

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA



Volumen:2 Número:2 Año:2014 Mes: Noviembre

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 2 Número: 2 Año: 2014 Mes: Noviembre

Editores:

Henry Arenas-Castro
Juan Pablo Narváez-Gómez
Kevin Jiménez-Lara
Fernando Díaz

Universidad de Antioquia
Universidad de Antioquia
Universidad de Córdoba
Universidad del Valle

Comité científico:

Alejandro Berrío	University of Texas at Austin
Alejandro Rico	University of Connecticut
Ana Caicedo	University of Massachusetts Amherst
Andrés Cuervo	Tulane University
Andrew J. Crawford	Universidad de los Andes
Camilo Salazar Clavijo	Universidad del Rosario
Carlos F. Arias	Smithsonian Tropical Research Institute
Carlos Botero	North Carolina State University
Carlos Jaramillo	Smithsonian Tropical Research Institute
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 <i>North Carolina</i> at Chapel Hill
Daniel Ortiz-Barrientos	University of Queensland
Federico Brown	Universidade de São Paulo
Fernando Vargas-Salinas	Universidad del Quindío
Gabriel Bedoya	Universidad de Antioquia
Gustavo A. Bravo	Universidade de São Paulo
Hernán Burbano	Max Planck Institute for Developmental Biology
Iván Darío Soto-Calderón	Universidad de Antioquia
Juan Diego Gaitán Espitia	Universidad Austral de Chile
Juan Nicolás Malagón	University of Toronto
Juan Manuel Daza	Universidad de Antioquia
Juan Sebastián Escobar	Centro de Investigación Vidarium
Margarita Womack	Princeton University
María Ángela Echeverry-Galvis	Pontificia Universidad Javeriana
Maryam Chaib De Mares	Rijksuniversiteit Groningen
Mauricio Linares	Universidad del Rosario
Mónica Medina	University of California at Merced
Natalia Pabón Mora	Universidad de Antioquia
Natasha Bloch	University of Chicago
Santiago Ramírez	University of California at Davis
Sergio Solari	Universidad de Antioquia
Simón Uribe-Convers	University of Idaho
Víctor Hugo García Merchan	Universidad del Quindío
Ximena Bernal	Purdue University
Yherson F. Molina Henao	Harvard University

Edición gráfica:

Andrea Manrique Rincón

Universidade Estadual de Campinas

INDICE DE CONTENIDO



EDITORIAL NACIONAL	4
EDITORIAL INTERNACIONAL	6
RECONOCIMIENTOS	8
INVESTIGAR EN COLOMBIA	9
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	10
COMENTARIO CIENTÍFICO	11
INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	13
INVESTIGACIONES COLOMBIANAS	14
BIODIVERSIDAD	16
NOTICIAS NACIONALES	17
NOTICIAS INTERNACIONALES	18
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	19
NODOS	23
MESAS DE TRABAJO REGIONAL	25
AVISOS Y AGRADECIMIENTOS	28

Portada
Marco Odicio Iglesias, 2014
Hyalinobatrachium colymbiphyllum
Gamboa, Panamá

EDITORIAL NACIONAL

La investigación no tiene fronteras

Carlos Jaramillo¹

Agradezco a los editores por invitarme a escribir esta editorial sobre mi experiencia investigando en Colombia pero viviendo en el exterior. Abordaré dos tópicos que están muy relacionados, 1) ¿por qué seguir investigando sobre Colombia a pesar de no estar en ella?, y 2) si Colombia es mi centro de acción, ¿por qué no vivir en ella? Como preámbulo, les quisiera indicar que soy palinólogo y mi investigación usa la paleontología para entender la génesis de la diversidad tropical a lo largo del tiempo geológico, así como los cambios en el paisaje tropical y su interacción con las especies.

1) ¿Por qué seguir investigando sobre Colombia, y en general el trópico? Podría responder con una sola palabra: “emoción”. La emoción que provoca el poder explorar regiones que ningún otro científico ha visitado, o el descubrir especies fósiles que ni en mis sueños más febriles hubiese podido imaginar (como Titanoboa, una boa de 13 metros que vivió en la Guajira hace 60 millones de años), o el poder usar un modelo evolutivo basado en las tasas de originación/extinción de plantas para ayudar a que Ecopetrol encuentre hidrocarburos. En fin, podría continuar dándoles decenas de ejemplos sobre la emoción que me produce el poder investigar sobre el trópico. Hay también un factor adicional, el trópico y especialmente Colombia, en términos de investigación paleobiológica, está prácticamente vacío. Hay miles de paleontólogos en todo el mundo, pero solo unos pocos trabajan en zonas tropicales. Para darles un ejemplo, en todo el Neotrópico solo hay cinco grupos de investigadores de paleontología de vertebrados del Cenozoico/Cretácico trabajando activamente (y con esto me refiero a estar publicando constantemente y en variados grupos fósiles), para un territorio que es el doble de Europa, y casi tan grande como Norte América y con una diversidad mucho más alta que Europa y Norteamérica combinadas. La Venta, el sitio fosilífero de referencia para Colombia y el que ha sido más estudiado, apenas si ha sobrepasado a los 1000 especímenes colectados, y su curva de acumulación de especies indica que estamos aún lejos de capturar toda su diversidad. Desde que Duke University abandonó su intensa colección hace ya casi 20 años, en la

Venta no se ha realizado otro esfuerzo sostenido de colección y exploración. En contraste, y para que tengan una escala de referencia, Fort Robinson en el norte de Nebraska, donde están las localidades clásicas del Oligoceno y Mioceno del Oeste de Norteamérica, ha tenido un esfuerzo constante de colección desde 1891, y ha sido objeto de miles de investigaciones de MS y PhD. Aunque pareciese que ya todo se conoce, aún hoy en día la investigación en Fort Robinson continúa; ya es muy raro que se encuentre una nueva especie y las investigaciones se enfocan ahora en multitud de aspectos ecológicos y evolutivos cada vez más sofisticados e interesantes. Esta tremenda distancia investigativa podría desanimarnos, ya que falta mucho por hacer en la Venta, ¡y más siendo este el sitio mejor estudiado de Colombia! Sin embargo, esto nos muestra que hay un nicho investigativo que está vacío y que hay que llenar cuanto antes. A veces no se necesita ser el más inteligente, pero si el llegar primero. Ya hemos encontrado depósitos de alto potencial como la Venta, en otros sitios de Colombia, por ejemplo las minas de carbón del Cerrejón, que nos han ofrecido una ventana al Paleoceno, cuando aparecen los primeros bosques tropicales que tenían un dosel dominado por angiospermas, y con las mismas familias dominantes que tenemos en el bosque hoy en día. O en el desierto de la alta Guajira, con un fantástico registro fósil de los últimos 20 Ma, donde hemos encontrado desde cocodrilos de 15 metros de largo a grandes tortugas de agua dulce, capibaras y hasta pirañas. Casi todo lo que encontramos es nuevo, una sensación que imaginó experimentaron los primeros paleontólogos que descubrieron los depósitos fósiles en Nebraska en 1891, y que nosotros también tenemos la gran fortuna de poder experimentar. ¿Dónde encontraremos el siguiente gran depósito? ¿O un fósil completamente inesperado? Esta emoción del descubrimiento es el motor de nuestra investigación.

2) A pesar de que toda mi investigación está centrada en el Neotrópico, y principalmente en Colombia, no estoy radicado en ella (vivo en Panamá), y no laboro con una institución latinoamericana (trabajo en el Instituto

Smithsonian). Laborar con una institución norteamericana trae una serie de oportunidades que desafortunadamente no podría tener en Colombia en estos momentos. La primera de ellas es el acceso a recursos para investigación. Esto no quiere decir que Smithsonian tenga abundantes recursos, sino que el Instituto posibilita y colabora para que podamos encontrar los recursos necesarios para nuestras investigaciones, desde propuestas a la National Science Foundation (NSF), hasta el contacto con donantes privados, y convenios con empresas privadas. En Colombia, desafortunadamente, aún hay muy pocas oportunidades de financiación para investigación. Colciencias es una entidad que tiene un presupuesto muy bajo, que cambia constantemente de director (a veces ni un año duran), el cual raramente es científico. En contraste, la NSF por ejemplo, ha tenido un director en promedio cada 5 años desde su creación en 1950, todos han sido científicos (mínimo con PhD), y la directora actual F. Cordova, PhD de Caltech, tiene una hoja de vida impresionante. No imagino el desarrollo de la Ciencia en USA sin que exista una NSF sólida, y el mismo paralelo debería existir en Colombia con Colciencias. Creo sinceramente, que hasta que Colciencias no adquiera la dimensión y el respeto que se merece, el desarrollo de la investigación en Colombia siempre estará a paso de tortuga.

Una segunda razón es el pragmatismo en su funcionamiento. En Smithsonian las reglas son claras, raramente cambian, la mayoría tiene sentido común, y el sistema mismo está basado en la premisa que estamos diciendo la verdad. Esto representa una gran ayuda ya

que agiliza todos los trámites administrativos que el día a día del quehacer científico implica, desde tener los recursos para ir al campo a tiempo, tener flexibilidad en como ejecutar un presupuesto a lo largo de un experimento, hasta agilidad en comprar un reactivo. Este sentido pragmático en su funcionamiento redundará en mi productividad.

Smithsonian además ofrece un ambiente de ciencia e investigación que permite y estimula la colaboración entre científicos, facilitando el avance del conocimiento y el entrenamiento de nuevos investigadores. Esto ha facilitado que más de 100 estudiantes colombianos hayan pasado largas temporadas en nuestros laboratorios durante los últimos 9 años. Casi todos ellos empezaron a nivel de pregrado y muchos continuaron con MS y PhD en variadas universidades de USA, Europa y Australia. Ya los primeros han terminado, algunos de los cuales, han regresado a Colombia, y otros por variadas razones no lo han hecho (similares a las expuestas por la profesora Caicedo en la editorial nacional del anterior número de este boletín). Creo que hasta el momento ha sido un modelo de operación exitoso, aunque físicamente no estoy en Colombia, ¡investigativamente nunca me he ido!

Aún hay mucho por investigar sobre el trópico, así que adelante, nosotros mismos lo podemos hacer.

¹Científico, Smithsonian Tropical Research Institute
Contacto: [jaramilloc \(at\) si.edu](mailto:jaramilloc(at)si.edu)



Cristian Castro Morales, 2013
Leptophis ahaetulla
Ibagué, Tolima

EDITORIAL INTERNACIONAL

¿Puede Latinoamérica llegar a ser una potencia científica?

Roberto F. Nespolo²

La ciencia es una profesión curiosa. Es de fácil ingreso, pero al contrario de otras carreras, el éxito como profesional de la ciencia —esto es, un doctor o PhD que realiza investigación independiente— no está garantizado. En los países de Latinoamérica todos los años se llenan las aulas con estudiantes motivados por las ciencias, pero sólo un pequeño porcentaje de ellos ingresan a posgrados, y un porcentaje aún menor logra consolidarse luego del doctorado en una línea independiente y financiada. ¿Cuál es la explicación?

Los científicos aman las explicaciones, y tal como hay quienes se han dedicado a explicar las adaptaciones de plantas y animales a su entorno, hay quienes han querido explicar las causas del éxito (o ausencia del mismo) en ciencia.

Si bien los científicos no son psicólogos, gran parte de los trucos para llegar a ser exitoso en ciencia son mentales (Lohele 2010). La investigación científica requiere tanto creatividad como atención al detalle; procedimientos rutinarios pero también brillantes iluminaciones. Los grandes científicos en general son muy creativos, pero también muy trabajadores. Cada científico históricamente reconocido por sus impactos en ciencias también han publicado numerosos estudios que han sido rara vez citados (Simonton 1988). Esto habla de que en general, lo grandes pensadores a su vez son gente muy trabajadora y motivada, con tiempo para dedicar a divagar y analizar fenómenos aparentemente irrelevantes. Así, la calidad pasa a ser una función probabilística: cuanto más “pensadores” con suficiente tiempo para resolver enigmas de la naturaleza tengamos, más probabilidad de científicos famosos existirá. Este problema, también conocido como el “fenómeno Yuasa” por el análisis de Misumoto Yuasa en la década de los 70, muestra que los focos de creatividad durante el Renacimiento en Europa se alternaron entre naciones en donde la masa crítica de pensadores y científicos independientes superaba cierto umbral, lo cual iba estrechamente relacionado con las revoluciones políticas y la prosperidad económica.

Es un honor que me hayan invitado a contribuir en el Boletín Colombiano de Biología Evolutiva. Tengo excelentes amigos colombianos y he tenido la suerte de visitar ese bello país, además de colaborar y dirigir a varios estudiantes de maestría y doctorado. Creo que países como Chile y Colombia tienen enormes potencialidades en la ciencia, pero que resulta urgente que los gobiernos reconozcan la necesidad de financiar investigación sin necesariamente exigir aplicaciones inmediatas o consecuencias directas a la solución de problemas.

Los antropólogos biológicos estudiosos de la evolución humana demostraron hace tiempo que nuestra especie es totipotencial en sus capacidades intelectuales. Tenemos Einsteins, Galileos y Darwins en potencia en cualquier lugar de Latinoamérica, siempre y cuando existan las condiciones que permitan la libre indagación. Entonces, ¿por qué los países Latinoamericanos no han alcanzado el desarrollo científico de los países industrializados? ¿Qué hace falta para que la ciencia y la tecnología de Colombia y Chile sean comparables a, digamos, Alemania y Japón?

Parte de la explicación radica en el fenómeno Yuasa, la necesidad de tener más investigadores dedicados a la ciencia básica. Pero también existe el problema de la apropiabilidad de la ciencia. Recientemente, William Press resumió este problema de manera muy didáctica en un artículo en Science (Press 2013). Si consideramos la investigación científica como una inversión es posible establecer que los retornos pueden alcanzar más del 30%. Es decir, es una muy buena inversión. El problema con la ciencia es que la apropiabilidad —hacia donde llega aquel retorno en la forma de nuevo conocimiento y descubrimientos— es baja. Los productos de la investigación científica rara vez vuelven al mismo laboratorio en donde se generaron, y ni siquiera al mismo país. Este problema hace de la ciencia un “bien común”, del cual todos los países se benefician pero también, todos deben contribuir. Las naciones que históricamente más han aportado a este bien común son los

países industrializados de Europa y Norteamérica.

En sus inicios, estas naciones comprendieron la necesidad de tener grupos de personas dedicadas a pensar en su entorno y dedicar sus vidas a preguntas básicas. Como consecuencia, décadas después estos conocimientos pudieron ser utilizados en aplicaciones concretas que mejoraron nuestras vidas; lo cual (según varios expertos, algunos premios Nobel; véase Press 2013) explica la prosperidad tecnológica de estas naciones (ellos nos venden los celulares y los computadores; nosotros les proveemos de cobre, alimentos y materias primas).

Esta es la lógica de la investigación pura y aplicada: se requiere una masa crítica de investigadores en ciencia básica, con tiempo y dedicación a preguntas generales. Y para ello se requiere que las naciones (no las empresas, pues la apropiabilidad es baja) inviertan parte importante de su presupuesto en ciencia. Esto incluye proyectos de investigación, pero también becas de formación y sueldos de investigadores.

Me ha tocado dirigir la formación de varios científicos de Latinoamérica, con lo cual tengo el convencimiento de que tenemos un enorme potencial. Algunos de nuestros países han comenzado a invertir mayores fracciones de su PIB en ciencia, pero aún estamos muy a la saga de lo que invierten los países del norte. Es importante que nuestros gobiernos comprendan la lógica de la investigación científica y sus aplicaciones para evitar caer en confusiones respecto a lo inseparable que es la tecnología de la ciencia en general.

²Profesor, Universidad Austral de Chile
Contacto: robertonespolorossi (at) gmail.com

Lohele C. 2010. *Becoming a successful scientist*. Cambridge University Press.
Press WH. 2013. What's so special about science (And how much should we spend on it?). *Science*. DOI: 10.1126/science.342.6160.817
Simonton DK. 1988. *Scientific genius: a psychology of science*. Cambridge University Press.



Cristian Castro Morales,
2014
Polychrus marmoratus
Ibagué, Tolima

Cristian Castro Morales ©

RECONOCIMIENTOS

COLEVOL celebra y felicita a Daniel Matute y Santiago Ramírez por los reconocimientos que han obtenido por sus investigaciones en biología evolutiva. Destacamos su compromiso para impulsar la biología evolutiva en Colombia al ser ambos miembros del comité científico de este boletín

Daniel R. Matute

The Society for the Study of Evolution (SSE) reconoció al biólogo evolutivo colombiano Daniel R. Matute con el premio Theodosius Dobzhansky. Este premio es otorgado cada año a un investigador joven destacado en el panorama de la biología evolutiva por la calidad e impacto de su investigación. Daniel es un apasionado por la investigación en temas de especiación. Es biólogo y microbiólogo de la Universidad de los Andes. Obtuvo su PhD en The University of Chicago bajo la asesoría de Jerry Coyne y recientemente se ha vinculado como profesor a The University of North Carolina at Chapel Hill



Cortesía Daniel R. Matute

Santiago Ramírez

The David and Lucile Packard Foundation selecciona cada año a investigadores sobresalientes y con proyección que están iniciando su carrera científica. A los ganadores se les otorga una beca por cinco años para financiar su investigación, dándoles la libertad de explorar y extender las fronteras de sus áreas de conocimiento. Santiago Ramírez es uno de los 18 ganadores de la beca este año. A Santiago le apasiona explorar el proceso de coevolución mediante aproximaciones ecológicas y genéticas. Es biólogo de la Universidad de los Andes y PhD de Harvard University. Actualmente es profesor en The University of California, Integra aproximaciones ecológicas y genéticas para comprender la relación evolutiva entre orquídeas y abejas.



Cortesía Santiago Ramírez

INVESTIGAR EN COLOMBIA

Cooperación internacional

Camilo Salazar³

Realizar investigación en biología evolutiva no es una tarea sencilla en nuestro país. Como investigadores colombianos trabajando en este campo debemos armarnos con las mejores herramientas para generar productos de calidad e impacto, y en mi opinión, una de esas herramientas es el establecimiento de redes de colaboración internacionales. No hay nada más prolífico y enriquecedor que mantener una amplia comunicación colaborativa con colegas extranjeros que tienen intereses similares de investigación. Estas colaboraciones no sólo nos permiten sumar esfuerzos investigativos y producir ciencia de mayor impacto y visibilidad a nivel global, sino que nos impulsan a mantenernos al día en nuestros respectivos campos de estudio.

El paso inicial no siempre es fácil, pero siempre existirá la posibilidad de conocer gente durante el desarrollo de una pasantía, maestría o doctorado. Sin embargo, el fortalecimiento de estas relaciones depende enteramente de la confianza que exista entre las partes. Por ello, para poder establecer lazos laborales fuertes, duraderos y productivos con colegas internacionales es necesario que nos despojemos del temor a que nos quiten nuestras preguntas de investigación. El investigador colombiano no debe asumir desde el principio una posición de prevención y proteccionismo. Debe estar abierto a las propuestas que se le hagan, sentando claramente su punto de vista y lo que espera obtener de esa colaboración. También se debe hacer un esfuerzo por mantener las relaciones laborales mediante una continua comunicación con los colegas, lo cual implica visitarlos regularmente, tener un constante intercambio de ideas sobre posibles proyectos conjuntos, participar en las discusiones que se den en sus laboratorios e invitarlos frecuentemente a que visiten los nuestros.

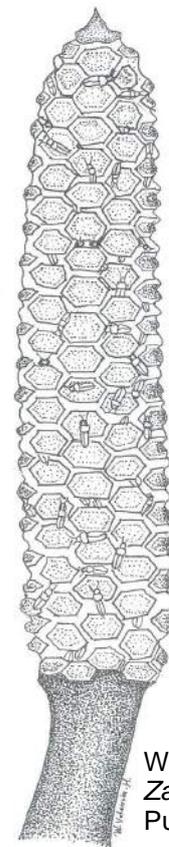
En segundo lugar, debemos despojarnos de la idea de que el laboratorio es un espacio donde los datos deben ser obtenidos y procesados en absoluta reserva hasta que sean publicados. Debemos hacer un esfuerzo por dinamizarnos en este sentido. Si existe un verdadero espíritu de colaboración

internacional podemos pensar en centralizar nuestros datos y los de nuestros colaboradores para generar acceso común a los mismos. Para ello es indispensable que existan reuniones virtuales o presenciales dentro de los consorcios, lo que permite que los datos sean analizados de manera conjunta, teniendo en cuenta diferentes puntos de vista y aportando cada cual desde sus fortalezas.

Sólo desde la confianza y la comunicación clara y constante podemos establecer lazos fuertes de colaboración internacional que impacten positivamente nuestro campo de investigación.

³Profesor, Universidad del Rosario

Contacto: [salazarc.camilo \(at\) urosario.edu.co](mailto:salazarc.camilo@urosario.edu.co)



Wendy Valencia, 2013
Zamia incognita
Puntillismo

DESARROLLOS COMPUTACIONALES

BEAST2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis

Esta plataforma realiza análisis evolutivos usando inferencia bayesiana. Es un rediseño del popular BEAST que busca corregir las deficiencias estructurales. La arquitectura de BEAST2 incluye una serie de modelos nuevos recientemente publicados y la capacidad de leer y/o escribir todo el estado de la cadena MCMC desde el disco permitiéndole ser compartida fácilmente entre las múltiples estancias del software.

Referencia: Bouckaert R, Heled J, Kühnert D, Vaughan T, Wu C-H, Xie D, Suchard M, Rambaut A, Drummond A. 2014. BEAST 2: A software platform for Bayesian evolutionary analysis. PLoS Computational Biology. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1003537

Ceiba: Scalable Visualization of Phylogenies and 2D/3D Image Collections

Este software permite explorar grandes árboles e inspeccionar las matrices de colección de imágenes que comprenden mezclas de objetos 2D y 3D. Ceiba explota las recientes mejoras en el hardware de gráficos, herramientas OpenGL y muchas estrategias de gráficos en ordenador de alto rendimiento.

Referencia: Sanderson M. 2014. Ceiba: scalable visualization of phylogenies and 2D/3D image collections. Bioinformatics. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu315

AlphaMPSim: flexible simulation of multi-parent crosses

Programa de simulación flexible desarrollado para la comparación de diseños alternativos para rasgos con arquitecturas genéticas variables y marcadores bialélicos con densidades de hasta secuencia completa. Se puede suministrar un número alto de haplotipos fundadores o también pueden ser generados a través de la integración con programas de simulación coalescentes externos como Macs. A partir de estos se pueden generar diversos modelos fundadores multi-parentales de manera automática y los usuarios pueden comparar los modelos generados a partir de diversas genealogías.

Referencia: Hickey J, Gorjanic G, Hearne S, Huang B. 2014. AlphaMPSim: flexible simulation of multi-parent crosses. Bioinformatics. DOI:10.1093/bioinformatics/btu206



Salomé Urrea Valencia, 2014
Coprinellus disseminatus
Filandia, Quindío

COMENTARIO CIENTÍFICO

Simbiontes microbianos: ¿promotores de especiación?

Maryam Chaib De Mares⁴

"It is rather startling proposal that bacteria, the organisms which are popularly associated with disease, may represent the fundamental causative factor in the origin of species."

Ivan E. Wallin, 1927

Las últimas dos décadas han estado marcadas por un creciente reconocimiento de la diversidad, ubicuidad y capacidad funcional de los microorganismos. El avance acelerado en técnicas de secuenciación ha demostrado que existe una interdependencia entre organismos multicelulares y sus comunidades microbianas asociadas. Hoy sabemos que las comunidades microbianas que viven como simbiontes de eucariotas multicelulares son, en gran medida, responsables de dirigir muchos aspectos de su dinámica ecológica. Sin embargo, hasta hace poco se comenzó a estudiar el papel de las comunidades microbianas en la evolución de los macroorganismos y aún no es claro cómo su entendimiento va a impactar el estudio de la biología evolutiva.

Brucker y Bordenstein (2012) estudiaron la endosimbiosis, donde células microbianas viven en simbiosis irreversible dentro de otras células, y exploraron su rol en el proceso de diversificación por el cual una especie se divide en dos: la especiación. Los autores promueven la hipótesis propuesta por Ivan E. Wallin (1927), en la cual la formación de nuevas especies estaría desencadenada por la adquisición de endosimbiontes bacterianos. Para esto, realizaron una revisión exhaustiva de aquellos estudios que sugieren aislamiento reproductivo (AR) asistido por endosimbiontes.

El AR inducido por endosimbiontes no es un mecanismo nuevo en sí mismo. Está dado a través de los mecanismos conocidos. En cuanto a AR previo al apareamiento, experimentos en *Drosophila melanogaster* han mostrado que hay una fuerte discriminación de pareja entre grupos criados bajo dietas distintas debido a que adquieren microbiotas específicas al tipo de dieta, y su efecto persiste por docenas de generaciones (Sharon et al. 2010). También se propone que los endosimbiontes permiten la explotación de nuevos nichos, pues los simbiontes generalmente poseen rutas metabólicas que

suplen las necesidades de sus hospederos (Zientz et al. 2004). El proceso de especiación, dado suficiente tiempo y selección en los nuevos hábitats, llevaría a la co-diversificación entre hospedero y endosimbionte(s). Por ejemplo, la variación en el uso de plantas en más de 4400 especies de áfidos asociadas con *Buchnera* está altamente correlacionada con las instancias de especiación de sus simbiontes (Favret & Voegtlin 2004).

En cuanto a la contribución de los endosimbiontes a los mecanismos de AR posterior al apareamiento, existe un sistema en artrópodos: la incompatibilidad citoplasmática inducida por *Wolbachia* (Werren 1998). Este parásito manipula la reproducción de su hospedero favoreciendo su transmisión, entre otras formas, incrementando la mortalidad de los embriones cuyos padres tengan diferentes tipos de la bacteria. Otras formas de AR posterior al apareamiento, como esterilidad e inviabilidad híbrida, son producto del conflicto entre genes nucleares que provienen de distintas especies. Esto causa interacciones incompatibles en los híbridos, disminuyendo su éxito reproductivo. Añadir un conjunto extra de genes, el correspondiente a uno de los endosimbiontes, resultaría en aún menor viabilidad híbrida, pues incrementaría el número posible de incompatibilidades genéticas. Así, en adición a potenciales interacciones epistáticas negativas gen-gen (de poblaciones de hospederos aisladas), ahora se producirían adicionalmente interacciones gen-microorganismo y microorganismo-microorganismo. Vale la pena preguntarse cuál es el efecto de asociarse con más simbiontes: ¿las especies con mayor número de microorganismos asociados tienen tasas de especiación más altas?

¿Son generalizables los hallazgos de los estudios citados tanto para los hospederos como para los endosimbiontes? En cuanto a estos últimos, todos los estudios reportados han sido realizados en bacterias. ¿Qué pasa con otros microorganismos como Archaea, hongos y otros eucariotas unicelulares? La revisión realmente refleja el estado del arte en el estudio de comunidades bacterianas, que se ha aplicado en su mayoría a hospederos y

simbiontes modelo. Además, la evidencia experimental inequívoca de microorganismos como responsables del AR es todavía muy escasa, y en su mayoría da cuenta de una sola especie de endosimbionte afectando la especiación de su hospedero. Un reto será resolver si es posible que consorcios microbianos que no se han integrado completamente con su hospedero como un endosimbionte puedan tener efectos similares.

⁴Estudiante de doctorado, Rijksuniversiteit Groningen

Contacto: maryamchaib13 (at) gmail.com

Brucker MR, Bordenstein SR. 2012. Speciation by symbiosis. *Trends in Ecology and Evolution*. 27: 443-451.

Favret C, Voegtlin DJ. 2004. Speciation by host-switching in pinyon *Cinara* (Insecta: Hemiptera: Aphididae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 32, 139-151.

Sharon G, et al. 2010. Commensal bacteria play a role in mating preference of *Drosophila melanogaster*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 20051-20056.

Wallin IE. 1927. *Symbiogenesis and the origin of species*. Williams and Wilkins Company.

Werren JH 1998. *Wolbachia and speciation*. Oxford University Press.

Zientz E, et al. 2004. Metabolic interdependence of obligate intracellular bacteria and their insect hosts. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 68, 745-770.



Cristian Castro Morales, 2012
Espadarana prosoblepon
Libano, Tolima

INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

Procesos, mecanismos y patrones en la enseñanza de la selección natural

Carlos A. Navas⁵, Paulo T. Sano⁶, Antonio C. Marques^{7, 8}

Para que el alumno de biología entienda la selección natural (SN) es preciso que tenga claro lo que son patrones, mecanismos y procesos. Esto es esencial porque SN es un proceso concreto, continuo y ubicuo en la naturaleza. Estudiamos SN a partir de los patrones que genera, sin embargo estos patrones no explican de inmediato la naturaleza del proceso. El vínculo entre proceso y patrón es dado por mecanismos multidimensionales, pues la SN es influenciada por las variables bióticas y abióticas que actúan sobre los individuos. Por eso, en la investigación biológica son seleccionados conjuntos de variables consideradas representativas con base en el conocimiento sobre la historia natural de un linaje, y del contexto ecológico pertinente al momento de análisis.

Esta serie de premisas conceptuales pueden llevar a equívocos en el entendimiento de la SN, particularmente si las explicaciones son apoyadas en ejemplos fundamentados en eliminación de los individuos. Esto puede reforzar la visión de SN como una serie de eventos puntuales asociados a la muerte de los individuos, dirigiendo el foco de los

estudiantes a las fragilidades de los organismos que mueren, y no a la variabilidad de la población remanente. Esta variabilidad es la esencia de los procesos evolutivos, y es esencial para explicar un eventual proceso de adaptación. Además, el entendimiento claro de los procesos, mecanismos y patrones asociados a la SN permite al estudiante comprender el fenómeno en los niveles de organización apropiados: el proceso de SN aplica a los individuos de una población, sin embargo el patrón generado es percibido en el nivel poblacional, y por esto guarda relación con los procesos evolutivos. Por tales razones, la enseñanza del concepto de SN requiere comprensión de las consecuencias evolutivas del mismo por parte de los alumnos de biología. Para eso es necesario resaltar el carácter ubicuo y multidimensional del proceso, y su relación con los diferentes niveles de organización biológica.

⁵Instituto de Biociências, Departamento de Fisiologia, ⁶Botânica e ⁷Zoologia. ⁸Centro de Biologia Marinha. Universidade de São Paulo.

Contacto: navas (at) usp.br

Joseph Vega Cubides, 2014
Masdevallia lamprotyria
Lápiz sobre papel



INVESTIGACIONES COLOMBIANAS

La validez de las reglas ecogeográficas depende del contexto: prueba de las reglas de Bergmann y Allen en un pato andino

Natalia Gutiérrez Pinto⁹

De acuerdo con las reglas de Bergmann y Allen, se espera que animales que viven en hábitats fríos (a mayor latitud) sean más grandes y tengan extremidades más pequeñas que aquellos que viven en sitios cálidos, con el fin de minimizar la pérdida de calor por la superficie del cuerpo. Muchos estudios han encontrado evidencia que sustenta la existencia de dichas reglas ecogeográficas, a pesar de que su existencia ha sido ampliamente debatida en la literatura. Aun así, un punto que no se ha evaluado a profundidad es el efecto de la variación en temperatura en gradientes de elevación sobre la morfología de los organismos, al igual que el efecto conjunto de la temperatura en gradientes de elevación y de latitud. Decidimos evaluar los efectos de la temperatura, tanto en latitud como en elevación, en el tamaño corporal y de las extremidades del pato de torrente (*Merganetta armata*), una especie que vive en ríos andinos y ocupa amplios gradientes en latitud y elevación. Para esto capturamos patos en cuatro gradientes de elevación distribuidos en diferentes latitudes, y tomamos cinco medidas morfológicas estándar que representan el tamaño corporal y el de las extremidades. Usamos análisis de covarianza y regresiones lineales simples para determinar el efecto de la temperatura ambiental media sobre las medidas morfológicas. Encontramos una relación negativa entre el tamaño corporal y la temperatura en el gradiente de latitud, lo que es consistente con la regla de Bergmann, pero la relación entre ambas variables fue positiva en los gradientes de elevación. La variación en el tamaño de las extremidades no presentó evidencia de la regla de Allen en latitud o en elevación. La variación morfológica también indicó que, dentro de un mismo río, los patos que habitan grandes elevaciones son más pequeños y tienen alas más grandes que los de bajas elevaciones, lo que es consistente con algunos escenarios adaptativos relacionados con la capacidad de vuelo o buceo a grandes elevaciones. Nuestros resultados nos permiten inferir que la temperatura es probablemente un factor

selectivo muy importante para la morfología en los gradientes latitudinales, ya que explicó cerca de un 50% de la variación en tamaño corporal dentro de la especie. Sin embargo, es posible que factores como la hipoxia o la densidad del aire sean más importantes en los gradientes de elevación, ya que los patrones encontrados sugieren que la morfología se adaptó para optimizar el consumo de energía; no obstante, esta hipótesis aún debe ser puesta a prueba. En conclusión, los efectos que tiene la temperatura sobre la morfología, y más ampliamente la probabilidad de encontrar sustento para diferentes reglas ecogeográficas, depende del contexto ambiental en que se examine la variación en temperatura.

Referencia: Gutiérrez-Pinto N, McCracken KG, Alza L, Tubaro P, Kopuchian C, Astie A, Cadena CD. 2014. The validity of ecogeographical rules is context-dependent: testing for Bergmann's and Allen's rules by latitude and elevation in a widespread Andean duck. *Biological Journal of the Linnean Society*. DOI: 10.1111/bij.12249

⁹Bióloga MSc, Universidad de los Andes
Contacto: gutinata (at) gmail.com

Big data – un nuevo método para generar datos filogenómicos

Simon Uribe-Convers¹⁰

El campo de la sistemática molecular ha avanzado tremendamente en los últimos años gracias a importantes avances tecnológicos en métodos de secuenciación. Ahora, en vez de secuenciar un gen a la vez utilizando secuenciación Sanger, podemos secuenciar múltiples genes simultáneamente u obtener genomas completos utilizando secuenciación de alto rendimiento (high-throughput sequencing). Al generar una mayor cantidad de datos con estas nuevas metodologías, usualmente por una fracción del costo de los métodos tradicionales, se puede obtener una mejor resolución al inferir la historia evolutiva de los organismos.

En nuestro estudio, detallamos un nuevo método para obtener una gran cantidad de datos moleculares utilizando PCR de largo

alcance y secuenciación de alto rendimiento. El método consiste en amplificar grandes regiones del cloroplasto (entre 5.000 y 12.000 pares de bases por región) para secuenciarlas en una plataforma de alto rendimiento (e.g. Illumina). Para poder amplificar las regiones del cloroplasto de manera efectiva, incluimos en el artículo una lista de 58 iniciadores (primers) que son potencialmente universales en plantas con flor (angiospermas), pero que también funcionaron en algunas especies de coníferas (gimnospermas). Para probar nuestro método, amplificamos los genomas del cloroplasto de 30 especies de angiospermas y tres especies de gimnospermas. Finalmente, verificamos la amplificación de los genomas secuenciando 15 genomas completos.

Una de las mayores ventajas de este método es la especificidad de lo que se está secuenciando. Cuando se secuencia de manera anónima (shotgun sequencing) rompiendo el genoma completo en miles de pequeños pedazos, mucha de la información generada no es compartida entre las diferentes muestras ya que los pedazos secuenciados no son los mismos. Al amplificar regiones focalizadas y compartidas por todas las muestras se puede estar seguro de que al momento de secuenciar, todas las muestras tendrán la misma información. Esto es importante porque hace el análisis de las muestras mucho más fácil y fiable. Quiero recalcar que aunque en este artículo nos basamos en el cloroplasto, esta estrategia no está restringida a este genoma o a plantas. Este método se puede expandir fácilmente

diseñando iniciadores para regiones en la mitocondria o en el genoma nuclear de cualquier organismo. Para la mitocondria animal, la cual tiene aproximadamente 16.000 pares de bases, serían necesarios tres o cuatro combinaciones de iniciadores para amplificar el genoma en su totalidad. En el caso del genoma nuclear, este método es especialmente útil para secuenciar regiones con intrones muy largos o amplificar genes con una única copia y así incrementar su número facilitando su secuenciación. Finalmente, la gran cantidad de datos generados en una plataforma de secuenciación de alto rendimiento aumenta el potencial de este método, ya que se pueden incluir una inmensa cantidad de muestras en una línea de secuenciación.

Nos encontramos en un momento muy interesante y especial para la biología evolutiva, donde veremos muchos cambios y avances en como generamos y analizamos datos moleculares. Es muy emocionante estar a la vanguardia en cuestiones metodológicas y espero que esta reseña genere interés en estos métodos.

Referencia: Uribe-Convers S, Duke JR, Moore MJ, Tank DC. 2014. A long PCR-based approach for DNA enrichment prior to next-generation sequencing for systematic studies. *Applications in Plant Sciences*. DOI:10.3732/apps.1300063

¹⁰Candidato PhD, University of Idaho
Contacto: [uribe.convers \(at\) gmail.com](mailto:uribe.convers@gmail.com)
www.simonuribe.com

BIODIVERSIDAD

Markea hunzikeri, *M. huilensis* y *M. purpurea*

Markea es un género de Solanaceae de hábitos epífitos y arbustivos cuya mayor diversidad se encuentra en Colombia. Recientemente fueron descritas tres especies nuevas: *M. hunzikeri*, *M. huilensis* y *M. purpurea*, nativas de los Andes Colombianos. *M. hunzikeri* nombrada en honor al profesor Armando Hunsikeri, se encuentra en los departamentos de Antioquia, Tolima y Valle. *M. huilensis* debe su epíteto a Huila, su única localidad conocida, y *M. purpurea* alude al color púrpura de la corola de la flor, y se distribuye en el flanco pacífico de los Andes. Los autores proponen que *M. hunzikeri* se encuentra categorizada como vulnerable (VU), y *M. huilensis* en peligro (EN), debido a que se distribuye en relictos de bosque muy fragmentados. Este trabajo evidencia la necesidad de la investigación taxonómica y sistemática, dado que existen muchas especies no descritas que se encuentran seriamente amenazadas y cuya descripción formal y clara delimitación es el primer paso en la formulación de estrategias para su conservación.

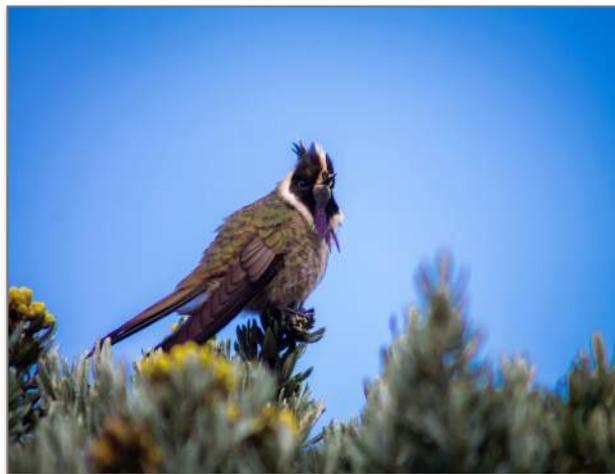


Markea hunzikeri, cortesía Andrés Orejuela Ramírez

Referencia: Orejuela A, Orozco CI, Barboza G. 2014. Three new species of *Markea* (Solanaceae, Juanulloaeae) from Colombia. *Phytotaxa*. DOI: 10.11646/phytotaxa.167.2.1

Oxyopogon stubelii, *O. guerinii* y *O. cyanolaemus*

Colombia es el país más rico en aves, recientemente suma 1903 especies luego de nuevos descubrimientos y ajustes taxonómicos. Uno de estos cambios ocurrió en el género *Oxyopogon* (chivos de monte), colibríes restringidos a hábitats montanos de páramo, subpáramo y ecotonos adyacentes. Cuatro especies de *Oxyopogon* fueron descritas entre 1840 y 1884, y luego agrupadas como *O. guerinii* en 1945. Ahora Collar y Salaman (2013) las restituyen al rango de especies apoyados en evidencia morfométrica, patrón de coloración del plumaje de machos y vocalización. Tres de estas especies se encuentran en Colombia y son posiblemente endémicas (*O. stubelii*, *O. guerinii* y *O. cyanolaemus*), y una en Venezuela (*O. linden*). De estas, *O. cyanolaemus* se cree extinta, pues desde 1946 no se tienen registros de su presencia en los páramos destruidos de la Sierra Nevada de Santa Marta. La distribución de las otras especies es restringida y se considera a *O. stubelii* en grado de amenaza vulnerable (VU).



Oxyopogon guerinii, cortesía Manuel Alejandro Cartagena

Referencia: Collar NJ, Salaman P. 2013. The taxonomic and conservation status of the *Oxyopogon* helmetcrests. *Conservación Colombiana*.

NOTICIAS NACIONALES

V Congreso Colombiano de Zoología

Fecha: 1-5 de diciembre de 2014
Lugar: Cartagena

Simposio Mundial de Palmas 2015

Fecha: 22-26 de junio de 2015
Lugar: Salento

IV Escuela Latinoamericana de Evolución

Fecha: 28 de julio - 4 de agosto de 2015
Lugar: Armenia

V Simposio de la Red Colombiana de Biología Evolutiva

Fecha: 5-7 de agosto de 2015
Lugar: Armenia



Cristian Castro Morales, 2014
Chalybura buffonii
Ibagué, Tolima

NOTICIAS INTERNACIONALES

Society for Integrative & Comparative Biology Annual Meeting 2015

Fecha: 3-7 de enero de 2015
Lugar: West Palm Beach, USA

Systematics Association Biennial Meeting 2015

Fecha: 26-28 de agosto de 2015
Lugar: Oxford, UK

IV Reunión de la Red de Biogeografía Neotropical

Fecha: 15-16 de enero de 2015
Lugar: Ciudad de Panamá, Panamá

The Annual Symposium of Vertebrate Palaeontology and Comparative Anatomy

Fecha: 31 de agosto - 3 de septiembre de 2015
Lugar: Southampton, UK

EVOLUTION 2015

Fecha: 26-30 de junio de 2015
Lugar: Guarujá, Brasil

Inaugural Meeting for the Pan-American Society for Evolutionary Developmental Biology

Fecha: 5-9 de agosto de 2015
Lugar: Berkeley, USA

Society for Molecular Biology and Evolution 2015

Fecha: 12-16 de julio de 2015
Lugar: Viena, Austria

2015 Latin American Society of Developmental Biology (LASDB) Meeting

Fecha: 20-23 de octubre de 2015
Lugar: Santos, Brazil

X Congreso de Ornitología Neotropical

Fecha: 20-24 de julio de 2015
Lugar: Manaus, Brasil



Cristian Castro Morales, 2013
Dendropsophus labialis
Medellín, Antioquia

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Cerqueira CCSd, Hünemeier T, Gomez-Valdés J, Ramallo V, Volasko-Krause CD, et al. 2014. Implications of the admixture process in skin color molecular assessment. *PLoS ONE*. DOI: 10.1371/journal.pone.0096886

“El conocimiento acerca de la conexión entre la variación genética y las características complejas ha mejorado de forma ostensible en años recientes. No obstante, el conocimiento actual de los predictores genéticos del color de la piel permanece limitado, particularmente en relación a poblaciones diferentes a las europeas y de América del Norte. Nuestra intención fue ayudar a llenar el vacío en el conocimiento demostrando el efecto de variantes genéticas para la pigmentación en dos poblaciones mezcladas en Brasil. Nuestros resultados mostraron que dos polimorfismos (SLC24A5 rs1426654 y SLC45A2 rs16891982) fueron relativamente consistentes como predictores del color de la piel en poblaciones mezcladas. HERC2 rs1129038 y TYR rs1126809 estuvieron significativamente asociados con el índice de melanina en el análisis de muestras totales. Nosotros no descartamos la posibilidad que estos dos marcadores sean relevantes, pero es necesario realizar estudios adicionales para confirmar su importancia real en la determinación de la pigmentación de la piel.”

Ruiz-Linares A, Adhikari K, Acuña-Alonso V, Quinto-Sanchez M, Jaramillo C, et al. 2014. Admixture in Latin America: geographic structure, phenotypic diversity and self-perception of ancestry based on 7,342 individuals. *PLoS Genetics*. DOI: 10.1371/journal.pgen.1004572.

“Desde finales del siglo XV, la población de lo que hoy se llama Latinoamérica ha estado sometida a grandes cambios demográficos dentro de un contexto altamente diversificado, tanto a nivel socio-ambiental como físico. Aspectos como la alta tasa de migración entre países, así como el asentamiento de la población en zonas urbanas (Latinoamérica es el lugar más urbanizado del mundo, con un

80% de la población viviendo en sus ciudades). Nuestros resultados, que apuntaron a la evaluación de la ancestría en una muestra de 7342 individuos de cinco países (Brasil, Chile, Colombia, México y Perú), indicaron una fuerte estructura genética poblacional, ilustrando el impacto continuo de la historia demográfica en la diversidad genética en Latinoamérica. Se encontraron efectos significativos de la ancestría para la mayoría de los fenotipos estudiados.”

Evolución del comportamiento

González-Forero M. 2014. An evolutionary resolution of manipulation conflict. *Evolution*. DOI: 10.1111/evo.12420

“Usé un modelo matemático para demostrar que conflictos donde manipulación y resistencia coevolucionaron pueden desaparecer como resultado de un proceso coevolutivo. Encontré que mientras los individuos manipulados son seleccionados para resistir, pueden simultáneamente ser favorecidos a expresar el comportamiento de manipulación en alta frecuencia a tal punto que la selección por resistencia puede desaparecer. El modelo también predice que la manipulación materna es probable que aparezca en taxa con resistencia ancestral imperfecta a manipulación materna.”

Matute DR. 2014. The magnitude of behavioral isolation is affected by characteristics of the mating community. *Ecology and Evolution*. DOI: 10.1002/ece3.1142

“Encontré que tanto el número potencial de parejas como la frecuencia relativa de machos coespecíficos y heteroespecíficos afectan la decisión de apareamiento en las especies cosmopolitas pero no en las endémicas de islas. Estos resultados sugieren que las características de la población, en la cual ocurre el apareamiento, pueden afectar la magnitud del aislamiento pre-apareamiento.”

Ecología evolutiva

Smith BT, McCormack JE, Cuervo AM, Hickerson MJ, Aleixo A, Cadena CD, et al. 2014. The drivers of tropical speciation. *Nature*. DOI: 10.1038/nature13687.

“Aquí nosotros mostramos que los patrones temporales y espaciales de la diferenciación genética de las aves neotropicales es altamente discordante entre linajes y no es reconciliable con un modelo que vincule la especiación únicamente al cambio del paisaje. De hecho, los predictores más fuertes de especiación son la cantidad de tiempo que un linaje ha estado en el paisaje y la habilidad de las aves para moverse a través de la matriz del paisaje.”

Bravo GA, Remsen JV, Brumfield RT. 2014. Adaptive processes drive ecomorphological convergent evolution in antwrens (Thamnophilidae). *Evolution*. DOI:10.1111/evo.12506

“En este estudio demostramos que la evolución del tamaño y la forma en el complejo *Myrmotherula* es consistente con un proceso adaptativo. El tamaño corporal en el grupo representa un rasgo convergente entre clados distantemente relacionados dentro de Thamnophilidae que sesgan trabajos taxonómicos y ecológicos previos en el reconocimiento de *Myrmotherula* como una unidad natural y taxonómica. Los valores de tamaño corporal óptimo están asociados con hábitats específicos y estratos del bosque de forrajeo que probablemente han contribuido al patrón de evolución convergente entre estos clados.”

EvoDevo

Malagón J, Ahuja A, Sivapatham G, Hung J, Lee J, Muñoz-Gómez SA, et al. 2014. Evolution of *Drosophila* sex comb length illustrates the inextricable interplay between selection and variation. *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.1322342111

“Este trabajo muestra que la inclusión de enfoques del desarrollo en los estudios evolutivos puede ser una poderosa

herramienta para entender el proceso de adaptación. El cambio en la longitud del peine sexual muestra que en lugar de una dicotomía entre la selección y las restricciones del desarrollo, estas son indivisibles, y que el estudio de los mecanismos del desarrollo proporciona una base para entender cómo se produce la selección. Además, éste trabajo demuestra que las propiedades mecánicas de los tejidos pueden proporcionar el contexto en el cual se da la selección, y que los principios físicos sencillos que actúan sobre las interacciones mecánicas en células y tejidos, pueden producir variación fenotípica que puede influir en la dirección de la evolución.”

Evolución molecular

Eyun S-i, Wang H, Pauchet Y, ffrench-Constant RH, Benson AK, Valencia-Jiménez A, et al. 2014. Molecular evolution of glycoside hydrolase genes in the Western Corn Rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera*). *PLoS ONE*. DOI: 10.1371/journal.pone.0094052

“Identificamos ocho familias génicas de glucosidasas (GH) a partir de los transcriptomas de *D. v. virgifera*. Tres familias GH (GH56, GH48 y GH28) fueron obtenidas probablemente a través de eventos de transferencia horizontal, antes de la divergencia entre los escarabajos crisomélidos y curculiónidos. Procesos de nacimiento y muerte rápidos han sido también observados entre esas familias GH de Coleoptera. Un gran número de enzimas de familias GH, debido a sus duplicaciones específicas en *D. v. virgifera*, pudieron haber contribuido al éxito adaptativo de su nicho proporcionando una hidrólisis más eficiente de las paredes celulares del maíz.”

Genética evolutiva

Arias CF, Salazar C, Rosales C, Kronforst MR, Linares M, et al. 2014. Phylogeography of *Heliconius cydno* and its closest relatives: disentangling their origin and diversification. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/mec.12844

“Presentamos la primera examinación genética exhaustiva de la radiación de

Heliconius cydno y ubicamos nuestro patrón genético emergente dentro del contexto de dos especies cercanamente relacionadas, *H. melpomene* y *H. timareta*. En general, nuestros análisis filogeográficos y demográficos sugieren una interacción compleja entre flujo genético interespecífico, procesos geológicos y diferenciación local de poblaciones dentro del contexto de fuerte selección natural que ha estado actuando a lo largo de ~2 millones de años”.

Matute DR, Gavin-Smyth J, Liu G. 2014. Variable post-zygotic isolation in *Drosophila melanogaster*/*D. simulans* hybrids. *Journal of Evolutionary Biology*. DOI: 10.1111/jeb.12422

“Nuestros resultados sugieren que la inviabilidad híbrida -y aislamiento reproductivo en general- puede modificarse por polimorfismos en múltiples loci segregantes dentro de las especies parentales. Así como la penetrancia de la mayoría de fenotipos mutantes puede ser modificada por el “background” genético dentro de especies puras, la penetrancia de fenotipos de inviabilidad híbrida es altamente influenciada por los genotipos parentales.”

Morfología y fisiología evolutiva

Gómez GF, Márquez EJ, Gutiérrez LA, Conn JE, Correa MM. 2014. Geometric morphometric analysis of Colombian *Anopheles albimanus* (Diptera: Culicidae) reveals significant effect of environmental factors on wing traits and presence of a metapopulation. *Acta Tropica*. DOI: 10.1016/j.actatropica.2014.03.020.

“Este estudio encuentra (i) una similitud total del tamaño y la forma de las alas entre poblaciones de *An. albimanus*, (ii) un efecto significativo de factores ambientales sobre los rasgos de las alas, (iii) una ausencia de diferenciación poblacional usando datos genéticos y de forma de las alas, e (iv) incongruencia de patrones morfométricos y genéticos, no relacionados a la geografía.”

Paleontología evolutiva

Hastings AK, Bloch JI, Jaramillo CA. 2014. A new blunt-snouted dyrosaurid, *Anthracosuchus balrogus* gen. et sp. nov. (Crocodylomorpha, Mesoeucrocodylia), from the Palaeocene of Colombia. *Historical Biology*. DOI: 10.1080/08912963.2014.918968

“Tres caracteres soportan sin ambigüedad el clado que incluye todos los dirosáuridos con excepción de aquellos pertenecientes a los géneros de hocico corto *Chenanisuchus*, *Anthracosuchus* y *Cerrejonisuchus*. Estos caracteres son una barra interfenestral estrecha, barra interfenestral sin ornamentación, y sínfisis mandibular que termina posterior a los tres cuartos anteriores de los alvéolos. Un proceso anterolateral del postorbital une todos los dirosáuridos excepto *Chenanisuchus*. El análisis biogeográfico obtuvo cinco historias de dispersión optimizadas, con un mínimo de tres eventos de dispersión desde África hacia América dentro de *Dyrosauridae*.”

Forasiepi AM, Soibelzon LH, Suárez Gómez C, Sánchez R, Quiroz LI, Jaramillo C, Sánchez-Villagra MR. Carnivorans at the Great American Biotic Interchange: new discoveries from the northern neotropics. *Naturwissenschaften*. DOI: 10.1007/s00114-014-1237-4

“Estos nuevos especímenes de *Cyanosua* y *Chapalmalania* en el Plioceno de Sudamérica septentrional llenan parcialmente una brecha en el registro fósil. Dos grupos principales fueron encontrados dentro de *Procyonidae*: uno que contiene a los coatíes (*Nasuella* y especies de *Nasua*, las cuales se muestran como parafiléticas) y el otro con los prociónidos *Cyanosua* spp. y *Chapalmalania* spp. (“grupo *Cyanosua*”). Los prociónidos pliocénicos de Venezuela y Colombia que reportamos son parte del evento de migración asociado al cierre definitivo del Istmo de Panamá.”

Sistemática

Zapata F, Wilson NG, Howison M, Andrade SCS, Jörger KM, et al. 2014. Phylogenomic analyses of deep gastropod relationships reject Orthogastropoda. DOI: 10.1098/rspb.2014.1739

Los gasterópodos son uno de los grupos animales más abundantes del mar y el único linaje de los moluscos que colonizó exitosamente la tierra. A pesar de cerca de un siglo de investigaciones morfológicas, anatómicas y de estudios moleculares, las relaciones entre y dentro de sus clados

constitutivos son todavía inciertas. Este trabajo reexamina las relaciones filogenéticas de los gasterópodos usando nuevos datos transcriptómicos para 40 especies — representantes de sus cinco clados principales — conjuntamente con los genomas y transcriptomas disponibles actualmente. Los resultados sugieren tres posibles raíces diferentes para el árbol filogenético de los gasterópodos y rechazan la hipótesis filogenética prevaleciente de Orthogastropoda. El árbol calibrado es congruente con una posible recuperación en el Pérmico tardío de los clados Caenogastropoda y algunos subclados de Heterobranchia.



Cristian Castro Morales, 2011
Pristimantis taeniatus
Ibagué, Tolima

NODOS

Daniel R. Matute¹¹

Mi laboratorio en la Universidad de North Carolina, Chapel Hill tiene como objetivo entender procesos evolutivos con particular énfasis en los procesos de especiación y adaptación. Somos un grupo diverso y nuestra investigación es de índole interdisciplinaria. Todas nuestras líneas de investigación tienen como premisa responder preguntas clásicas sobre patrones evolutivos generales. Nuestra investigación tiene un fuerte componente genético que se apoya en la bioinformática e involucra varias técnicas que van desde la observación de historia natural en campo, genética clásica, secuenciación de genomas completos y aplicación de una gran variedad de análisis de genética de poblaciones. El grupo de investigación tiene tres fuertes que se integran de forma significativa.

El primero es la aplicación de genética de poblaciones a datos genómicos para comprender procesos de divergencia y flujo genético entre especies. Esta línea de investigación tiene como eje fundamental el estudio de la historia natural de las especies de *Drosophila* endémicas de islas volcánicas, especialmente en África (Seychelles, São Tomé, Príncipe, Bioko y Mauricio). Varias de estas especies pueden ser cruzadas en el laboratorio lo que permite el estudio de la base genética de las diferencias interespecíficas entre estos pares de especies. Adicionalmente, al menos tres pares de especies de este grupo muestran zonas híbridas que han sido establecidas de forma reciente (en los últimos 500 años). El objetivo principal es entender que alelos pueden pasar de una especie a otra y cuáles son las consecuencias fenotípicas de esos alelos.

De forma paralela, estamos interesados en el estudio de defectos fenotípicos en híbridos interespecíficos de *Drosophila*, como esterilidad o inviabilidad híbrida. Este tipo de defectos son comunes en varios taxa y el estudio de su base genética ha sido popularizado bajo el título "genes de especiación". Nuestro enfoque no es entender cómo los procesos de especiación empiezan, ya que este tipo de defectos híbridos ocurre cuando hay un nivel alto de divergencia genética. Estos fenómenos, sin embargo,

proveen la oportunidad de entender cómo los genomas de diferentes especies han divergido funcionalmente en factores claves para el correcto desarrollo de un individuo. Desde este punto de vista, estudiamos a *Drosophila melanogaster*, el modelo animal por excelencia en el estudio de genética clásica. Nuestro enfoque actual son los híbridos entre especies que han divergido de forma sustancial (>10 millones de años) pero que aún conservan un plan morfológico similar.

Finalmente, una parte de nuestros esfuerzos se enfoca en evolución experimental usando varias especies de *Drosophila* como modelo para recapitular procesos evolutivos en un ambiente de laboratorio. Nuestras últimas investigaciones de esta índole han revelado la importancia de selección natural en el proceso de especiación y la posibilidad de especiación por medio de deriva genética.

Actualmente somos un grupo pequeño pero con ganas de trabajar. Mi laboratorio siempre está reclutando estudiantes con interés en biología evolutiva. Aquellos interesados pueden ponerse en contacto conmigo de forma directa para discutir intereses comunes y mecanismos de financiación.



Cortesía Daniel R. Matute

¹¹Profesor, University of North Carolina at Chapel Hill
Contacto: [danielricardomatute \(at\) gmail.com](mailto:danielricardomatute@gmail.com)

Publicaciones (últimos 2 años)

1. Matute DR. 2014. Noisy neighbors can hamper the evolution of reinforcement. *Am. Nat. Minor Revisions*.
2. Restrepo S, Tabima JF, Mideros MF, Grünwald NJ, Matute DR. 2014. Speciation in Fungal and Oomycete Plant Pathogens. *Annual Review of Phytopathology*. In press.
3. Matute DR, Gavin-Smyth J, Liu G. 2014. Variable postzygotic isolation in *Drosophila melanogaster*/*D. simulans* hybrids. *J. Evol. Biol.* 27: 1691–1705.
4. Matute DR. 2014. The magnitude of behavioral isolation in *Drosophila* is affected by characteristics of the mating community. *Ecol. Evol.* 4:2945–2956
5. Matute DR, Ayroles JF. 2014. Hybridization occurs between *D. simulans* and *D. sechellia* in the Seychelles archipelago. *J. Evol. Biol.* 27:1057-1068
6. Matute D.R. and Gavin-Smyth J. 2014. Fine mapping of dominant X-linked incompatibility alleles in *Drosophila* hybrids. *PLoS Genetics*. 10: e1004270.
7. Rabosky DL, Matute DR. 2013. Macroevolutionary speciation rates are decoupled from the evolution of intrinsic reproductive isolation in *Drosophila* and birds. *PNAS*. 110: 15354-15359.
8. Matute DR. 2013. The role of founder effects on the evolution of reproductive isolation. *J. Evol. Biol.* 26: 2299–2311
9. Matute DR, Harris A. 2013. The influence of abdominal pigmentation in desiccation resistance and UV resistance in two species of *Drosophila*. *Evolution* 67: 2451–2460
10. Gavin-Smyth J, Matute DR. 2013. Embryonic lethality leads to hybrid male inviability in hybrids between *Drosophila melanogaster* and *D. santomea*. *Ecol. Evol* 3: 1580–1589

Cristian Castro Morales, 2012
Dendropsophus microcephalus
Armero Guayabal, Tolima



MESAS DE TRABAJO REGIONAL

MTR Antioquia

Concluimos con éxito y buena acogida el minicurso de evolución en el que trabajamos durante un año con reuniones semanales en el Planetario de Medellín con el apoyo del Parque Explora. Luego decidimos usar los insumos teóricos generados para crear un ciclo de divulgación a través de un coloquio de biología evolutiva mensual en colaboración con investigadores locales: i) ¿Quién llegó primero a América: Colón o los colibríes?, con Juan Luis Parra de la Universidad de Antioquia, ii) Una breve historia del poblamiento de América, con Gabriel Bedoya de la Universidad de Antioquia, iii) Cordillera de los Andes ¿corredor o calle ciega para las especies de alta montaña?, con María José Sanín de la Universidad CES, y iv) ¿Puede la selección natural producir todo tipo de criaturas?, con Juan Nicolás Malagón de la Universidad de Toronto. En febrero también celebramos el Día de Darwin con una serie de conferencias magistrales con la participación de profesores de la Universidad de Antioquia. Cristina López-Gallego señaló la importancia de los estudios en ecología para comprender los procesos evolutivos, Brian Bock hizo un recorrido histórico sobre los debates evolucionismo-creacionismo en los Estados Unidos, y Ricardo Callejas realizó un recorrido por la historia evolutiva de las angiospermas.



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

MTR Bogotá

Invitamos a toda la comunidad interesada en conformar la mesa de trabajo de COLEVOL en Bogotá a que nos contacten.

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

MTR Boyacá: Grupo de Estudios en Biología Evolutiva y Epistemología (BIEVEP)

Un buen método de asimilación de conceptos teóricos requiere procesos donde la teoría y la práctica estén estrechamente relacionadas, por esta razón BIEVEP busca que sus integrantes se apropien de dichos conceptos. A medida que los estudiantes se familiarizan con los conceptos y protagonistas de la ciencia, serán capaces de vincular y asociar este conocimiento en sus clases, prácticas y demás vivencias académicas. Así indagarán y realizarán preguntas e hipótesis en biología evolutiva. También busca que sus integrantes expliquen conceptos de manera dinámica y en lenguaje entendible para el público en general sin perder la rigurosidad científica.

La MTR Boyacá se unió a la celebración del Día de Darwin en el evento “Evolución y diversificación de las ideas: el pensamiento evolutivo de Charles Darwin” realizado el 28 de marzo de 2014 en la UPTC. Entre las actividades de divulgación planeadas está la realización de un cine-foro con el fin de proyectar documentales y películas que serán discutidos al finalizar cada proyección para poder complementar los conocimientos sobre evolución. Invitamos a la comunidad para que envíen propuestas de posibles películas, documentales y demás temas que quieran socializar y discutir.



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

MTR Caldas

La MTR Caldas está conformada en su mayoría por un grupo de estudiantes de biología de la Universidad de Caldas interesados en la biología evolutiva. La MTR Caldas ha realizado eventos de frecuencia semestral, como la conmemoración del día de

Darwin y Wallace, y constantemente realiza reuniones integrativas donde se debaten temas de interés alusivos a los procesos evolutivos en todas las escalas. Cordialmente invitamos a todas las personas de la región interesadas en la biología evolutiva a participar en la MTR Caldas.

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

MTR Córdoba

Recientemente la MTR Córdoba ha recibido el respaldo por parte del grupo de Librepensadores de Córdoba mediante la intención de participación de sus integrantes en las próximas actividades e iniciativas que se desarrollen en esta mesa de trabajo, hasta ahora conformada exclusivamente por estudiantes de la Universidad de Córdoba. Lo anterior contribuye a la diversidad de aportes de esta MTR y promueve la posibilidad de compartir y divulgar la biología evolutiva en espacios diferentes a dicha institución. Esperamos que esto represente un nuevo impulso para las dinámicas de socialización que en los últimos meses han disminuido su regularidad en la MTR. Por ello, hacemos uso de esta sección para invitar a todos los cordobeses interesados, sean académicos o no, para que se sumen a estas jornadas de aprendizaje de la evolución en un contexto afable y pluralista.

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

MTR Quindío

Estamos llevando a cabo una investigación sobre el grado de aceptación de la teoría evolutiva y su profundización en diferentes instituciones educativas de la ciudad de Armenia (Quindío), enfocándose en un análisis comparativo entre estudiantes de grado noveno y once de centros educativos público y privado. Hemos realizado 495 encuestas a igual número de estudiantes de grado noveno (247) y grado once (248). El objetivo antes de terminar el año es llegar a un número superior a los 1000 estudiantes con el fin de disminuir el error de muestreo.

Algunos miembros, en el curso de profundización “Genética Evolutiva y Bioinformática” del programa de biología de la Universidad del Quindío adelantamos trabajos prácticos bajo la figura de “aprendizaje basado en casos”, que derivará en la estructuración de un artículo científico por parte de cada estudiante en áreas tan diversas como filogeografía, genética del paisaje,

epidemiología y medicina evolutiva, entre otros. Al final del ejercicio esperamos aumentar la masa crítica de las aplicaciones bioinformáticas relacionadas con conceptos evolutivos en la región.

Esperamos para el año 2015 poder compartir las experiencias antes mencionadas con las MTR del resto del país.

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

MTR Tolima: I Ciclo de conferencias en biología evolutiva

Con masiva asistencia llevamos a cabo la celebración del I Ciclo de conferencias en biología evolutiva en la Universidad del Tolima. Contamos con la participación de investigadores colombianos de diversas áreas y trayectorias, de forma presencial y virtual, donde se discutieron temas como filogeografía, endemismo en Colombia, radiación adaptativa, coevolución, filosofía de la biología y aspectos históricos sobre la vida de Charles Darwin. Agradecemos a los conferencistas que muy amablemente aceptaron nuestra invitación y a la Universidad del Tolima por el espacio y apoyo económico. Aprovechamos para extender la invitación a todas las personas que se encuentren en el departamento del Tolima para que participen de nuestras reuniones semanales y de las actividades que desarrollaremos en el 2015, nuestras puertas siempre están abiertas, ¡los esperamos!



Raul Sedano (izquierda), Julio Mario Hoyos (derecha, arriba) y Hugo Mantilla-Meluk (derecha, abajo).

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

MTR Valle

Durante los números anteriores del boletín nos hemos enfocado en los resultados de las actividades de nuestra mesa como grupo de estudio en temas específicos (análisis de datos de genética de poblaciones principalmente). Posterior a estos estudios, organizamos también algunos ciclos de conferencias en los que investigadores nacionales e internacionales nos han compartido resultados de su trabajo. Este tipo de actividades han sido lentas en lo que va del año, sin embargo esperamos realizar una nueva convocatoria que permita consolidar la mesa y desarrollar así un trabajo más constante. Desde el inicio, la mesa cuenta con participación principalmente de estudiantes y profesores de la Universidad del Valle, pero esperamos expandir en el futuro la participación a las Universidades ICESI y Javeriana que recientemente han iniciado programas de biología.

Hacemos por lo tanto la invitación desde este boletín, a la comunidad académica en el Valle del Cauca interesada en la biología evolutiva, para que se integren a nuestra mesa de trabajo y podamos desarrollar los dos tipos de actividades en las que nos encontramos particularmente interesados: i) divulgar la evolución biológica, y ii) fomentar el estudio de la misma. De igual manera, la invitación está abierta para cualquier a ideas sobre nuevas sobre actividades interesantes que se puedan desarrollar dentro de la mesa.

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

Cristian Castro Morales, 2012
Hypsiboas pugnax
Armero Guayabal, Tolima



AVISOS Y AGRADECIMIENTOS

Síguenos en Facebook (/COLEVOL) y Twitter (@colevol).

Puedes hacer parte de las actividades de COLEVOL contactando las Mesas de Trabajo de tu región. Si aún no hay ninguna y estás interesado en promover su creación, te invitamos a contactarnos a [redcolevol \(at\)gmail.com](mailto:redcolevol(at)gmail.com)

Fotografías e ilustraciones

Cristian Castro, Marco Miguel Odicio Iglesias, Jessica Arenas Castro, Wendy Valencia, Joseph Vega, Salomé Urrea Valencia, Manuel Alejandro Cartagena, Juan Manuel Villar, Andrés Orejuela Ramírez.

Notas de Biodiversidad

Blanca Arbeláez, Wendy Valencia

Notas de artículos recomendados

José Luis Cómbita, Cristian Fong, Joseph Vega, Diana Lucía Buitrago, Fabián Salgado, Wendy Valencia.

Apoyo a las MTR

Antioquia: Parque Explora, Wendy Valencia, Blanca Arbeláez, Edwin Hurtado, Manuel Arango, Stefany Vargas, John Meyer Quintero, Andrés Ruiz.

Bogotá: Ángela P. Navas, Ángela Sánchez.

Boyacá: José Luis Cómbita, Adriana Sandoval Mojica, Juliana Soto Patiño, Lizeth Alexandra Estevez Joya, Miriam Viviana Delgado Merchan, Gloria Alejandra Rodríguez Apaunza, Joseph Steven Vega Cubides, Oscar Felipe Moreno Mancilla.

Caldas: Diana Lucía Buitrago Torres.

Córdoba: Juan José Pacheco, Oscar Meléndrez.

Quindío: Hugo Mantilla-Meluk, Diego Fernando Mejía-Torres, Andrés Felipe Vargas, Sebastián Vásquez.

Tolima: Fabián Salgado Roa, Mariana Cortez Escarraga, Yeison Tolosa, Sergio Perez, Katherine Garzon Perdomo, Oriana Llanos Paez, Cristian Betancourt Villamil, Andrea Rios Navarro, Hamilton Barbosa, Alix Guevara.

Valle: Cristian Fong, Diana Rojas, Vanessa Muñoz, Diego Solarte, Daniela Bravo, Yamid Braga.



Cristian Castro Morales, 2013
Agalychnis psilopygion
Bajo Calima, Valle



Red Colombiana de
Biología Evolutiva