuras del cuerpo adulto. Esto se puede observar con el rudimento en las larvas pluteus de los equinodermos que constituyen un primordio de tejido precursor del erizo adulto (Bertram et al. 2009), o en células endodérmicas/mesenquimales de la cabeza en larvas de ascidias que dan origen al adulto sésil y filtrador (Brown & Swalla 2012), o en los discos imaginales que dan origen a estructuras del adulto durante la metamorfosis en larvas de insectos holometábolos (Lee et al. 2013).

¿Son distintas rutas génicas las que se activan en cada estadio para la diferenciación de estructuras específicas, o pueden reutilizarse las mismas rutas una y otra vez? Un trabajo publicado recientemente en la revista *EvoDevo* intenta responder a esta pregunta utilizando como modelo experimental al escarabajo holometábolo *Tribolium* (Lee et al. 2013). Suzuki y colaboradores^c demuestran que las mismas rutas génicas son utilizadas durante la formación de nuevas patas para cada estadio del desarrollo: embrionario, larval, y adulto. Por medio de RNA de interferencia, se interrumpe la expresión de cuatro genes, *i.e.* dachshund (*Dac*), Distal-less (*Dll*), abrupt (*Ab*) y spineless (*Ss*), que son utilizados para dar el patrón a las patas embrionarias en varios insectos. La disrupción de expresión ocasionó defectos en la formación de patas larvales en regeneración. El defecto de la disrupción de *Dac* y *Ss* en larvas fue igual al reportado para patas embrionarias, y además su defecto se manifestó hasta en la formación de las patas adultas. Por lo tanto, los mismos mecanismos del desarrollo pueden ser empleados varias veces durante el ciclo de vida de un organismo y defectos de estructuras específicas para cada estadio pueden ser acarreados a la formación de estructuras de estadios posteriores demostrando una continuidad durante el desarrollo. El acoplamiento de mecanismos del desarrollo durante varios estadios puede generar restricciones en el desarrollo (“developmental constraints”) teniendo consecuencias para la evolución de un organismo. Los autores argumentan que para evadir estas restricciones en el desarrollo, la evolución pudo haber generado mecanismos de *compartimentación* mediante primordios estructurales que se forman para cada estadio, como es el caso de los discos imaginales en las larvas.

La co-opción ha sido definida como un proceso de reutilizar unidades pre-existentes para una nueva función. Excluyendo posibles efectos fuera de blanco (“off target effects”) del RNAi, el trabajo responde claramente a la función de los cuatro genes sobre la expresión final del fenotipo (alteraciones en la formación de las extremidades), pero no presenta experimentos de sobreexpresión y tampoco incluye los patrones de expresión de los genes estudiados. La expresión de los genes podría haber resuelto algunas especulaciones acerca del momento de expresión y de las células/tejidos involucrados. Estos experimentos eran necesarios sobre todo para *Dll* y *Ab*, cuya función reportada fue distinta a la embrionaria y al parecer tenían un rol importante al inicio de la regeneración de las patas larvales,

especialmente durante la formación del blastema. Debido a que todos los genes estudiados son factores de transcripción y que probablemente regulan la expresión de otros genes que se expresan en fases posteriores del proceso de desarrollo y que tienen funciones parecidas en cada estadio, podemos inferir que rutas génicas podría estar siendo reutilizadas para la formación de estructuras estadio-específicas. Por lo tanto, la co-opción de rutas génicas podría estar facilitando la evolución de nuevos estadios del desarrollo, o a su vez la pérdida de los mismos.

—
^a F. Kafka utiliza la palabra alemana “Ungeziefer” para definir al insecto que describe a G. Samsa después de su metamorfosis. Se trata de una palabra coloquial utilizada para definir a una cucaracha o un escarabajo, por lo que ha generado algo de confusión en las traducciones de la novela.

^b Los premios Ig Nobel rinden homenaje a aquellos logros que primero hacen que la gente se ría y luego hacen que piense.

^c Cabe recalcar que Y. Suzuki trabaja en un college tradicional y sus colaboradores son principalmente estudiantes de pregrado

4 Profesor, Universidade de São Paulo

Contacto: fdbrown(at)usp.br

Referencias

Bertram DF et al. 2009. Evolutionary and experimental change in egg volume, heterochrony of larval body and juvenile rudiment, and evolutionary reversibility in pluteus form. *Evolution & Development*. DOI: 10.1111/j.1525-142X.2009.00380.x

Brown FD, Swalla BJ. 2012. Evolution and development of budding by stem cells: ascidian coloniality as a case study. *Developmental Biology*. DOI: 10.1016/j.ydbio.2012.05.038

Giribet G. 2009. On velvet worms and caterpillars: Science, fiction, or science fiction? *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.0910279106

Hall BK, Wake MH. 1999. The origin and evolution of larval forms. ISBN: 0127309357

Hart MW. 1996. Testing cold fusion of phyla: maternity in a Tunicate x Sea Urchin hybrid determined from DNA comparisons. *Evolution*. DOI: 10.2307/2410907

Hart MW, Grosberg RK. 2009. Caterpillars did not evolve from onychophorans by hybridogenesis. *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.0910229106

Lee AK et al. 2013. Developmental coupling of larval and adult stages in a complex life cycle: insights from limb regeneration in the flour beetle, *Tribolium castaneum*. *EvoDevo*. DOI: 10.1186/2041-9139-4-20

Moran NA. 1994. Adaptation and constraint in the complex life cycles of animals. *Annual Review of Ecology and Systematics*. DOI: 10.1146/annurev.es.25.110194.003041

Williamson DI. 1992. *Larvae and evolution: toward a new zoology*. ISBN: 0412030810

Williamson DI. 2009. Caterpillars evolved from onychophorans by hybridogenesis. *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.0908357106

West-Eberhard. 2003. *Developmental plasticity and evolution*. ISBN: 0195122356



Oscar J. Betancourt G, 2012
Helecho
Belalcázar, Caldas

RESEÑA INVESTIGADOR COLOMBIANO

Un paleontólogo tropical

Andrés L. Cárdenas⁵

Existen al menos cinco aspectos por los cuales la paleontología debe ser estudiada: (i) Determinar la edad relativa y distribución espacial de los cuerpos sedimentarios de roca (i.e. bioestratigrafía). (ii) Entender cómo ha cambiado la biodiversidad a través del tiempo ¿es actualmente cuando la biosfera presenta los mayores niveles de biodiversidad aun cuando la vida empezó hace más de 3.5 billones de años? ¿Ha habido condiciones ambientales "óptimas" que propicien niveles de biodiversidad más altos? ¿Qué procesos evolutivos han operado a lo largo de la historia de la vida para que la diversidad aumente o disminuya? (iii) Predecir la respuesta de los biomas actuales al actual calentamiento global, ya que el registro geológico nos ha enseñado que los cambios climáticos en la historia de la Tierra han sido más una constante que una excepción. (iv) Examinar las dinámicas de diversidad durante eventos globales ecológicamente catastróficos (i.e. eventos de extinción en masa) ¿Han sido los ecosistemas con mayores niveles de diversidad los más resilientes, o por el contrario los más afectados durante este tipo de eventos? ¿Cuánto tiempo tarda un bioma en volver a los niveles de biodiversidad inmediatamente anteriores a los de la catástrofe? Y finalmente, (v) tratar de resolver uno de los conjuntos de preguntas más fundamentales, que al menos cada uno de nosotros se ha hecho alguna vez en la vida: ¿Cuál es nuestro lugar en la naturaleza? ¿Qué somos? ¿De dónde venimos? ¿Somos una especie determinada para hacer algo especial o simplemente tan extraordinarios como cada uno de los billones de organismos que han vivido a través de la historia de la vida y los millones que nos acompañan hoy?

En general un excelente paleontólogo emplea toda su carrera científica en el estudio de solo uno de los temas anteriores. Sin embargo, Carlos Jaramillo, científico residente del Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales, en sus 21 años de trayectoria científica ha profundizado en cada una de estas preguntas, muestra de ello son sus 130 publicaciones internacionales (incluyendo varias en revistas científicas de muy alto impacto como *Nature* y *Science*)*. Carlos Jaramillo es además un

pionero en el estudio cuantitativo del registro fósil tropical. Este registro, que es fundamental para entender la vida, muy pocas veces ha sido examinado y hasta en algunas ocasiones ignorado, debido a su complejidad en (i) el muestreo (las capas de roca donde se encuentran los fósiles sufren altas tasas de meteorización por estar cubiertas de un espeso bosque tropical y sometidas a altos niveles de lluvia y temperatura), (ii) la interpretación geológica y (iii) al diverso número de organismos extintos que vivieron en estos ecosistemas y sus respectivas paleo-relaciones abióticas y bióticas. Gracias a la pasión y constancia de Carlos Jaramillo ahora tenemos un mejor entendimiento de la historia del bosque húmedo neotropical. Sabemos que este se configuró hace solo aproximadamente 57 millones de años (aunque las angiospermas aparecieron aproximadamente hace 140 millones de años), que los niveles de diversidad de este bioma han sido a través de su historia altamente dependientes de la temperatura global (i.e. mayor durante intervalos de temperaturas globales altas), que sus ámbitos biogeográficos no han cambiado a través del tiempo, y que sufrió una alta tasa de extinción durante el límite Cretácico - Paleógeno. Además, los modelos bioestratigráficos que Carlos ha desarrollado, con base en el registro de polen fósil tropical no solamente han sido útiles para conocer la historia del bosque, sino que han sido fundamentales en el conocimiento de la historia geológica del norte de Sudamérica.

George Gaylord Simpson, seguramente el paleontólogo más brillante y con mayor influencia en la biología evolutiva durante los más de 300 años de historia de la paleontología, describió en 1976 las características de un paleontólogo "completo". En resumen, este debería hacer extensivos trabajos de campo y colecciones, ser un excelente taxónomo, tener un profundo conocimiento de la biología y geología, fundamentar todas sus ideas en un sólido contexto evolutivo y ser una persona extremadamente curiosa. Todas estas cualidades son fácilmente reconocidas en el trabajo de Carlos Jaramillo, pero algo que podría agregarse al listado de Simpson (1976), y que constituye el mayor atributo de Carlos Jaramillo como investigador, es su alto grado de compromiso y generosidad con el conocimiento con las generaciones futuras de paleontólogos. Carlos Jaramillo, sin haber estado inscrito formalmente como profesor

universitario, aparte de ayudarnos a entender y cambiar nuestra visión de los ecosistemas tropicales a través de un viaje de millones de años, ha impulsado y colaborado en la formación de 170 profesionales en las áreas de biología, geología y paleontología. Aparte, ha impulsado 39 trabajos de pregrado y sus ideas han sido la inspiración de 66 trabajos de posgrado (48 maestrías y 18 doctorados). Sin lugar a dudas, este ha sido el mayor aporte de Carlos Jaramillo a la paleontología tropical.

* Enlace a las publicaciones de Carlos Jaramillo y su laboratorio:

<http://www.stri.si.edu/sites/publications/results.php?scientist=Carlos+A.+Jaramillo>

⁵ Becario postdoctoral, Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales

Contacto: alc1006(at)gmail.com

Referencias

Simpson GG. 1976. The compleat palaeontologist? Annual Review of Earth and Planetary Sciences. DOI: 10.1146/annurev.ea.04.050176.000245



Carlos Jaramillo. Cortesía de Andrés L. Cárdenas.

INVESTIGACIONES COLOMBIANAS

La evolución cultural de la cooperación: interacción entre formas de transmisión cultural y selección de grupos

Andrés E. Quiñones⁶

La evolución de la cooperación ha fascinado a los biólogos evolutivos desde los inicios mismos de la teoría evolutiva, esto debido a que desde una perspectiva de maximización del éxito reproductivo a nivel individual, la cooperación presenta un problema. Si la cooperación es un rasgo que incrementa el éxito reproductivo de otros individuos a costa de la reproducción propia, bajo la perspectiva de maximización del éxito reproductivo debería ser seleccionada negativamente. Diversos mecanismos han sido propuestos para entender cómo puede surgir cooperación bajo la acción de la selección natural. Uno de los más controvertidos ha sido la idea de que la selección puede actuar tanto al nivel de los individuos como de los grupos. De esta manera, si grupos de individuos compiten y son seleccionados, la selección favorecería a los grupos de individuos que cooperan entre sí. Sin embargo la acción de la selección a nivel individual actúa en contra de la cooperación, y por lo tanto destruye la variación necesaria para que haya selección al nivel superior. La pregunta de si la selección de grupos es lo suficientemente fuerte para contrarrestar la fuerza de la selección individual ha estado en el centro de un debate recurrente en la literatura. En los últimos años la idea de selección de grupos ha tomado mucha fuerza en explicaciones acerca de la evolución de la cooperación humana. Se argumenta que, dado que la cooperación humana es un rasgo cultural y algunas formas de transmisión cultural reducen la variación de rasgos culturales dentro de los grupos humanos, entonces la selección de grupos es más importante que la selección a nivel individual. Un ejemplo de este tipo de transmisión es el conformismo, según el cual los individuos tienden a copiar más los rasgos más frecuentes en su ambiente, debilitando el poder de la selección a nivel individual. Debido a que diferentes escuelas de biólogos teóricos han llegado a conclusiones opuestas usando aproximaciones

matemáticas, desarrollamos un modelo computacional para probar los argumentos de los modelos propuestos anteriormente. El modelo incluye dos formas de transmisión: conformismo y liderazgo; y dos formas de selección de grupos: mediada por extinción y mediada por migración. Los resultados de las simulaciones estocásticas evidencian que la acción de la selección de grupos puede favorecer la evolución de la cooperación. Sin embargo, esto depende de qué tipo de transmisión cultural se asuma y de la forma como los grupos reciben beneficios reproductivos. Cuando la transmisión del rasgo se rige por conformismo la selección de grupos solo favorece la cooperación si los grupos al cooperar reducen su probabilidad de extinción. Cuando la transmisión cultural se debe a la copia de un líder la selección de grupos favorece la cooperación indistintamente del mecanismo bajo el cual los grupos son seleccionados. En general, los resultados cuestionan el efecto positivo del conformismo sobre la evolución de la cooperación, efecto reportado tradicionalmente en estudios de evolución cultural. Este trabajo es una aproximación sistemática a la selección de grupos que pretende facilitar la solución de desacuerdos en la literatura.

Referencia: Molleman L, Quiñones AE, Weissing FJ. 2013. Cultural evolution of cooperation: the interplay between forms of social learning and group selection. *Evolution and Human Behavior*. DOI:10.1016/j.evolhumbehav.2013.06.001. **Enlace:** [http://www.ehbonline.org/article/S1090-5138\(13\)00064-0/abstract](http://www.ehbonline.org/article/S1090-5138(13)00064-0/abstract)

⁶ **Estudiante de doctorado. Theoretical Biology Group, University of Groningen, Países Bajos**

Contacto: andresqp(at)gmail.com

Ruido abiótico en quebradas, hibridación y evolución no acoplada de características de canto en dos especies de ranas venenosas

Fernando Vargas-Salinas⁷

Según la hipótesis de adaptación acústica, es de esperar que las señales de comunicación evolucionen en una forma que minimice su degradación y maximice el contraste con el ruido en el hábitat. Para comparar la importancia relativa de procesos adaptativos e hibridación en la divergencia de características de canto entre poblaciones de anuros, nosotros comparamos señales de reconocimiento en dos especies de ranas venenosas (*Oophaga histrionica* y *O. lehmanni*) en cinco localidades: dos cerca de quebradas (una por especie), dos lejos de quebradas y una donde se encuentran los híbridos. Grabamos el canto de 47 machos y caracterizamos la variación microgeográfica en cuanto a sus características espectrales y temporales. Además realizamos mediciones del nivel de ruido en el hábitat, tamaño y temperatura corporal de los individuos grabados. Las ranas que habitan localidades ruidosas cerca de quebradas (ruido a bajas frecuencias) tienen cantos con frecuencias más altas que ranas que habitan localidades menos ruidosas (lejos de quebradas); para una de las poblaciones se evidenció que los individuos son mucho más pequeños. Los resultados sugieren

un rol del ruido de quebrada como fuerza selectiva promotora del aumento en la frecuencia del canto en ranas venenosas, y posiblemente con un efecto pleiotropico en el tamaño corporal de individuos en una población. En cuanto a las ranas híbridas, su canto se solapó en el espacio acústico con el canto de una de las especies parentales. Nuestros datos soportan adaptación acústica siguiendo dos caminos evolutivos, aunque no soportan el papel de la hibridación como promotor de diversidad fenotípica.

Referencia: Vargas-Salinas F, Amézquita A. 2013. Stream noise, hybridization, and the uncouple evolution of call traits in two species of poison frogs. PLoS ONE. DOI: 10.1371/journal.pone.0077545

Enlace:
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0077545>

7 Profesor, Universidad del Quindío

Contacto: vargassalinasf(at)yahoo.com



Oscar J. Betancourt G, 2013
 Chrysomelidae
 Castilla, Caldas

BIODIVERSIDAD

Burmeistera antioquensis, *B. luteynii* y *B. bullatifolia*

Recientemente fueron descritas tres especies de plantas pertenecientes al género *Burmeistera* (Campanulaceae) en los sotobosques montanos húmedos y páramos de las cordilleras Central y Occidental de Colombia. *B. antioquensis* y *B. luteynii* restringen su distribución al departamento de Antioquia mientras que *B. bullatifolia* se distribuye además en el Valle del Cauca y Chocó. Las tres especies presentan distribuciones muy restringidas, en especial *B. antioquensis*, la que sólo se conoce en la localidad tipo (Cerro La Vieja, Sonsón, Antioquia) donde es bastante rara. Asimismo se encuentra en peligro por la acelerada transformación y pérdida de su hábitat ocasionada por actividades de agricultura y pastoreo. Estudios como este resaltan la necesidad de continuar con la exploración naturalista para así tener una idea cada vez más precisa de la diversidad biológica de nuestro país.



Burmeistera luteynii. Cortesía de Jorge Mario Vélez Puerta, Herbario Gabriel Gutiérrez Villegas,

Referencia:

Garzón J, Vélez J, González F. 2013. Three new species of *Burmeistera* (Campanulaceae-Lobelioideae) from Colombia. *Brittonia*. DOI: 10.1007/s12228-012-9259-8.

Enlace: <http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs12228-012-9259-8>

Bassaricyon neblina

Los olingos (género *Bassaricyon*) son endémicos del Neotrópico, habitan bosques montanos bajos-medios y en ocasiones zonas costeras de Centro América y Sur América. *Bassaricyon neblina*, llamado Olinguito, es una nueva especie de Carnívora que se encuentra en las montañas de los Andes en las Cordilleras Occidental y Central de Ecuador y Colombia. Se distribuye entre los 1500 y 2750 msnm, mientras que otras especies de olingos lo hacen por debajo de los 2000 msnm. Es considerada una especie endémica de los bosques de niebla de Colombia y Ecuador. De las cuatro subespecies de olinguito tres se encuentran en Colombia. *B. neblina* es la primera especie del orden Carnívora descubierta en los últimos 35 años en el Nuevo Mundo. Helgen *et al.* (2013) hacen un importante trabajo de actualización de las distribuciones de cada una de las especies dentro del género y validación de cada taxón. Un equipo de investigadores de la Reserva La Mesenia en el municipio de Jardín (Antioquia), liderado por Gustavo Suárez, registraron hace algún tiempo una madre y una cría de *B. neblina*. Desde entonces comenzaron a realizar seguimientos, búsqueda de dormideros y de otros individuos; en el momento tienen pensado estudiar la biología reproductiva y otras características de *B. neblina* con financiación internacional. Les deseamos éxitos en su investigación en pro de conservar esta nueva especie.

Referencia: Helgen KM, Pinto CM, Kays R, Helgen LE, Tsuchiya MTN, Quinn A, Wilson DE, Maldonado JE. 2013. Taxonomic revision of the olingos (*Bassaricyon*), with description of a new species, the Olinguito. *ZooKeys*. DOI: 10.3897/zookeys.324.5827



Cachorro de *Bassaricyon neblina* en vereda La Mesenia Paramillo (Jardín, Antioquia). Cortesía de Gustavo Suárez, Fundación Colibrí.

Enlace: <http://www.pensoft.net/journals/zookeys/article/5827/taxonomic-revision-of-the-olingos-bassaricyon-with-description-of-a-new-species-the-olinguito>

Hyloscirtus antioquia

Hyloscirtus antioquia fue muchos años tratada como *Hyloscirtus larinopygion*. Debido a un rediagnóstico de la especie *H. larinopygion* en el departamento de Antioquia fue posible el reconocimiento de esta nueva especie. Las características morfológicas que pesaron para diferenciar taxonómicamente estas especies fueron el patrón de coloración corporal, la coloración del iris y la presencia de una almohadilla epidérmica de color café oscuro. Las muestras de *Hyloscirtus* se encuentran en el Museo de Herpetología de la Universidad de Antioquia.

Referencia: Rivera-Correa M, Faivovich J. 2013. A new species of *Hyloscirtus* (Anura: Hylidae) from Colombia, with a rediagnosis of *Hyloscirtus larinopygion* (Duellman, 1973). *Herpetologica*. DOI: <http://dx.doi.org/10.1655/HERPETOLOGICA-D-12-00059>

Enlace: <http://www.bioone.org/doi/abs/10.1655/HERPETOLOGICA-D-12-00059>

Hyloscirtus antioquia. Cortesía de Mauricio Rivera-Correa, Grupo Herpetológico de Antioquia.





Óscar J. Betancourt G, 2012
Drosophila sp.
Belalcázar, Caldas

NOTICIAS NACIONALES

Celebración del Día de Darwin en Colombia

MTRs de COLEVOL

Fecha: 12 de febrero de 2014

Más información los próximos días en

www.colevol.co y redes sociales

Contacto: [redcoevol\(at\)gmail.com](mailto:redcoevol(at)gmail.com)

Facebook: <https://www.facebook.com/COLEVOL>

Twitter: <https://twitter.com/colevol>

Becas Fondo Colombia Biodiversa

Fundación Alejandro Ángel Escobar

Fecha: convocatoria abierta entre el 15 de enero hasta el 4 de abril de 2014

Enlace: <http://www.faae.org.co/colombiabiodiversa/index-3.html>

I curso de estadística bayesiana aplicada a estudios evolutivos

MTR Valle

Invitados: Andrew Crawford (Universidad de los Andes) y Jorge Duitama (CIAT)

Fecha: Febrero de 2014

Contacto: [coevolvalle\(at\)gmail.com](mailto:coevolvalle(at)gmail.com)

III curso de filogenética y genética de poblaciones FILOPOP-2014

MTR Quindío

Lugar: por definir

Fecha: 4-8 de agosto de 2014

Enlace (curso anterior): <http://www.uniquindio.edu.co/uniquindio/eventos/filopop2013/>

VIII Congreso Latinoamericano de Micología

Asociación Latinoamericana de Micología

Lugar: Medellín

Fecha: 4-7 de noviembre de 2014

Enlace: <http://alamic.org/index.php/congreso>

Becas de doctorado en universidades de Colombia

COLCIENCIAS

Fechas variables según universidad

Enlace: <http://www.colciencias.gov.co/noticias/516-becas-para-doctorados-en-universidades-de-colombia>

Plan de retorno de cerebros fugados

COLCIENCIAS

Enlace: <http://www.colciencias.gov.co/noticias/ambicioso-plan-para-retorno-de-cerebros-fugados-ofrece-colciencias>

NOTICIAS INTERNACIONALES

Symposium on Evolution of Mating Systems

Lugar: Konnevesi, Finlandia

Fecha: 19-21 de febrero de 2014

Enlace: https://www.jyu.fi/science/muut_yksikot/winterschool/jwe11/workshop/index_html

La Fundación Alexander von Humboldt ofrece 20 becas para investigadores expertos en protección climática

Lugar: Alemania

Fechas importantes: inscripciones hasta el 15 de marzo 2014

Enlace:

<http://www.humboldt-foundation.de/web/icf.html>

Fourth Annual Yosemite Symbiosis Workshop 2014: an integrative meeting of biologists focusing on symbiosis research

Sierra Nevada Research Institute

Lugar: Yosemite National Park, Wawona

Fechas: 3-4 de mayo de 2014, resúmenes e inscripción temprana hasta el 15 de enero

Enlace: <http://medinalab.org/new/2014symbiosis%E2%80%8E/>

I Congreso Latinoamericano de Genética para la Conservación

Lugar: Estado Vargas, Venezuela

Fechas importantes: 5-9 de mayo de 2014, inscripción temprana hasta el 28 de febrero

Enlace: <http://www.regenec.org/taller/may2014/>

Curso virtual Biomorfodinámica: limitaciones a la evolución morfológica

Transmitting Science

Fechas importantes: 9-13 de junio de 2014

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

Cursos virtuales en Coursera

Computational Molecular Evolution por Anders

Gorm Pedersen

Fechas importantes: inicia el 13 de junio de 2014

Enlace: <https://www.coursera.org/course/molevol>

SMBE 2014. Molecular Evolution: From Genome Technology to the History of Life.

Society for Molecular Biology and Evolution,

Lugar: San Juan, Puerto Rico

Fechas importantes: 8 – 12 Junio de 2014, inicio de inscripciones en enero 27 de 2014.

Enlace: <http://smbe.org/annual/2014/>

Evolution 2014

Society for the Study of Evolution, American

Society of Naturalists and Society of Systematic

Biologists

Lugar: Raleigh, North Carolina, USA

Fechas importantes: 20-24 de junio de 2014, inicio de inscripciones en enero de 2014

Enlace: <http://evolution2014.org/>

Euro Evo Devo 2014

European Society for Evolutionary Developmental Biology

Lugar: Vienna, Austria

Fechas importantes: 22-25 de julio de 2014,

registro temprano y resúmenes hasta el 30 de abril

Enlace: <http://evodevo2014.univie.ac.at/welcome/>

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Kivell TL, Barros AP, Smaers JB. 2013. Different evolutionary pathways underlie the morphology of wrist bones in hominoids. BMC Evolutionary Biology. DOI: 10.1186/1471-2148-13-229

Los análisis morfológicos comparativos permiten evaluar tendencias evolutivas, inferir cambios en las tasas de evolución y determinar si las similitudes observadas resultan de descendencia común o son adquiridas independientemente. Dentro de los primates, el estudio de la muñeca es de interés. El desacoplamiento de las funciones de las extremidades permite que los miembros anteriores sean usados para manipular objetos. Kivel et al. (2013) demuestran que la muñeca se compone de huesos que siguen diferentes vías evolutivas, mostrando un grado de independencia evolutiva. Algunos huesos de la muñeca han sufrido evolución paralela, mientras que otros se presentan como sinapomorfias específicas de clados. Esta independencia permite a los autores proponer que la locomoción apoyado en nudillos (gorilas) y la orientada hacia trepar (simios actuales) han evolucionado de forma paralela dentro de los homínidos.

Enlace: <http://www.biomedcentral.com/content/pdf/1471-2148-13-229.pdf>

Sandoval JR, Lacerda DR, Jota MSA, Salazar-Granara A, Vieira PPR, Acosta O, Cuellar C, Revollo S, Fujita R, Santos F. 2013. The genetic history of indigenous populations of the Peruvian and Bolivian Altiplano: the legacy of the Uros. PLoS ONE. DOI:10.1371/journal.pone.0073006

Sandoval et al. (2013) analizan las relaciones genéticas de los Uros con sus vecinos Aymará y Quechua, quienes viven en los alrededores de los lagos Titicaca y Poopo en Perú y Bolivia. Algunos investigadores sostienen que los Uros fueron los primeros habitantes del altiplano andino y que pueden estar relacionados con indígenas Arawak de la Amazonía. Sin embargo, los datos genéticos muestran que los Uros actuales están distantes unos de otros y que en algunos casos guardan más parecido a sus vecinos Quechua y Aymará que a los grupos Arawak. Es interesante ver que las

barreras geográficas, el aislamiento reproductivo y el flujo de genes pueden generar suficiente diferenciación biológica en una población que comparte costumbres similares y un origen común. Podemos hablar entonces de historias biológica cultural fuertemente imbricadas y difíciles de separar.

Enlace: <http://www.plosone.org/article/fetchObject.action?uri=info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0073006&representation=PDF>

Evolución del comportamiento

Caro LM, Caycedo-Rosales PC, Bowie RCK, Slabbekoorn H, Cadena CD. 2013. Ecological speciation along an elevational gradient in a tropical passerine bird? Journal of Evolutionary Biology. DOI: 10.1111/jeb.12055

El canto en aves puede jugar un papel crucial en el aislamiento reproductivo. La adaptación local de las poblaciones a lo largo de gradientes altitudinales es bien conocida, sin embargo no lo son las evidencias de divergencia parapátrica que conduzca a especiación. Caro et al. (2013) integraron datos de comportamiento con datos morfológicos, vocales y genéticos para probar la hipótesis de especiación ecológica parapátrica asociada con la altitud en poblaciones del cucarachero *Henicorhina leucophrys* en un bosque tropical de la Sierra Nevada de Santa Marta. La divergencia morfológica y vocal a lo largo del gradiente altitudinal es consistente con un escenario adaptativo de aislamiento reproductivo producido por una barrera comportamental.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jeb.12055/abstract;jsessionid=5F8DD973F9780181858D2A1034C0ECC5.f01t03>

Rodríguez R, Rebar D, Fowler-Finn K. 2013. The evolution and evolutionary consequences of social plasticity in mate preferences. Animal Behaviour. DOI: 10.1016/j.anbehav.2013.01.006

El ambiente social y la plasticidad fenotípica modifican comportamientos como la preferencia de pareja. Rodríguez et al. (2013) revisan hipótesis adaptativas acerca de la evolución de la plasticidad social en éste comportamiento, encontrando evidencia que las apoyan a través de diferentes especies, destacando que los mecanismos de plasticidad social aparecen en función de la variación de los fenotipos y las causas de selección. Concluyen que la plasticidad en la preferencia de pareja surge de las experiencias y el entorno y que los individuos en ambientes sociales son seleccionados para influir en las preferencias de pareja de los demás.

Enlace: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0003347213000171>

Ecología evolutiva

Jones E, Bronstein J, Ferrière R. 2012. The fundamental role of competition in the ecology and evolution of mutualisms. *Annals of the New York Academy of Sciences*. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2012.06552.x

Jones et al. (2012) analizaron como la competencia influye en la ecología relacionando los mutualismos. Utilizando un marco gráfico, relacionaron el flujo de recursos de un lugar y el proceso neto de oportunidades de competencia que éste podría llegar a alcanzar. Se muestra la manera en que la ecología da forma a la competencia de los mutualismos. En este trabajo, el estudio empírico y teórico de la evolución abordó los siguientes puntos: (i) la existencia y forma de “compromisos” (*trade-offs*) fisiológicos entre la cooperación, competencia y otros rasgos funcionales y de historia de vida, (ii) la capacidad de los individuos para expresar las respuestas condicionadas a la variación en su entorno mutualista y competitivo, (iii) la existencia de la variación hereditaria de rasgos mutualistas y competitivos y su expresión potencialmente condicional, y (iv) la estructura de la red de interacciones de recursos de los consumidores en la que están inmersos los individuos.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1749-6632.2012.06552.x/abstract>

Senior J, Schweitzer J, O'Reilly-Wapstra J, Chapman S, Steane D, Langley A, Bailey J. 2013. Phylogenetic responses of forest trees to global

change. *PLoS ONE*. DOI:10.1371/journal.pone.0060088

Para comprender los efectos del rápido cambio climático antropogénico es de suma importancia conocer la ecología de las especies forestales actuales. Senior et al. (2013) midieron los niveles de CO₂ atmosférico y su incidencia en la fertilización nitrogenada, y relacionaron la filogenia de 26 especies de árboles con su rendimiento ante estrés por contaminantes y cantidades elevadas de CO₂. Observaron que la rapidez de síntesis de CO₂ de una especie está determinada por el grupo filogenético al que pertenece. Esto indica que la historia evolutiva de cada una de las especies desempeña un papel importante en la forma de reaccionar a factores de contaminación elevados, dependiendo del contexto ambiental analizado.

Enlace: <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0060088>

EvoDevo

Pabón-Mora N, Sharma B, Holappa L, Kramer E, Litt A. 2013. The *Aquilegia* FRUITFULL-like genes play key roles in leaf morphogenesis and inflorescence development. *The Plant Journal*. DOI: 10.1111/tpj.12113

Los factores de transcripción AP1/FUL están implicados en varios procesos de desarrollo en angiospermas, desde la identidad de los órganos florales hasta el desarrollo del fruto. Sin embargo, aún no está claro cómo se adquirieron estas funciones a lo largo de la evolución. Estos genes han sido objeto de varias duplicaciones, la más importante produjo los clados euAP1 y euFUL, vinculados con el origen de las Eucotiledóneas. Estos genes están relacionados con la identidad del meristemo floral y la represión del crecimiento en el meristemo axilar. Para investigar el impacto de la duplicación del núcleo de las eucotiledóneas en la diversificación funcional de este linaje de genes, Pabón-Mora et al. (2013) estudiaron el papel de la pre-duplicación de genes FUL en *Aquilegia coerulea*, encontrando que estos genes tienen además un papel clave en la morfogénesis de la hoja y el desarrollo de la inflorescencia.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.12113/abstract;jsessionid=90D49C12A97C27DDBE5C7EEB5FE3AF1C.f04t01>

Parsons K, Albertson R. 2013. Unifying and generalizing the two strands of evo-devo. Trends in Ecology and Evolution. DOI:10.1016/j.tree.2013.06.009

La aparición de la teoría EvoDevo ha tenido profundos efectos en la forma en la que se estudia la evolución. No obstante, las investigaciones en Evo-Devo tienden a incluir dos enfoques generales: uno mecanicista y tipológico, con un enfoque en fenotipos bimodales simples; y otro cuantitativo, el cual se centra en fenotipos multidimensionales, sin una comprensión de los mecanismos genéticos subyacentes. Parsons y Albertson (2013) realizan una revisión de la literatura reciente del tema y presentan un enfoque generalizado de la teoría EvoDevo, adecuado para el estudio de los rasgos cuantitativos. Sugieren que el campo de EvoDevo está listo para una reconciliación de sus dos enfoques, dado los últimos avances tecnológicos en genómica, biología molecular y morfometría. Esto permitirá tener un mayor potencial explicativo con respecto a los patrones y procesos que subyacen a la divergencia fenotípica adaptativa.

Enlace: [http://www.cell.com/trends/ecology-evolution/abstract/S0169-5347\(13\)00167-5](http://www.cell.com/trends/ecology-evolution/abstract/S0169-5347(13)00167-5)

Evolución molecular

Chapman M, Hiscock S, Filatov D. 2013. Genomic divergence during speciation driven by adaptation to altitude. Molecular Biology and Evolution. DOI: 10.1093/molbev/mst168

No es claro el papel que desempeña la selección natural en la especiación. La selección sobre pocos genes puede dar lugar a divergencia de todo el genoma y la formación de distintas especies. Chapman et al. (2013) proporcionan una explicación al por qué muchas especies estrechamente relacionadas permanecen fenotípicamente y ecológicamente diferenciadas en presencia de hibridación permanente. Como modelo de estudio utilizan las plantas *Senecio aethnensis* y *S. chrysanthemifolius*, separadas altitudinalmente. Presentan una zona híbrida en altitudes intermedias y permanecen diferenciadas morfológicamente. La diferenciación genética se analizó con base en polimorfismos de DNA y niveles de expresión de genes por secuenciación de alto rendimiento de transcriptomas. Encontraron que a pesar del

permanente flujo de genes, la selección diversificadora en unos cuantos loci puede ser suficiente para la formación y mantenimiento de especies definidas taxonómicamente.

Enlace: <http://mbe.oxfordjournals.org/content/early/2013/10/17/molbev.mst168.full.pdf+html>

Taylor J, Pacheco M, Bacon D, Beg M, MacHado R, Fairhurst R, Herrera S, Kim J, Menard D, Póvoa M, Villegas L, Mulyanto, Snounou G, Cui L, Zeyrek F, Escalante A. 2013. The evolutionary history of *Plasmodium vivax* as inferred from mitochondrial genomes: parasite genetic diversity in the Americas. Molecular Biology and Evolution. DOI: 10.1093/molbev/mst104

El genoma mitocondrial de *Plasmodium vivax* señala que su diversidad en América es comparable a la de Asia y Oceanía. Taylor et al. (2013) identificaron varios clados divergentes que circulan en Sur América y que resultarían de introducciones independientes. Varios haplotipos de Venezuela y el nororiente de Brazil pertenecen a un clado que divergió de otro linaje de *P. vivax* hace aproximadamente 30.000 años, aunque no necesariamente en América. El esclarecimiento de la variación del complejo patrón geográfico de *P. vivax* es importante para evaluar la diversidad de los genes que codifican antígenos candidatos para vacunas y para la formulación de medidas de control y vigilancia destinadas a la eliminación del paludismo.

Enlace: <http://mbe.oxfordjournals.org/content/early/2013/06/01/molbev.mst104>

Genética evolutiva

Roda F, Liu H, Wilkinson MJ, Walter GM, James ME, Bernal DM, Melo MC, Lowe A, Rieseberg LH, Prentis P, Ortiz-Barrientos D. 2013. Convergence and divergence during the adaptation to similar environments by an Australian groundsel. Evolution. DOI: 10.1111/evo.12136

Las poblaciones costeras del complejo de margaritas *Senecio lautus* están adaptadas a ambientes contrastantes, dunas y acantilados rocosos, presentando diferenciación fenotípica. Poblaciones de ambos tipos ocurren repetidamente adyacentes unas a otras a lo largo de la costa sureste de Australia. A pesar de su diferenciación fenotípica, poblaciones

adyacentes de dunas y acantilados rocosos están más emparentadas en comparación a poblaciones del mismo ambiente no diferenciadas fenotípicamente. Este escenario sugiere un patrón evolutivo de divergencia paralela. Roda et al. (2013) usaron técnicas de genotipificación tradicionales y de última generación para analizar las relaciones evolutivas entre 27 poblaciones naturales y el patrón de heterogeneidad genómica. Los resultados son consistentes con un proceso de divergencia ecotípica paralela en presencia de flujo genético, perfilando este complejo de especies como un buen sistema para el estudio de genética adaptativa y especiación por selección natural.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/evo.12136/abstract>

Medina I, Wang IJ, Salazar C, Amézquita A. 2013. Hybridization promotes color polymorphism in the aposematic harlequin poison frog, *Oophaga histrionica*. *Ecology and Evolution*. DOI: 10.1002/ece3.794

Algunas especies de ranas venenosas exhiben una alta variación intraespecífica en sus patrones de coloración. Una población (pHYB) del complejo de ranas arlequines venenosas *Oophaga histrionica* en el bosque húmedo del Pacífico colombiano tiene un patrón de coloración intermedio entre *O. histrionica* y *O. lehmanni*, por lo que se cree híbrida. Medina et al. (2013) reconstruyeron las relaciones filogenéticas, compararon las frecuencias de marcadores microsatélites y caracterizaron la preferencia de hembras por machos entre diferentes poblaciones. Los resultados indican flujo genético histórico asimétrico y alelos de la población híbrida compartidos con los parentales. Las hembras híbridas tuvieron mayor preferencia por machos heterotípicos, dependiendo de los tipos de machos presentes. De esta forma se soporta fuertemente un origen híbrido de la población pHYB de *O. histrionica*. Este estudio evidencia que la hibridación acoplada con la elección de pareja dependiente del contexto puede contribuir a la evolución de variación fenotípica en ranas aposemáticas polimórficas.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ece3.794/abstract>

Morfología y fisiología evolutiva

Nespolo RF, Bartheld JL, González A, Bruning A, Roff DA, Bacigalupe LD, Gaitán-Espitia JD. 2013. The quantitative genetics of physiological and morphological traits in an invasive terrestrial snail: additive versus non-additive genetic variation. *Functional Ecology*. DOI: 10.1111/1365-2435.12203

La distribución de la variación genética aditiva frente a la no aditiva en las poblaciones naturales es un tema central en la investigación evolutiva del cual aún gran parte se desconoce. Nespolo et al. (2013) evaluaron la variación genética aditiva y materna (no aditiva) de un conjunto de rasgos fisiológicos y morfológicos en la especie de caracol *Coru aspersum*. A lo largo de 1300 kilómetros se observó que a excepción de la tasa de deshidratación, la masa de los huevos y el peso de las crías, la variación genética aditiva fue baja. Se encontró gran variación por efectos aditivos en todos los rasgos, pero como no se encontraron diferencias entre las matrices de varianza/covarianza fenotípica o genética no aditiva, se sugiere ausencia de diferenciación fisiológica y morfológica en estas poblaciones.

Enlace: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1365-2435.12203/abstract>

Shaffer HB, Minx P, Warren DE, et al. 2013. The Western Painted Turtle genome, a model for the evolution of extreme physiological adaptations in a slowly evolving lineage. *Genome Biology*. DOI: 10.1186/gb-2013-14-3-r28

Las tortugas han sido señaladas desde hace más de medio siglo como un grupo extraño, presentan algunas características extremas como tolerancia a la anoxia, capacidad para soportar la congelación, envejecimiento con un daño tisular mínimo, entre otras. Basado en estas características Shaffer et al. (2013) secuenciaron el genoma de la tortuga pintada occidental *Chrysemys picta bellii*. Los primeros análisis confirmaron que las tortugas son el grupo hermano de los arcosaurios y que la capacidad para tolerar la anoxia y congelación posiblemente está asociada con redes de genes comunes dentro de los vertebrados. Este estudio genera algunas perspectivas importantes para la biología de la conservación y ciencia aplicada a la medicina.

Enlace: <http://genomebiology.com/content/14/3/R28>

Paleontología evolutiva

Lordkipanidze D, Ponce MS, Margvelashvili A, Rak Y, Rightmire GP, Vekua A, Zollikofe C. 2013. A complete skull from Dmanisi, Georgia, and the evolutionary biology of early Homo. Science. DOI: 10.1126/science.1238484

Lordkipanidze et al. (2013) dan a conocer el primer cráneo completo de un homínido adulto del Pleistoceno temprano, proveniente del sitio Dmanisi en la República de Georgia. Los restos fósiles obtenidos recientemente en este sitio no sólo confirman la ocurrencia de representantes del género *Homo* fuera de África hace 1.8 millones de años, sino que indica que la variación morfológica dentro de este género es amplia y que se trataría de un linaje que fue migrando por diferentes continentes. Los autores plantean que la variación intraespecífica en homínidos fósiles del Plio-Pleistoceno ha sido considerada erróneamente en estudios previos como diversidad de especies. Sugieren que la filogenia de los *Homo* más basales encontrados en África debe ser revisada, especialmente al reconocer el carácter fragmentario de los fósiles recuperados en dicho continente.

Enlace: <http://www.sciencemag.org/content/342/6156/326>

Hochuli PA, Feist-Burkhardt S. 2013. Angiosperm-like pollen and *Afropollis* from the Middle Triassic (Anisian) of the Germanic Basin (Northern Switzerland). Frontiers in Plant Science. DOI: 10.3389/fpls.2013.00344

Hochuli y Feist-Burkhardt (2013) reportan la evidencia más temprana de polen fósil similar al de las angiospermas. Se trata de material proveniente de núcleos de roca colectados en el norte de Suiza que datan del Triásico medio. Esto precede por más de 100 millones de años los registros más antiguos que se tenían de polen de angiospermas (Cretácico temprano). Asociados a estos granos también se encontró polen similar al de *Afropollis*, tratándose de la ocurrencia más antigua de este género afín a las angiospermas que se creía restringido al Cretácico. Los autores consideran que probablemente el polen que describen pertenece a parientes del grupo que dio origen a las angiospermas. Esto lleva a abordar en investigaciones futuras la brecha de registros de polen

parecido al de angiospermas que involucra al intervalo Triásico tardío-Jurásico.

Enlace: <http://www.frontiersin.org/Journal/10.3389/fpls.2013.00344/abstract>

Sistemática

Botero-Castro F, Tilak M-k, Justy F, Catzeflis F, Delsuc F, Douzery EJP. 2013. Next generation sequencing and phylogenetic signal of complete mitochondrial genomes for resolving the evolutionary history of leaf-nosed bats (Phyllostomidae). Molecular Phylogenetics and Evolution. DOI: http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2013.07.003

Estudios basados en caracteres morfo-anatómicos han presentado dificultades tales como homoplasias para resolver las relaciones filogenéticas de los murciélagos filostómidos. Aunque en los últimos 20 años se han desarrollado *primers* específicos para marcadores mitocondriales y nucleares resolviendo las relaciones de niveles taxonómicos superiores, muchas veces no hay una señal filogenética fuerte cuando se evalúan las relaciones intergenéricas a nivel de subfamilia con nodos conflictivos entre las ramas de los árboles. Botero-Castro et al. (2013) secuenciaron el genoma mitocondrial de 10 especies de filostómidos y evaluaron la señal filogenética contenida en los genes mitocondriales y exones nucleares. Observaron el efecto de la combinación de diferentes genes en la reconstrucción filogenética y sugieren que los mitogenomas proveen señales filogenéticas robustas a la hora de evaluar las relaciones a nivel de subfamilias en mamíferos.

Enlace: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790313002789>

Pearson T, Hornstra HM, Sahl JW, Schaack S, Schupp JM, Beckstrom-Sternberg SM, O'Neill MW, Priestley RA, Champion MD, Beckstrom-Sternberg JS, Kersh GJ, Samuel JE, Massung RF, Keim P. 2013. When outgroups fail; phylogenomics of rooting the emerging pathogen, *Coxiella burnetii*. Systematic Biology. DOI:10.1093/sysbio/syt038

Los grupos externos son fundamentales a la hora de enraizar un árbol filogenético cuando un grupo de individuos a comparar no posee una historia evolutiva

conocida. ¿Pero qué hacer cuando esta herramienta falla? Pearson et al. (2013) proponen el uso de una técnica bioinformática que facilita el estudio de grupos relacionados sin grupos hermanos cercanos. Utilizaron 10 secuencias de *Coxiella burnetii*, causante de la fiebre Q. Basados en SNPs y la búsqueda de duplicaciones identificaron secuencias ortólogas y parálogas. Señalan que las secuencias parálogas son una excelente herramienta para enraizar el árbol filogenético. Estos resultados prometen ser de utilidad para analizar las frecuentes radiaciones de patógenos.

Enlace: <http://sysbio.oxfordjournals.org/content/early/2013/06/04/sysbio.syt038.short>

Teoría evolutiva

Winther R, Wade M, Dimond C. 2013. Pluralism in evolutionary controversies: styles and averaging strategies in hierarchical selection theories. DOI 10.1007/s10539-013-9378-y

El pluralismo referente a las diferentes maneras de abordar la incógnita de la evolución biológica es tratado por Winther et al. (2013) como un núcleo formador de debates que refleja el pensamiento de diferentes escuelas a través de la historia. Partiendo de esto, una cuestión surge para la ciencia: ¿qué tanto deben converger o diferir las preguntas de investigación en las diferentes ramas de la ciencia? ¿Qué tan ventajoso o perjudicial puede ser esta disimilitud entre escuelas en la dinámica del avance científico? En este artículo se hace una interesante revisión del debate acerca de los roles de la deriva génica, la selección natural y la estructura poblacional entre Sewall Wright y Ronald A. Fisher. Analizan por qué éstas interactúan pobremente con otros tipos de controversias académicas, específicamente con las que abordan las unidades de selección. Sin duda un tema importante tanto para la biología evolutiva como para la filosofía.

Enlace: <http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10539-013-9378-y>

Livnat A. 2013. Interaction-based evolution: how natural selection and nonrandom mutation work. DOI: 10.1186/1745-6150-8-24

La síntesis evolutiva moderna no resuelve algunas preguntas fundamentales de larga data en biología

evolutiva: ¿Cuál es el papel del sexo en la evolución? ¿Cómo evoluciona la adaptación compleja? Las revoluciones en biología molecular y genómica han planteado preguntas críticas a través de resultados empíricos que la síntesis moderna no logra explicar: el descubrimiento de genes *de novo*, la función constructiva de elementos transponibles en la evolución, etc. Se aborda estas preguntas desde una perspectiva unificada, por medio de una nueva visión mecanicista de la evolución, ofreciendo una nueva conexión entre cambio evolutivo genético y selección en el fenotipo. Livnat propone la hipótesis de que la mutación que es de relevancia para la evolución de la adaptación compleja no es aleatoria, sino que es el resultado de un complejo y continuado proceso biológico evolutivo, que combina la información de múltiples loci dentro de uno.

Enlace: <http://www.biologydirect.com/content/8/1/24/abstract>

Enseñanza de la evolución biológica

Hiatt A, Davis GK, Trujillo C, Terry M, French DP, Price RM, Perez KE. 2013. Getting to Evo-Devo: concepts and challenges for students learning evolutionary developmental biology. CBE-Life Sciences Education. DOI: 10.1187/cbe.12-11-0203

Existen numerosas investigaciones sobre los retos que existen al enseñar conceptos como la selección natural a estudiantes universitarios, pero poco se conoce sobre los retos conceptuales al estudiar la biología evolutiva del desarrollo. Por medio de encuestas a estudiantes de pregrado en biología de Estados Unidos, Hiatt et al. (2013) identificaron los conceptos con mayor dificultad de aprendizaje y las causas. La relación entre ontogenia y filogenia, la evolución por modificaciones en la regulación génica, así como las restricciones del desarrollo (i.e. el desarrollo de un linaje limita la gama de posibles fenotipos que pueden ocurrir) fueron los conceptos con mayor dificultad de aprendizaje. Los autores proponen una lista de conceptos clave en los que deben enfatizarse al enseñar Evo-Devo, también sugieren mayor importancia al rol de la regulación génica en los cursos de biología molecular y dar un contexto evolutivo en los cursos básicos de botánica y zoología.

Enlace: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3763016/pdf/494.pdf>

Eterovic A, Santos C. 2013. Teaching the role of mutation in evolution by means of a board game. Evolution: Education and Outreach. DOI: 10.1186/1936-6434-6-22

La enseñanza del papel de la mutación en la evolución por medio del juego ACAGATATA es una propuesta interesante, pues muestra que un tema complejo puede abordarse de manera lúdica. El tablero de juego ACAGATATA simula cómo el azar origina la biodiversidad. Consta de tres pasos: (1) la construcción de un esquema dicotómico mediante la presentación del DNA parental a copias sucesivas en las que la posibilidad de mutación es dictada por ruletas especiales.

Después de tres generaciones hasta ocho secuencias diferentes de ADN pueden aparecer; (2) la atribución de la serie de aminoácidos a las ocho secuencias de nucleótidos en la tercera generación siguiendo el código genético, y (3) el análisis de los rasgos en estos individuos y la puntuación de los resultados. ACAGATATA es adecuado para cursos de biología sobre la información genética, su expresión y evolución molecular.

Enlace: <http://www.evolution-outreach.com/content/6/1/22>



Oscar J. Betancourt G, 2013
Manizales, Caldas

MESAS DE TRABAJO REGIONAL

Celebramos la creación y funcionamiento de ocho mesas de trabajo regional (MTR) en Colombia. Te invitamos a ser parte de ellas, si en tu región aún no hay una contáctanos en [redcolevol\(at\)gmail.com](mailto:redcolevol(at)gmail.com) para promover su creación. A continuación las MTR nos cuentan sus actividades durante los últimos meses o nos comparten un ensayo producto de sus discusiones.

MTR Antioquia

La MTR Antioquia desde su creación y en colaboración con el Parque Explora de Medellín se ha caracterizado por la labor divulgativa que desempeña acerca de la historia de las teorías de la evolución y sus conceptos clave. Hace seis meses comenzamos con un minicurso de evolución para todo tipo de público, donde exploramos a través de exposiciones y conversatorios los conceptos básicos y los malentendidos más comunes alrededor de las teorías. Para acercar a las personas a la investigación en biología evolutiva hemos contado con la presencia de profesores e investigadores nacionales invitados que nos han hablado de su trabajo y experiencia en investigación. A través de estas actividades hemos podido interactuar con más de 100 personas de todas las edades y profesiones, con una asistencia al grupo sostenida de entre 20 y 30 personas por encuentro semanal, y a partir de la cual aprovechamos un espacio ciudadano para discutir sobre la biología y su impacto sobre la vida cotidiana de las personas. Además, con motivo de la celebración del día de Wallace, logramos integrar alrededor de la biología evolutiva con distintos grupos de estudio de la ciudad —El semillero de Paleontología de la Universidad EAFIT y el grupo de estudio en Paradigmas de la Biología de la Universidad CES— con los que esperamos en el 2014 realizar encuentros académicos y divulgativos de manera conjunta.

Invitamos tanto a la comunidad de Medellín y sus alrededores, como a investigadores que estén de paso por la ciudad, a que nos acompañen y participen de los encuentros del Grupo de Estudios en Biología Evolutiva COLEVOL-Parque Explora todos los jueves a las 6:30 pm en la sala de reuniones del Planetario de Medellín. A continuación les compartimos dos notas sobre las presentaciones de dos investigadores

que invitamos a nuestros encuentros y que fueron realizadas por integrantes del grupo.

Evolución de integraciones nucleares del genoma mitocondrial (NUMTS) en grandes simios y su potencial como marcadores moleculares. Por Juan Gonzalo Vélez, ingeniero eléctrico jubilado.

El doctor Iván Darío Soto-Calderón realizó investigaciones en universidades norteamericanas y dispuso de gran variedad de simios de los zoológicos de los Estados Unidos. Presentó la forma como los NUMTS se heredan y pueden dar indicios filogenéticos equivocados, dado que una secuencia mitocondrial puede pasar al núcleo y permanecer en él indefinidamente. Estos marcadores permiten también rastrear en el tiempo (en millones de años) el parentesco entre especies en su evolución, pues estos NUMTS permanecen en el tiempo como secuencias de ADN-fósiles. Las muestras en campo se tomaron directamente de sangre en los zoológicos y para el caso de simios de África tomó muestras de heces. Su estudio permitió encontrar mucho parentesco entre simios en los Estados Unidos de zoológicos muy retirados con poblaciones naturales en África.

El otro igual a mí. Por Melissa Morales Vanegas, estudiante de antropología.

En el Grupo de Estudios en Biología Evolutiva me encontré con una exposición donde se hablaba de la iguana verde en una población que habita una isla del Canal de Panamá. El profesor cuán extraño o ajeno sea de mí sino en cuánto se parece, cuáles son esos rasgos que yo puedo identificar en ellos y que puedo identificar en mí. Los animales han adoptado comportamientos y características que los convierten en individuos sociales y con rasgos de parentesco que indican a donde pertenecen. Hábitos de repetición llevan por ejemplo a las iguanas a conseguir comida en determinado lugar o a trasladarse a un sitio a reproducirse y a adquirir nuevos saberes por imitación. La antropología hoy en día no se restringe solo al estudio cultural, social, evolutivo e histórico del hombre, se enfoca también en aquellos organismos con que compartimos nuestro entorno y con quienes diariamente interactuamos. Como animales somos conscientes que poseemos la

razón, la conducta y las emociones que nos hacen destacarnos de los demás animales, pero somos inconscientes al creer que por eso somos más que ellos.

Contacto: colevol.antioquia(at)gmail.com

MTR Bogotá

IV SIMPOSIO NACIONAL DE LA RED COLOMBIANA DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

La cuarta versión del Simposio Nacional de la Red Colombiana de Biología Evolutiva se llevó a cabo en la Universidad Central en Bogotá los días 24, 25 y 26 de Julio de 2013. El simposio contó con la participación de más de 200 asistentes de todo el país y cuatro conferencistas magistrales, dos internacionales (Peter Stadler y Trevor Price) y dos colombianos (Carlos Navas y Daniel Ortiz-Barrientos). Adicionalmente tuvimos la oportunidad de escuchar 30 ponencias orales, observar 12 posters, disfrutar de una actividad lúdica en evolución y discutir temas relevantes para nuestro desempeño como comunidad científica en dos espacios.

Una vez más, el desarrollo del Simposio Nacional COLEVOL permitió no solo la interacción e integración de los biólogos evolutivos de todo el país, sino que proporcionó los medios de comunicación necesarios para conocer más acerca de los trabajos que se están adelantando en esta área en diferentes partes del mundo. De esta forma se llevaron a cabo las videoconferencias presentadas por Dr. Daniel Ortiz-Barrientos desde Brisbane (Australia) y por Natalia Gutiérrez-Pinto desde Bucaramanga (Santander). Así pudimos unir la tecnología y el conocimiento para que fuera una experiencia enriquecedora que cada vez es más relevante para los integrantes de COLEVOL.

Entre los ponentes invitados, tuvimos la oportunidad de compartir con Camilo Salazar, Natasha Bloch, Cristina López-Gallego y Eugenio Andrade, quienes presentaron los avances de sus investigaciones de gran importancia para la biología evolutiva. También se realizó una actividad lúdica dirigida por Luis Ramírez, quien con su conocimiento en pedagogía llevo a los participantes a evaluar y reforzar sus conceptos en el área. De esta manera demostró una forma sencilla y divertida de enseñar

evolución tanto a estudiantes de colegio como de universidad.

Tuvimos la oportunidad de abrir dos espacios de discusión durante el desarrollo del simposio. La primera discusión fue dirigida por Natasha Bloch y encaminada a resolver dudas acerca de cómo estudiar en el exterior, recomendaciones y consejos desde su experiencia; ésta permitió conocer un poco más las facilidades para acceder a becas y aprobar exámenes requeridos para realizar estudios de posgrado en otros países. La segunda mesa de discusión se realizó antes de la charla de cierre (Trevor Price), encaminada a concretar el futuro de COLEVOL como una red que se continuará reuniendo durante los simposios que se organicen, sin descartar la posibilidad de llegar a ser una fundación con el fin de obtener recursos para diversas actividades adicionales a estos encuentros científicos.

Las ponencias y los posters presentados por estudiantes demostraron el alto nivel investigativo de los estudios que se están llevando a cabo en diferentes regiones del país, así mismo se evidenció la amplia variedad de tópicos en los que se están realizando las investigaciones y el gran aporte que podemos hacer en biología evolutiva desde Colombia.

Agradecemos a la Sociedad Americana para el Estudio de la Evolución (SSE) por su apoyo económico para la realización del Simposio. Adicionalmente a las instituciones que apoyaron la organización de este evento: Universidad de los Andes, Universidad Nacional, Universidad Central y Fundación Chimbilako. Finalmente sólo resta agradecer a todos los participantes, ponentes y conferencistas por su asistencia al IV Simposio Nacional COLEVOL. Esperamos que todas las personas interesadas continúen siendo parte de la Red por medio de las mesas de trabajo regionales, las redes sociales y en próximos eventos.

Contacto: colevolbogota(at)gmail.com

MTR Boyacá

La MTR COLEVOL Boyacá hace parte del grupo Biología Evolutiva y Epistemológica (BIEVEP) de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC). El grupo lo conforman estudiantes y tiene un enfoque interdisciplinar. Las actividades han girado en torno a la revisión del desarrollo de la teoría evolutiva

a través de la historia, en él se exponen los aspectos más relevantes de un determinado evento histórico, sus protagonistas, los avances científicos y conceptos generados, etc. A esto se suma el componente epistemológico para comprender y no dejar de lado el análisis y construcción del conocimiento científico. Como actividad divulgativa nos unimos a la conmemoración del aniversario luctuoso número 100 de Alfred Russel Wallace, en el evento titulado “La evolución pasó por aquí: vida, obra, y vigencia del pensamiento de Alfred Russel Wallace (1823 – 1913)” realizado el 25 de noviembre de 2013 en las instalaciones de la UPTC.

BIEVEP busca que sus integrantes vayan asimilando los conceptos que fundamentan la teoría evolutiva de una forma gradual. En la medida en que el estudiante se familiarice con los conceptos y protagonistas de esta ciencia será capaz de vincular y asociar este conocimiento con sus clases, para poder indagar y realizar hipótesis en biología evolutiva. También busca que sus integrantes logren explicar conceptos de una manera dinámica y en un lenguaje entendible para el público en general sin perder la rigurosidad científica. En un marco académico, BIEVEP pretende que los integrantes del grupo le apuesten a realizar sus tesis en alguna de las disciplinas de la biología evolutiva.

Entre las actividades de divulgación programadas realizaremos un coloquio de evolución durante el primer semestre de 2014. Dentro de las actividades académicas realizaremos una revisión del concepto de adaptación. Invitamos a todos los que deseen hacer parte del grupo y de la MTR a que nos escriban.

Contacto: [colevol.boyaca\(at\)gmail.com](mailto:colevol.boyaca(at)gmail.com)

MTR Caldas

Invitamos a todas las personas de Manizales y alrededores a ser parte de la MTR Caldas, un grupo multidisciplinario con sede en la Universidad de Caldas. Se concibe como un espacio de integración, debate, formación y divulgación en el área de la biología evolutiva. Por medio de seminarios, foros, charlas magistrales, talleres, exposiciones, clubes de revista, entre otros, queremos consolidarnos como un núcleo de formación abierta y crítica que permita a sus participantes integrar sus áreas de interés e investigación dentro del contexto de la evolución y los avances en éste campo del conocimiento. En la

actualidad la MRT Caldas está trabajando en conjunto con la MRT Quindío en el establecimiento de lineamientos para la aplicación de una valoración regional de la enseñanza de la evolución en los colegios. La proyección de éste trabajo es ampliar la cobertura del estudio a nivel nacional en el 2014.

Contacto: [colevol.caldas\(at\)gmail.com](mailto:colevol.caldas(at)gmail.com)

MTR Córdoba

La transición climática del Eoceno-Oligoceno y posibles consecuencias evolutivas sobre las faunas de mamíferos terrestres sudamericanos

Kevin Jiménez-Lara⁸

El límite Eoceno-Oligoceno (hace 34 millones de años) marcó uno de los cambios ambientales más importantes del Cenozoico a nivel global: el paso de una Tierra con un clima tipo “invernadero”, propio del Cretácico y el intervalo Paleoceno-Eoceno, a un planeta en medio de glaciaciones como el de hoy (Prothero 1994). El aislamiento de la Antártida al originar la Corriente Antártica Circumpolar no sólo desencadenó la congelación de dicho continente, sino que también provocó un enfriamiento general del planeta (Barker et al. 1988). En Sudamérica el descenso de temperaturas del Oligoceno trajo consigo la expansión temprana de vegetación no boscosa dominada por plantas gramíneas (Flynn et al. 2003). En respuesta a estas variaciones de las coberturas vegetales se presentó la evolución de caracteres morfológicos propios de hábitats abiertos en varios linajes de mamíferos. Evidencia de ello se encuentra por ejemplo en la aparición de hipsodoncia (crecimiento continuo de dientes) en los notoungulados, lo que se puede relacionar con una clara tendencia hacia dietas de pastos abrasivos (MacFadden 1997).

La fauna de Tinguiririca en Chile central es una fauna relativamente bien conocida del Oligoceno temprano de Sudamérica. Esta comunidad evolucionó en uno de los primeros ambientes abiertos que tuvo este subcontinente y se caracteriza precisamente por una alta proporción de herbívoros hipsodontes (Flynn et al. 2003). Esta particularidad que también ha sido observada en grupos del Neógeno temprano lleva a plantear la posibilidad de que los cambios climáticos del Eoceno-Oligoceno pudieron desencadenar múltiples radiaciones en los mamíferos sudamericanos, vinculadas principalmente a

modificaciones del hábitat y la dieta. A su vez estas radiaciones serían causales de la rápida “modernización” de estas comunidades y habrían estado asociadas a la extinción de elementos típicos de faunas ancestrales del Paleógeno temprano, tales como antiguos marsupiales y edentados (Prothero 1994).

La información proveniente del norte de Sudamérica es muy escasa para probar esta hipótesis. De Colombia tan sólo se conocen reportes informales sobre faunas del Eoceno tardío-Oligoceno temprano, como los provenientes de la Formación Mugrosa en Santander o la Formación Tuné en Tolima. Para estas faunas incompletas se reconoce la ocurrencia de Astrapotheriidae, un Pyrotheriidae de la especie *Colombitherium tolimense*, representantes de Megalonychidae, Lytopterna y Notoungulata (Hoffstetter 1968. Actas IV Congreso Latinoamericano de Zoología).

Pero Colombia, más que una excepción por sus pocos datos refleja el panorama general de Sudamérica en este sentido. A pesar del buen registro fósil sudamericano de mamíferos cenozoicos, se tiene un vacío de información para la transición Eoceno-Oligoceno que deriva de los pocos estudios paleomastozoológicos que involucran este intervalo (Wyss et al. 1990). Por esto se hace necesario abordar más faunas para identificar las diferencias ecomorfológicas entre los taxa presentes en dichas comunidades terrestres, accediendo de esta manera a evidencia potencial acerca de las consecuencias bióticas del enfriamiento y predominio de condiciones secas que continuaron en el planeta por los siguientes 30 millones de años.

⁸ Estudiante de Biología, Universidad de Córdoba, Montería-Colombia.

Contacto: kjimenez2009(at)gmail.com

Seguimos haciendo extensiva la invitación para participar en las actividades que organiza la MTR Córdoba en la ciudad de Montería. Anímate a compartir conocimiento sobre evolución en la primera MTR del Caribe colombiano.

Contacto: colevol.mtrcordoba(at)gmail.com

Referencias

Barker PF et al. 1988. Weddell sea palaeoceanography: Preliminary results of ODP Leg

113. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. DOI: 10.1016/0031-0182(88)90123-X

Flynn J et al. 2003. The Tinguiririca Fauna, Chile: biochronology, paleoecology, biogeography, and a new earliest Oligocene South American land mammal age. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. DOI: 10.1016/S0031-0182(03)00360-2

MacFadden BJ. 1997. Origin and evolution of the grazing guild in new world terrestrial mammals. Trends in Ecology & Evolution. DOI: 10.1016/S0169-5347(97)01049-5

Prothero DR. 1994. The Late Eocene-Oligocene extinctions. Annual Review of Earth and Planetary Sciences. DOI: 10.1146/annurev.ea.22.050194.001045

Wyss AR et al. 1990. A new early Tertiary mammal fauna from central Chile: implications for Andean stratigraphy and tectonics. Journal of Vertebrate Paleontology. DOI: 10.1080/02724634.1990.10011835

MTR Quindío

La MTR Quindío se suma a la divulgación de la biología evolutiva en el país con talento humano formado a nivel de pregrado, maestría y doctorado. Con el apoyo del Grupo de Ecología, Genética y Evolución de la Universidad del Quindío (GEGEUQ) deseamos aportar a la discusión, divulgación y formación de masa crítica en torno a las diversas temáticas consideradas en el campo de la biología evolutiva. En la actualidad trabajamos en un proyecto de difusión de la biología evolutiva a nivel de estudiantes de básica secundaria en conjunto con la MTR Caldas. En el transcurso de este primer semestre de 2014 esperamos tener los primeros resultados para compartirlos con la comunidad académica interesada.

Entre el 14 y el 18 de octubre del año 2013 la MTR Quindío, con apoyo de la Asociación Iberoamericana de Postgrados (AUIP), la Universidad de Valencia (España), el Grupo de Investigación y Asesoría en Estadística de la Universidad del Quindío y el Grupo GEGEUQ llevaron a cabo el II Curso de Filogenética y Genética de Poblaciones FILOPOP-2013 (sitio web: <http://www.uniquindio.edu.co/uniquindio/eventos/>)

filopop2013/). FILOPOP-2013 es un curso pensado desde la integración de áreas biológicas como filogeografía, genética de poblaciones, evolución, ecología y biogeografía, con dos propósitos fundamentales: la formación de estudiantes de pregrado, maestría y doctorado en el área y la conformación de una red que permita iniciar y definir proyectos de investigación para la Eco-región del Eje cafetero colombiano. De esta manera, FILOPOP se une a la iniciativa de COLEVOL de divulgar y generar intercambio de conocimiento y experiencia entre investigadores y académicos interesados en el área de la biología evolutiva.

En el segundo semestre de 2014 estaremos realizando la tercera versión del curso, evento que en el momento de ser confirmado se socializará con todos los miembros y lectores del boletín COLEVOL. Invitamos a todos los interesados en participar de forma activa en la MTR Quindío a ponerse en contacto con nosotros. Desde ya una gran bienvenida.

Contacto: colevol.quindio(at)gmail.co

MTR Tolima

La MTR Tolima está conformada principalmente por estudiantes de pregrado. Nuestro objetivo es discutir, conocer y divulgar temas relacionados con la evolución biológica. Debido a la reciente conformación acordamos desarrollar un curso básico en biología evolutiva para este semestre. Para ello realizamos charlas lideradas por nosotros mismos, propiciando un espacio de discusión. Nos basaremos en los libros de Futuyma, Freeman y Herron, y Strickberger. También hemos asumido la lectura de textos divulgativos de autores como Coyne y Ayala, entre otros, y hemos tenido en cuenta aspectos tratados en el curso del profesor Stephen C. Stearns titulado "Principles of Evolution, Ecology and Behavior", ofrecido de forma gratuita por la Universidad de Yale en su página web.

Hemos tratado aspectos históricos desde Lamarck, Darwin y Mendel hasta la teoría sintética. Asimismo, conceptos básicos como selección natural y deriva genética, procurando que cada uno de los asistentes evalúe dichos conceptos y aclare sus dudas. Socializamos conceptos fundamentales de genética mendeliana y de poblaciones con el fin de facilitar la comprensión de los temas a abordar en próximas

charlas. Extendemos la invitación para todas las personas del departamento del Tolima que estén interesadas en la biología evolutiva para que hagan parte de la MTR.

Contacto: colevoltolima(at)gmail.com

MTR Valle

Estimación de la estructura genética poblacional después de Hedrick (2005) y Jost (2008)

Fernando Díaz-González⁹, Cristian Fong-Reales⁹ y Vanessa Muñoz-Valencia¹⁰

En el segundo boletín COLEVOL introdujimos el tema de los índices de estructura poblacional con las nuevas propuestas de Hedrick (2005) y Jost (2008). No hay un consenso aún sobre cuál es el mejor índice a utilizar. El F_{ST} y sus derivados son quizás los más ampliamente utilizados por su familiaridad, opciones de software y mayores posibilidades comparativas entre estudios. Hasta el 2008 poca información existía sobre el comportamiento de los nuevos índices en diversos escenarios, lo que hacía difícil discutir sobre este tema. Sin embargo, recientemente se han publicado algunos estudios comparativos muy útiles para tomar decisiones en esta controversia.

Las nuevas propuestas

Las comparaciones de las nuevas propuestas se basan en el G_{ST} (Nei 1977) debido a que es el más sencillo de explicar y corregir matemáticamente, pero las explicaciones se extienden a sus derivados basados en frecuencias alélicas. Se ha demostrado ampliamente que este índice es altamente dependiente de la heterocigosidad dentro de poblaciones, por lo que es también sesgado en loci con altos niveles de polimorfismo y tasas de mutación. Hedrick (1999) demuestra que esta dependencia restringe el rango de variación del G_{ST} , por lo que no tiene un valor máximo de 1.0 en la máxima diferenciación posible. Para solucionar el problema Hedrick (2005) propone un G_{ST} estandarizado a partir del valor máximo teórico posible, el G'_{ST} . Por su parte, Jost propone un índice totalmente nuevo, el D (Jost 2008) que no es basado en heterocigosidad sino en el número efectivo de alelos e incrementa linealmente con las diferencias de alelos entre poblaciones. Adicionalmente Jost (2008) utiliza una aproximación multiplicativa de la diversidad dentro y entre poblaciones, justificando la mayor significancia de esta

diversidad en comparación a la aditiva utilizada por Nei (1976).

Comparaciones entre G_{ST} , G'_{ST} y D

Hedrick (2005) muestra como el G'_{ST} estima mejor la diferenciación genética en situaciones extremas, cuando no hay alelos compartidos entre poblaciones. A partir de simulaciones, Gerlach et al. (2010) demostraron que el valor máximo del G_{ST} disminuye con el aumento del número de alelos y la heterocigosidad, mientras que el D refleja la divergencia genética real existente independiente de estos valores. Esto concuerda también con los resultados de Heller y Siegismund (2009) en un meta-análisis comparando los tres índices: G_{ST} , G'_{ST} y D a través de 34 estudios publicados en *Molecular Ecology*. Los tres índices han resultado altamente correlacionados, mostrando que pueden tener tendencias similares, sin embargo el G_{ST} es siempre menor, sugiriendo una subestimación de la diferenciación genética real. Esta diferencia es mayor en los valores altos de heterocigosidad, lo que confirma el sesgo del G_{ST} en altos niveles de diversidad intra-poblacional.

Whitlock (2011) argumenta que un buen índice de diferenciación debe permitir dilucidar la historia demográfica de las poblaciones, resultado de la relación deriva genética-migración. Los nuevos índices propuestos no subestiman la diferenciación en loci con altas tasas de mutación, las tienen en cuenta y en consecuencia incrementan fuertemente con el aumento en las mismas, evitando en estos casos diferenciar cuando la estructura genética es debida a la relación deriva genética-migración o por mutación. Por medio de simulaciones Ryman y Leimar (2009) demuestran que el D es fuertemente dependiente de la tasa de mutación del marcador. Aunque también afectado por tasas de mutación extremas, el G_{ST} muestra mayor congruencia entre marcadores con tasas de mutación diferenciales en comparación al D , reflejando mejor el efecto del tiempo de divergencia sobre la totalidad del genoma. Whitlock (2011) demuestra que el G_{ST} subestima altamente la diferenciación real de las poblaciones cuando la tasa de mutación es mayor relativa a la tasa de migración. Sin embargo, en el escenario opuesto, cuando la tasa de mutación es menor relativa a la tasa de migración, el G'_{ST} y D tienden a sobreestimar la estructura real de las poblaciones mientras que el G_{ST} resulta un buen estimador de la misma y se asemeja mucho más a la diferenciación por $F_{ST_{Coal}}$, simulado y calculado a partir de tiempos de coalescencia.

Criterios utilizados actualmente

Es necesario tener en cuenta las particularidades y objetivos para poder determinar cuál índice es más adecuado. Pocos estudios consideran actualmente las nuevas propuestas, y de los que lo hacen pocos consideran las comparaciones expuestas anteriormente en las decisiones. Debido a que las críticas se enfocan en el G_{ST} , se asume que esto afecta por igual al resto de índices existentes, sin embargo las críticas son solo para los índices basados en frecuencias. Existen otros índices como el R_{ST} (Slatkin 1995) desarrollado para microsatélites. De acuerdo a Meimans y Hedrick (2011) este índice no es afectado por la diversidad de las poblaciones o la tasa de mutación ya que se basa en los diferenciales de tamaños alélicos, no en sus frecuencias. Hardey et al. (2003) propusieron un método para probar la significancia de los tamaños alélicos y la mutación en la diferenciación poblacional que es tomada como una prueba de hipótesis entre R_{ST} y F_{ST} . Esta podría ser una mejor aproximación en marcadores altamente polimórficos como los microsatélites, aunque ha sido inexplorada en los estudios comparativos con las nuevas propuestas.

Aún existen pocos software que permitan calcular los nuevos índices y la mayoría no permite hacer análisis complejos más allá de las comparaciones pareadas, lo que limita bastante su uso. La mayoría de los diseños experimentales incluyen análisis anidados multinivel difíciles de implementar con las nuevas propuestas (Held et al. 2011). Más estudios comparativos que incluyan índices como el R_{ST} en microsatélites, tipo de marcador molecular y desarrollo de software son necesarios para definir qué índice puede ser más adecuado en cada situación. Teniendo en cuenta este contexto, esperamos contribuir con una publicación que brinde mayor información sobre dichas comparaciones.

⁹ Estudiantes de Doctorado en Ciencias-Biología, Universidad del Valle

¹⁰ Estudiante de maestría en Ciencias-Biología, Universidad del Valle

Contacto: coleval(at)gmail.com,
ferdiazfer(at)gmail.com

Referencias

Held C et al. 2011. *Phylogeography and population genetics in Crustacea*. ISBN: 1439840733

Gerlach G et al. 2010. Calculations of population differentiation based on GST and D: forget GST but not all of statistics! *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2010.04784.x

Hardy OJ et al. Microsatellite allele sizes: a simple test to assess their significance on genetic differentiation. *Genetics*, 163(4).

Hedrick PW. 1999. Highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. *Evolution*. DOI: 10.2307/2640768

Hedrick PW. 2005. A standardized genetic differentiation measure. DOI: 10.1111/j.0014-3820.2005.tb01814.x

Heller R, Siegmund HR. 2009. Relationship between three measures of genetic differentiation GST, DEST and G'ST: how wrong have we been? *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2009.04185.x

Jost L. 2008. GST and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x

Meirmans PG, Hedrick PW. 2011. Assessing population structure: *F*ST and related measures. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2010.02927.x

Nei M. 1977. *F*-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of Human Genetics*. DOI: 10.1111/j.1469-1809.1977.tb01918.x

Ryman N, Leimar O. 2009. GST is still a useful measure of genetic differentiation — a comment on Jost's *D*. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2009.04187.x

Slatkin M. 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*.

Whitlock MC. 2011. G'ST and D do not replace FST. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2010.04996.x



Oscar J. Betancourt G, 2013
Membracidae
Castilla, Caldas

AVISOS Y AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a todos quienes hicieron posible la publicación del tercer número del Boletín Colombiano de Biología Evolutiva:

Fotos:

Cornelio Bota Sierra, Oscar J. Betancourt G, Gustavo Suárez, Fundación Colibrí, Jorge Mario Vélez Puerta, Mauricio Rivera-Correa, Stephanie Vargas Arenas, Joseph Steven Vega Cubides.

MTRs:

Jessica Arenas Castro, David Taborda López, Angelly Vásquez, Blanca Arbeláez, José Luis Cómbita, Sergio Alejandro Poveda Cuevas, Dirley Cortés, Felipe Mancilla, Joseph Vega, Adriana Sandoval Mojica, Alejandra Rodríguez Abaunza, Ximena Alejandra Galindo Malagón, Juan J. Pacheco, Óscar Meléndrez, Keira Álvarez, Juan Gonzalo Vélez, Melissa Morales Vanegas, Diana Lucía Buitrago, Fabián Salgado.

Actividades:

Parque Explora, Planetario de Medellín.

Invitamos a toda la comunidad COLEVOL a que nos acompañe en la celebración del Día de Darwin a través de las actividades de las mesas de trabajo regional en febrero. También los invitamos a participar en los cursos de estadística bayesiana aplicada a estudios evolutivos, y de filogenética y genética de poblaciones organizados por las MTR Valle y Quidío, respectivamente (ver Noticias Nacionales).

Envíanos tus fotos y creaciones gráficas sobre la biodiversidad colombiana al correo [redcoevol\(at\)gmail.com](mailto:redcoevol(at)gmail.com) para incluirlas en los próximos números del Boletín.

Encuétranos en las redes sociales:

Facebook: <https://www.facebook.com/COLEVOL>

Twitter: <https://twitter.com/coevol>



Oscar J. Betancourt G, 2011
Pionus menstruus
Castilla, Caldas

