

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 3 Número: 1 Mes: Octubre Año: 2015



BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EDITORES

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

Instituto Humboldt
Universidade de São Paulo
Universidad de Córdoba
Universidade Federal de São Carlos

COMITÉ CIENTÍFICO

Alejandra Vasco
Alejandro Berrío
Alejandro Rico-Guevara
Ana Caicedo
Andrés Cárdenas-Rozo
Andrés Cuervo
Andrew J. Crawford
Camilo Salazar
Carlos F. Arias
Carlos Botero
Carlos Jaramillo
Carlos Machado
Carlos A. Navas
Carolina Pardo-Díaz
Catalina Pimiento
Cristina López-Gallego
Daniel Cadena
Daniel R. Matute
Daniel Ortiz-Barrientos
Federico Brown
Fernando Vargas-Salinas
Gabriel Bedoya
Gustavo A. Bravo
Hernán Burbano
Iván Darío Soto-Calderón
Ivania Cerón-Souza
Juan Diego Gaitán-Espitia
Juan Luis Parra
Juan Manuel Daza
Juan Nicolás Malagón
Juan Sebastián Escobar
Margarita Womack
María Ángela Echeverry-Galvis
María del Rosario Castañeda
María José Sanín
Martha L. Serrano
Maryam Chaib De Mares
Mauricio Linares
Mónica Medina
Natalia Pabón Mora
Natasha Bloch
Raúl Sedano
Santiago Ramírez
Sergio A. Muñoz-Gómez
Sergio Solari
Simón Uribe-Convers
Tatiana Arias
Víctor Hugo García Merchan
Ximena Bernal
Yherson Franchesco Molina-Henao

Universidad Nacional Autónoma de México
University of Texas at Austin
University of Connecticut
University of Massachusetts Amherst
Universidad EAFIT
Tulane University
Universidad de los Andes
Universidad del Rosario
Smithsonian Tropical Research Institute
North Carolina State University
Smithsonian Tropical Research Institute
University of Maryland
Universidade de São Paulo
Universidad del Rosario
University of Florida
Universidad de Antioquia
Universidad de los Andes
University of North Carolina at Chapel Hill
University of Queensland
Universidade de São Paulo
Universidad del Quindío
Universidad de Antioquia
Universidade de São Paulo
Max Planck Institute for Developmental Biology
Universidad de Antioquia
Oregon State University
Universidad Austral de Chile
Universidad de Antioquia
Universidad de Antioquia
University of Toronto
Centro de Investigación Vidarium
Princeton University
Pontificia Universidad Javeriana
Universidad del Valle
Universidad CES
Université de Lausanne
Rijksuniversiteit Groningen
Universidad del Rosario
Pennsylvania State University
Universidad de Antioquia
University College London
Universidad del Valle
University of California at Davis
Dalhousie University
Universidad de Antioquia
University of Missouri at St. Louis
Centro Colombiano de Bioinformática y Biología Computacional
Universidad del Quindío
Purdue University
Harvard University

EDICIÓN GRÁFICA

Andrea Manrique-Rincón

Universidade Estadual de Campinas

Portada:

Ichneumonidae, 2015
Leticia, Amazonas
Juan Ignacio Muñoz

CONTENIDO

EDITORIAL NACIONAL	4
Operación retorno Andrés Cuervo	
EDITORIAL INTERNACIONAL	5
Evolutionary research in a post Nagoya world W. Owen McMillan	
RECONOCIMIENTOS	7
Natalia Pabón-Mora Gabriel Bedoya Berrío Sergio A. Muñoz-Gómez V Simposio Colombiano de Biología Evolutiva X Congreso Neotropical de Ornitología y XXII Congreso de Ornitología Brasileiro	
EVOLUTION 2015	
INVESTIGAR EN COLOMBIA	9
Investigar por fuera de la universidad Juan Sebastián Escobar ¿Podría Charles Darwin enseñar evolución en una universidad pública colombiana? Carlos Jaramillo	
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	11
P2C2M BUCKy	
COMENTARIO CIENTÍFICO	12
Conservación de la biodiversidad en Colombia: acción y reversión de los procesos de extracción Iván Darío Soto-Calderón	
INVESTIGACIONES COLOMBIANAS	14
Evidencia morfológica y comportamental de mimetismo batesiano en polluelos de un ave amazónica Santiago David & Gustavo A. Londoño	
INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	15
La división tripartita de la palabra evolución Sergio A. Muñoz-Gómez	
BIODIVERSIDAD	16
Lepanthes paramosolensis Scytalopus perijanus Oxygogon cyanolaemus Telamonocarcinus antiquus	
EVENTOS CIENTÍFICOS	18
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	19
NODOS	22
Mónica Medina	
MESAS DE TRABAJO REGIONAL	23
MEMORIAS DEL V SIMPOSIO COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA	25
PRESENTACIONES ORALES	
CARTELES	
AVISOS Y AGRADECIMIENTOS	36

EDITORIAL NACIONAL

Operación retorno

Andrés Cuervo ¹

En editoriales anteriores de este boletín se ilustran algunas de las razones por las que los científicos colombianos terminan estableciéndose de forma permanente en el exterior. Las dificultades que frenan el retorno y que mantienen la *fuga de cerebros* son variopintas. Acá discuto algunas.

Primero, además del presupuesto irrisorio para la ciencia en Colombia, la inexistente voluntad política del gobierno y congreso para cambiar esta tendencia es notable. Si bien la economía del país creció en el último lustro, la inversión en educación y ciencia ha sido precaria. Mientras que el 3.4 % del PIB se destina al gasto militar (el mayor de América Latina), sólo el 0.17 % se invierte en ciencia [a]. El presupuesto de Colciencias es pequeño y decrece anualmente por cuenta de la inflación, y el recorte previsto para el 2016 es aún más escandaloso. De otro lado, el número per cápita de personas con doctorado es menor en Colombia que en otros diez países latinos [b], y aunque casi todo el presupuesto de Colciencias se invierte en becas doctorales, la reversión de este déficit de por sí no garantiza que esos doctores se queden en el país haciendo investigación por la falta de recursos. El último Plan Nacional de Desarrollo no hace a la educación y a la ciencia pilares del país futuro. Segundo, hay un problema estructural de burocracia, el cual es notable en cómo se mide la producción científica y cómo se accede a los irrisorios recursos disponibles. No me extenderé en este tema, pero resalto que hay mucho que aprender de agencias como la National Science Foundation (NSF).

¿Es viable el desarrollo sostenible del país para enfrentar los retos ineludibles e inmediatos (e.g. sobrepoblación, cambio climático, conservación) si sigue centrándose en exportar materias primas en medio del analfabetismo científico? Yo creo que no.

Muchos científicos colombianos hacen una apuesta individual por volver. A este esfuerzo particular se ha sumado tímidamente el gobierno con el programa postdoctoral “Es tiempo de volver”. Su ejecución empezó llena de tropiezos e improvisadas decisiones, tanto así que tuvo el efecto contrario en muchos casos, pues varias de las condiciones de enganche prometidas no fueron honradas y no se contempló un plan de incorporación permanente. Para ponerlo en términos futbolísticos, el país depende mucho de las individualidades para fortalecer su capacidad de investigación científica.

¿A qué se enfrenta quien se aventure a gambetear la burocracia para volver? Los trámites de instalación como la convalidación de títulos, libreta profesional, afiliación a seguridad social, instalación familiar y mudanza son onerosos en tiempo y dinero. El mercado laboral en ciencias biológicas es muy estrecho y abrirse paso está lleno de tropiezos. Las condiciones laborales ofrecidas, incluyendo salario, beneficios, costos de instalación, acceso a infraestructura y fondos de investigación son poco competitivos o inexistentes. La estructura administrativa parte de la presunción del engaño y esto lleva a la imposición de requisitos inverosímiles, lo que paradójicamente deja una rendija abierta al tráfico de influencias.

Para muchos el primer empleo al regresar es como profesor de cátedra, cuyos honorarios son indignantes. Para otros, un trabajo postdoctoral como antesala a una posición permanente sería una muy buena opción, pero en el país no hay una tradición de este tipo de empleo. Sólo en contadas instituciones hay ofertas postdoctorales atractivas, altamente competitivas internacionalmente. Tomar una posición permanente en una universidad podría significar en cierta medida renunciar a hacer investigación al ritmo en que se hace afuera por la alta carga docente y administrativa, y por la insuficiencia de presupuesto e infraestructura. Bajo este panorama, alternativas novedosas y arriesgadas de investigación en la empresa privada podrían ser promisorias (ver nota de JS Escobar en Investigar en Colombia, p9).

Tener la voluntad de retornar presupone una disposición a jugar en equipo para cambiar las instituciones desde adentro. Mantener las colaboraciones internacionales para continuar investigando puede suplementar el rezago presupuestal colombiano, pero no lo reemplaza. El ejemplo de muchos colegas que han ya regresado me convence aún más que al estar radicado en Colombia tendría un impacto sobre los estudiantes, la comunidad académica y la sociedad mucho mayor que estando afuera. ¿Valdrá la pena? Yo creo que sí.

¹ Investigador postdoctoral, Tulane University.
Contacto: amcuervo (at) gmail.com

[a] World Bank <<http://data.worldbank.org/indicator/GB.XPD.RSDV.GD.ZS>> y UNESCO <<http://data.uis.unesco.org/>>.

[b] Informe OECD <<http://www.oecd.org/sti/inno/columbia-innovation-review-assessment-and-recommendations.pdf>>

EDITORIAL INTERNACIONAL

Evolutionary research in a post Nagoya world

W. Owen McMillan ²

One year ago, the Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources went into full effect. A principal objective of the Protocol and the original Convention on Biological Diversity was to contribute to our “understanding, conservation, and sustainable use of biological diversity.” Unfortunately, the implementation of the protocol has had the opposite effect, particularly for evolutionary research, which increasingly relies on insights from genetic data. As a molecular evolutionary biologist who has worked across Latin America for the last 20 years, it is now much more difficult to obtain research and export permits. The situation is not tremendously better for my local colleagues, who face many of the same bureaucratic challenges. The result is that our ability to conduct discovery-based science is being stifled at a time when knowledge about our planet and biodiversity that it sustains is ever more essential.

I am somewhat optimistic that the situation for scientists and students will improve. Unfortunately, it is unclear how long it will take and my recent experience with permitting agencies in Ecuador suggests that it may be a while. What is crystal clear, however, is that scientific communities need to band together to promote broader collaboration. At a basic level, this is a survival strategy – as a community we need to be an essential part of the ongoing conversations on how to reach the goals of the Convention on Biological Diversity without smothering science. This means more clearly articulating our needs, advocating against excessive regulations, and striving for transparency. Of course, collaborations open opportunities. The recent International *Heliconius* Butterfly Meeting reminded me just how important even informal collaborative networks can be in pushing scientific research forward. Over the last 15 years collaborations between Colombian, US, and European scientists have trained more than a dozen graduate and postdoctoral researchers and the knowledge generated from these collaborations, much of it published in high-profile journals and picked up by the international press, has changed our views of speciation and adaptation and the links between them.

Future research collaborative networks would benefit from being larger, less organic and armed with a mandate to more proactively engage governments and policy makers on ways to promote scientific discovery. Fortunately, many threads are already in place and I think that you can create these networks without losing the passion that fuels most scientists. Indeed, the *Heliconius* community is one of many international research communities working in Colombia and other Latin American countries.

Investigación evolutiva en un mundo post Nagoya

W. Owen McMillan ²

Hace un año el protocolo de Nagoya sobre el acceso a recursos genéticos entró en pleno efecto. Un objetivo principal del protocolo y de la Convención en Diversidad Biológica original era contribuir a nuestro “entendimiento, conservación y uso sostenible de la diversidad biológica.” Desafortunadamente, la implementación del protocolo ha tenido el efecto opuesto, particularmente para la investigación evolutiva, la cual se basa cada vez más en el conocimiento derivado de datos genéticos. Como biólogo evolutivo molecular que ha trabajado a lo largo y ancho de América Latina durante los últimos 20 años, puedo decir que ahora es mucho más difícil conseguir permisos de investigación y exportación. La situación no es mucho mejor para mis colegas locales, quienes enfrentan varios de los mismos retos burocráticos. El resultado es que nuestra habilidad para realizar ciencia basada en descubrimientos está siendo reprimida en un momento en el que el conocimiento sobre nuestro planeta y la biodiversidad que éste sostiene es más esencial que nunca.

Me siento un tanto optimista de que la situación para los científicos y estudiantes va a mejorar. Desafortunadamente, no es claro cuánto tiempo tomará y mi experiencia reciente con las agencias de permisos en Ecuador sugiere que podría ser un largo rato. No obstante, lo que sí es claro, es que las comunidades científicas necesitan unirse para promover colaboraciones más amplias. En un nivel básico, ésta es una estrategia de supervivencia – como una comunidad debemos ser una parte esencial de las conversaciones en proceso sobre cómo alcanzar los objetivos de la Convención en Diversidad Biológica sin sofocar la ciencia. Esto implica articular nuestras necesidades con mayor claridad, abogar en contra de las regulaciones excesivas y esforzarse por la transparencia. Las colaboraciones obviamente abren oportunidades. La reciente Reunión Internacional de Mariposas del género *Heliconius* me recordó justamente lo importantes que pueden ser incluso las redes de colaboración informales para empujar la investigación científica hacia delante. Durante los últimos 15 años, colaboraciones entre científicos colombianos, estadounidenses y europeos han entrenado a más de una docena de investigadores de postgrado y postdoctorales, y el conocimiento generado a partir de estas colaboraciones, mucho del cual se ha publicado en revistas de alto nivel y reconocido por la prensa internacional, ha cambiado nuestra visión sobre la especiación y adaptación y las relaciones entre éstas.

The first step is for strong local leadership, something that already exists in Colombia, to draw upon existing collaborative links to create more dynamic connections and to leverage these connections towards addressing basic scientific needs. Obviously, pushing back hard on myopic regulations is an important goal. However, these same networks create opportunities for shared infrastructure development that will ensure that the biological and cultural legacy of Colombia is preserved, while still promoting discovery-based research. One can easily imagine the implementation of a common database structure that links genetic and phenotypic data with other data types that would make specimens and the data generated from them far more valuable. These types of databases already exist, both commercially and within some organizations, so it should be relatively straightforward to adopt common standards and develop a strategy for how to better integrate across different types of data and datasets. This would be a huge step forward. Development of shared infrastructure for the adequate preservation and storage of specimens is a larger, albeit still important, undertaking; but again, plenty of expertise on how best to do this would exist within a large, focused international collaborative network.

Finally, a formal collaborative network opens up research and training opportunities that transcend international boundaries and traditional scientific sub-disciplines. Most evolutionary biologists would agree that 21st century science requires the “reintegration” of many of the sub-disciplines in biology and far better integration into biology of physicists, chemists, computer scientists, mathematicians, and engineers. An active (and proactive) international collaborative network of researchers that share a common passion would catalyze science – scientists at all academic levels could plug into existing expertise for training, new collaborations would form, and novel research directions would evolve. Of course, all of this – the new infrastructure, the new training programs, and the new science, requires funds. But again, formal international collaborative networks would be far better positioned to raise the funds than individual scientists, small research groups or even moderate to large institutions. Sometimes it takes a community.

² Investigador, Smithsonian Tropical Research Institute
Contacto: mcmillano@si.edu

Drymophila klagesi, 2009
Serranía del Perijá, Cesar
Andrés Cuervo,



Las redes futuras de colaboración en investigación se beneficiarían siendo más grandes, menos orgánicas y decididas a acercar más proactivamente a los gobiernos y legisladores a las maneras de promover el descubrimiento científico. Afortunadamente, muchos lazos ya están conectados y creo que se pueden crear estas redes sin perder la pasión que mueve a la mayoría de los científicos. De hecho, la comunidad de *Heliconius* es una de las muchas comunidades internacionales de investigación trabajando en Colombia y otros países de América Latina. El primer paso es formar liderazgo local fuerte, algo que ya existe en Colombia, aprovechando los canales de colaboración existentes para crear conexiones más dinámicas y potenciar estas conexiones para resolver necesidades de investigación básica. Obviamente, rechazar fuertemente las regulaciones que carecen de visión es un objetivo importante. Sin embargo, estas mismas redes que crearían oportunidades para el desarrollo compartido de infraestructura deben garantizar que el legado biológico y cultural de Colombia sea preservado y al mismo tiempo seguir promoviendo la investigación basada en descubrimientos. Uno puede imaginar fácilmente la implementación de una estructura de base de datos común que conecte datos genéticos y fenotípicos con otro tipo de datos que podrían hacer más valiosos a los especímenes y los datos generados a partir de ellos. Estos tipos de bases de datos ya existen, tanto comercialmente como dentro de algunas organizaciones, así que debería ser relativamente sencillo adoptar estándares comunes y desarrollar una estrategia acerca de cómo integrarla mejor a través de diferentes tipos de datos y juegos de datos. Este sería un paso enorme hacia adelante. El desarrollo de una infraestructura compartida para la adecuada preservación y almacenamiento de especímenes es una tarea mayor, no obstante es importante; pero nuevamente, mucho del conocimiento y experiencia sobre cómo hacer esto de la mejor manera existiría dentro de una red de colaboración internacional más grande y enfocada.

Finalmente, una red colaborativa formal abre oportunidades de investigación y capacitación que trascienden las fronteras internacionales y las sub-disciplinas científicas tradicionales. La mayoría de los biólogos evolutivos estarían de acuerdo con que la ciencia del siglo XXI requiere la “reintegración” de muchas de las sub-disciplinas en biología, y aún mejor, la integración de físicos, químicos, matemáticos e ingenieros dentro de la biología. Una red de colaboración internacional activa (y proactiva) de investigadores que compartan una pasión común catalizaría a la ciencia – los científicos en todos los niveles académicos podrían conectarse con la experiencia existente para capacitarse, se formarían nuevas colaboraciones y evolucionarían nuevas direcciones de investigación. Por supuesto que todo esto, la nueva infraestructura, los nuevos programas de capacitación y la nueva investigación, requiere fondos. Pero de nuevo, las redes de colaboración internacional formales estarían mucho mejor posicionadas para recaudar estos fondos que los científicos individuales, pequeños grupos de investigación e incluso instituciones medianas y grandes. A veces se necesita una comunidad.

RECONOCIMIENTOS

Natalia Pabón-Mora

Natalia fue la primera ganadora del Early Career Award de la recién creada Pan-American Society for Evolutionary Developmental Biology por sus aportes a nuestro entendimiento de la evolución y diversificación de las plantas con flores. El premio fue entregado en la reunión inaugural de la sociedad en The University of California, Berkeley en agosto. Natalia es bióloga de la Universidad Nacional de Colombia y realizó su maestría y doctorado en The City University of New York y el New York Botanical Garden. Actualmente es profesora de la Universidad de Antioquia donde dirige el grupo de investigación Evo-Devo de Plantas.



Gabriel Bedoya Berrío

Gabriel recibió el Premio Nacional al Mérito Científico 2015 categoría Vida y Obra otorgado por la Asociación Colombiana para el Avance de la Ciencia. El premio reconoce su trayectoria como investigador en el área de genética y evolución humana. Gabriel actualmente es profesor de la Universidad de Antioquia y dirige el grupo de investigación de Genética Molecular donde estudia los patrones de mezcla genética ancestral de la población latinoamericana y su efecto sobre rasgos de la población.



Foto: Juan Carlos Sierra – Revista Semana

Sergio A. Muñoz-Gómez

Sergio ganó el premio a la mejor presentación en el VII European Congress of Protistology & International Congress of Protistology (Sevilla, España) y en el XVII International Society of Endocytobiology (Berlín, Alemania) por su trabajo “The evolutionary history of MICOS reveals the pre-endosymbiotic origin of mitochondrial cristae”. Sergio es actualmente candidato a doctor en Dalhousie University, Canadá.



COLEVOL celebra estos reconocimientos y felicita a Natalia, Gabriel y Sergio quienes también son miembros del comité académico de este boletín.

V Simposio Colombiano de Biología Evolutiva

El V Simposio Colombiano de Biología Evolutiva, realizado en Armenia el 5 y 6 de agosto, premió las tres mejores presentaciones orales y los dos mejores carteles. ¡Felicitaciones a los ganadores!

Presentaciones orales

Wendy A. Valencia-Montoya, Juliana Cardona-Duque, María José Sanín-Pérez.

Polinización en Zamioidea (Cycadales) por *Pharaxonotha*: una perspectiva filogenética.

David Ocampo, C. Daniel Cadena, Gustavo A. Londoño.

Evolución de la estructura de la cáscara del huevo en aves: ¿hay evidencia de adaptación en gradientes de elevación?

Juan David Carvajal-Castro, Fernando Vargas-Salinas.

Ruido de quebradas, filtro de hábitat y estructura filogenética de ensamblajes de anuros neotropicales.



Carteles

Gloria Alejandra Rodríguez-Abauza, Juliana Patiño-Soto, José Cómbita-Ch, Felipe Moreno-Mancilla, Jeniffer Gómez-Camargo, Wilmer Gutiérrez, Joseph Vega, Hugo Cusba.

Ácaros de las flores asociados a colibríes (Acari: Mesostigmata: Melicharidae) y su efecto en la disponibilidad de néctar de *Macleania rupestris* (Kunth A.C. Smith 1935) en inmediaciones del Parque Natural Municipal Ranchería (Paipa, Boyacá).

Andrés Castillo, Romel Fabián Gómez Naranjo, Mónica Chávez.

Identificación de las especies genómicas del complejo *Acinetobacter baumannii calcoaceticus* mediante el análisis del gen del ADNr 16S.

X Congreso Neotropical de Ornitología y XXII Congreso de Ornitología Brasileiro

Más de 50 colombianos participaron en los encuentros de ornitología celebrados este año en Manaus, Brasil, entre el 19 y el 24 de julio. Los trabajos de estudiantes colombianos recibieron cuatro de los cinco premios otorgados a las mejores presentaciones. ¡Felicitaciones a todos ellos!



Valentina Gómez-Bahamón

Aerodynamic efficiency of wing morphology in the partially migratory Forked-Tailed Flycatcher (*Tyrannus savanna*).

Camila Gómez

Evolution of climatic niches in new-world warblers (Parulidae).

David Ocampo

Evolution of avian eggshell structure: evidence for adaptation across elevation gradients?

Jennifer Muñoz

Mixed species bird flocks: a key to understand tropical bird communities.

EVOLUTION 2015

David Ocampo ganó con su tesis de maestría el Ruth Patrick Student Poster Award otorgado por *The American Society of Naturalists* al mejor cartel presentado en la reunión anual conjunta de esta sociedad, *The Society for the Study of Evolution* y *The Society of Systematic Biologists*, celebrada en Guarujá, Brasil, en junio de 2015.

INVESTIGAR EN COLOMBIA

Investigar por fuera de la universidad

Juan Sebastián Escobar ³

La investigación científica por fuera de la universidad es todavía un ave rara en nuestro país. Aquí la investigación es poca y se hace principalmente en el puñado de universidades que cuentan con el nivel académico y la infraestructura para hacerla. Sin embargo, para responder a los grandes desafíos de nuestro tiempo (e.g. desarrollo sostenible, cambio climático, agua limpia, salud [a]), es deseable que actores adicionales a la universidad construyan conocimiento.

Hacer investigación por fuera de la universidad exige, de un lado, vencer barreras *naturales* de los investigadores, incluyendo responder a la fastidiosa pregunta: ¿para qué sirve mi investigación? La respuesta es aún más difícil cuando no se tiene formación en temas médicos o sociales sino en otros menos cercanos al público, digamos evolución, astronomía o física cuántica. De otro lado, se requieren altas dosis de convencimiento y visión de largo plazo para que un ente no-universitario le apueste a la generación de conocimiento, con el nivel de incertidumbre que ésta trae y los elevados costos en los que se incurre.

En un país como Colombia, donde la apuesta estatal por la investigación es limitada (< 1 % del PIB [b]), donde la institución encargada de fomentar el avance científico asfixia a los investigadores con innumerables formularios kafkianos, y donde las universidades públicas cuentan cada vez con menos recursos, la apuesta del sector empresarial por crear centros de investigación científica es bastante atractiva. Atractiva no sólo porque estos centros pueden acceder a recursos mucho mayores a los de cualquier universidad, sino porque el conocimiento producido puede tener aplicación inmediata. Así mismo, cuando en estos centros hay claridad misional y sostenibilidad económica, se consiguen realizar apuestas de investigación de largo aliento que no se ven forzadas a ir al vaivén de las convocatorias estatales. Uno de estas iniciativas es Vidarium, el Centro de Investigación en Nutrición, Salud y Bienestar del Grupo Empresarial Nutresa en Medellín. Finalmente, hacer ciencia en un centro de este tipo permite a los investigadores interactuar tanto con el sector académico como empresarial, vinculando estos dos mundos que tantas veces dialogan sin comprenderse.

Facilitar que otros actores participen en la investigación científica permite, en última instancia, universalizar el conocimiento, impulsar el crecimiento del país y su competitividad. Si en realidad queremos un país desarrollado, pujante, equitativo y justo, debemos dejar a un lado las restricciones que impiden que más actores contribuyan al Sistema Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación, así como desprendernos de las dicotomías investigación universitaria-industrial, ciencia básica-

aplicada. La principal restricción, sin lugar a dudas, es mental.

³ Investigador, Centro de Investigación Vidarium.
Contacto: [jsescobar \(at\) serviciosnutresa.com](mailto:jsescobar@serviciosnutresa.com)

[a] <http://www.millennium-project.org/millennium/challeng.html>

[b] http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-07642011000300001

¿Podría Charles Darwin enseñar evolución en una universidad pública colombiana?

Carlos Jaramillo ⁴

Hace unos meses una universidad pública colombiana ofreció la siguiente posición profesoral:

Area de Desempeño: Evolución. Requisitos principales: poseer conocimientos básicos en evolución y avanzados en 1) procesos micro y macro evolutivos, 2) patrones de cambio evolutivo a nivel de poblaciones / especies / comunidades y ecosistemas, 3) evaluación de procesos y patrones evolutivos y 4) manejo de metodologías actuales en el análisis del cambio evolutivo.

Un científico colombiano que ha colaborado con nuestro grupo por varios años se presentó a la convocatoria. Él estudió geología en su pregrado y en su PhD investigó temas evolutivos. Actualmente está terminando un postdoctorado en el exterior y tiene 15 publicaciones en revistas internacionales indexadas, incluyendo Nature y Journal of Vertebrate Paleontology. Cuál sería su sorpresa cuando no pasó ni la primera ronda de la convocatoria. Cuando consultó sobre el motivo de su descalificación, recibió la siguiente respuesta: “el perfil de Evolución definido por la Escuela de Biología estableció como requisito poseer título de pregrado como biólogo. Según esto, la escuela requiere un biólogo de formación [sic]”.

Esta respuesta, que él compartió conmigo, me causó una enorme sorpresa. No sobra recordar que Charles Darwin, George Gaylord Simpson, Stephen Jay Gould y Thomas van der Hammen, entre muchos otros, estudiaron geología en el pregrado. Es decir, ninguno de ellos hubiese estado calificado para enseñar evolución en dicha universidad.

¿Será que esta multidisciplinariedad para estudiar evolución sea una moda del pasado y hoy en día solo los que han estudiado biología en su pregrado pueden investigar y enseñar sobre evolución? Para resolver esta inquietud consulté el perfil de los profesores actuales de los departamentos de evolución de las universidades de Yale, Harvard y Princeton (ver tabla). En estas universidades la interdisciplinariedad aún continúa. En la

actualidad, el 48 % de los profesores de esos departamentos tienen estudios universitarios diferentes a biología, desde matemáticos, psicólogos, economistas, hasta geólogos.

Es preocupante que en alguna de nuestras universidades, y más siendo públicas, se tenga una apreciación tan estrecha sobre el concepto de evolución y su estudio. Este es un tema muy amplio y complejo que requiere un gran número de herramientas y puntos de vista para lograr ser entendida: desde el nivel atómico

y cómo los enlaces químicos del ADN se crean y destruyen, hasta el nivel macro y cómo se creó el universo, nuestro planeta y la vida que contiene.

Esta historia tiene un final feliz para nuestro colega pero triste para Colombia. Le fue ofrecida una plaza profesoral en otro país (para enseñar evolución entre otras), la cual aceptó, y Colombia, la universidad pública y nuestros jóvenes estudiantes perdieron a un gran profesor e investigador.

Estudios de los profesores de los departamentos de Evolución de las Universidades de Harvard, Yale y Princeton

Biología	25	Biología molecular	1
Ciencias biológicas	14	Psicología	1
Zoología	7	Botánica y estudios religiosos	1
Matemáticas	4	Biología integrativa	1
Física	2	Biología y asuntos de género	1
Bioquímica	2	Ingeniería	1
Biología y matemáticas	2	Ciencias de la vida y bioquímica	1
Geología	2	Paleontología	1
Botánica y patología de plantas	1	Economía	1
Vida silvestre	1	Biología marina	1
Ecología, evolución y ciencias ambientales	1	Biología molecular y bioquímica	1
Zoología y ecología aplicada	1	Neurociencias	1
Ecología y biología evolutiva	1		

⁴ Investigador, Smithsonian Tropical Research Institute
 Contacto: jaramilloc (at) si.edu



Coccinellidae, 2015
 Leticia, Amazonas
 Juan Ignacio Muñoz

DESARROLLOS COMPUTACIONALES

P2C2M

P2C2M es un paquete de R desarrollado para poner a prueba las probabilidades posteriores de los modelos coalescentes en árboles de genes y árboles de especies generados por BEAST. En estos análisis, el modelo asume que las genealogías de genes individuales son independientes e idénticamente distribuidas en un proceso coalescente estocástico dentro de un árbol de especies. Adicionalmente, asume que todas las especies son poblaciones panmícticas y que los individuos muestreados han sido asignados a las especies correctas. Este no es siempre el caso debido a procesos como la migración, selección, duplicación génica y extinción, así como estructura de las poblaciones y errores de identificación. Cuando estos procesos están presentes y no son modelados, la inferencia filogenética

puede ser errónea. De esta manera, el paquete permite identificar, por medio de simulación de las probabilidades posteriores, los casos en los que procesos diferentes a la variación aleatoria están influenciando la inferencia filogenética. Esto le permite a los usuarios de BEAST determinar en qué casos las estimaciones filogenéticas pueden ser erróneas y tomar decisiones que permitan tener en cuenta procesos biológicos no considerados previamente.

Gruenstaeudl M, Reid NM, Wheeler GR, Carstens BC. 2015. Posterior predictive checks of coalescent models: P2C2M, an R package. Molecular Ecology Resources. DOI: 10.1111/1755-0998.12435

BUCKy

BUCKy presenta otra aproximación para abordar el problema de la posible falta de concordancia entre árboles de genes en la estimación del árbol de especies. Este programa estima la historia dominante de individuos muestreados y qué cantidad del genoma soporta cada relación utilizando análisis de concordancia bayesiana. BUCKy no asume que todos los genes tienen la misma topología. En cambio, el programa detecta grupos de genes conformando topologías similares (al tiempo que

tiene en cuenta la incertidumbre en las estimaciones de los árboles de genes) y luego los combina para incrementar la resolución de del árbol común.

Ané C, Larget B, Baum DA, Smith SD, Rokas A. 2007. Bayesian estimation of concordance among gene trees. Molecular Biology and Evolution. DOI: 10.1093/molbev/msl170.



Henicorhina leucophrys manastarae, 2008
Serranía del Perijá, Cesar
Andrés Cuervo

COMENTARIO CIENTÍFICO

Conservación de la biodiversidad en Colombia: acción y reversión de los procesos de extracción

Iván Darío Soto-Calderón ⁵

Constantemente en los medios de comunicación e incluso en el material académico y científico se enfatiza con orgullo sobre la gran biodiversidad existente en Colombia. Se habla por ejemplo del alto número de especies, niveles de endemismo y *hotspots* de biodiversidad en un amplísimo número de grupos taxonómicos.

Pero la verdad es que más allá de estadísticas generales, la gran generosidad de la naturaleza con nuestra región contrasta con el alto nivel de desconocimiento de dicha biodiversidad en los niveles más básicos, y lo que es tanto o más grave, la rápida pérdida de dichos recursos. Incluso en grupos altamente carismáticos como los mamíferos existen grandes vacíos en aspectos tan fundamentales como la delimitación de especies y la definición de áreas de distribución de éstas, mientras que al mismo tiempo se extrae y se comercializa indiscriminadamente dicha fauna.

De acuerdo a las escasas estadísticas oficiales existentes, algunos grupos de aves (Psittacidae), reptiles (Iguanidae, Alligatoridae y Cheloniidae), primates (Cebidae y Callitrichidae) y roedores (Agoutidae e Hydrochaeridae) son particularmente víctimas de tráfico en Colombia, sin mencionar la extracción de especies vegetales maderables como el comino, el abarco y la caoba entre otras (Gómez-Cely 2006, Cárdenas y Salinas 2006). Todo parece obedecer a una problemática multinivel de la sociedad que involucra elementos culturales y económicos. Una consecuencia natural del tráfico es la gran cantidad de fauna incautada o entregada de manera voluntaria que se encuentra en los centros de atención y valoración, los cuales se ven en la necesidad de realizar la liberación de animales teniendo muy pocos o ningún elemento técnico que les permita orientar dichas liberaciones.

De ello se derivan una serie de interrogantes para los cuales muy pocas respuestas existen en términos reales y que dependen de cada caso particular. Algunas de estas preguntas pueden ser de tipo ecológico o comportamental: ¿Llegan las liberaciones a sobrecargar a las poblaciones y aumentar la mortalidad? ¿Pueden perturbar la estructura y jerarquía establecida en el caso de especies sociales? Pero también surgen inquietudes sobre los procesos evolutivos de las poblaciones: ¿Cómo se afecta la estructura filogeográfica de las poblaciones al introducir animales de origen desconocido o diferente al de las poblaciones de destino? ¿Existen procesos de adaptación local que limiten el *fitness* de especímenes traslocados? ¿Pueden estar facilitándose procesos de hibridación inadvertida? ¿En casos de hibridación se ve disminuido (depresión por exogamia) o aumentado el *fitness* de los híbridos (vigor híbrido)? Dichas preguntas pueden resultar difíciles de responder. Por tanto, acciones conservativas dirigidas al rastreo de la región de origen de animales en cautiverio es crítico

para reducir o incluso revertir el impacto de los procesos de extracción ilegal mediante la liberación de especímenes en las mismas regiones de donde han sido extraídos.

En la práctica existen innumerables evidencias de hibridación natural o antrópica en especies blanco del tráfico ilegal. Dicho fenómeno puede ser particularmente común en el caso de los primates en los cuales las barreras reproductivas entre especies relacionadas suelen ser frecuentemente incompletas (Jaquish 1994, Zinner et al. 2011, Cortés-Ortiz et al. 2015).

A pesar de los grandes avances metodológicos para la generación de datos de manera masiva y la disponibilidad de herramientas de análisis cada vez más robustas, resulta sorprendente el profundo desfase entre la capacidad de obtener información y la generación de ésta. En dicho bache reside la necesidad de propender por la implementación de metodologías rutinarias lo más rápidas, sencillas y económicas posible que arrojen información crítica sobre las poblaciones y que permitan orientar acciones de liberación. La gran disponibilidad de secuencias genéticas mitocondriales, alto nivel de polimorfismo y relativa facilidad de amplificación mediante PCR estándar ha permitido realizar aproximaciones útiles en este sentido, como en el caso de chimpancés, elefantes y más recientemente gorilas (Wasser et al. 2007, Ghobrial et al. 2010, Soto-Calderón et al. 2015), lo cual ha permitido además identificar centros de extracción de fauna para fines de control legal. La gran biodiversidad existente en Colombia conlleva entonces a una gran responsabilidad donde el conocimiento de los factores biológicos relacionados con su evolución y estado actual se conjugan con la necesidad de acciones legales y de manejo apoyados en dicho conocimiento.

⁵ Profesor, Universidad de Antioquia.

Contacto: ivandariosoto@hotmail.com

Cárdenas D, Salinas N. 2006. Libro rojo de las plantas de Colombia. Especies maderables Amenazadas. Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas.

Cortés-Ortiz L, Rylands AB, Mittermeier RA. 2014. The taxonomy of Howler Monkeys: integrating old and new knowledge from morphological and genetic studies. En: Kowalewski M, Garber P, Cortés-Ortiz L, Urbani B, Youlatos D (eds). Howler Monkeys: adaptive radiation, systematics, and morphology. Springer.

Ghobrial L, Lankester F, Kiyang JA, Akih AE, de Vries S, Fotso R, Gadsby EL, Jenkins Jr PD, Gonder MK. 2010. Tracing the origins of rescued chimpanzees reveals widespread chimpanzee hunting in Cameroon. BMC Ecology. DOI: 10.1186/1472-6785-10-2

Gómez-Cely M. 2006. Estadísticas del uso ilegal de fauna silvestre en Colombia. Ministerio del Medio Ambiente de Colombia.

Jaquish CE. 1994. Evidence of hybrid vigor in subspecific hybrids of the Saddle-back Tamarin (*Saguinus fuscicollis*). American Journal of Primatology. DOI: 10.1002/ajp.1350330402

Soto-Calderón ID, Dew JL, Bergl RA, Jensen-Seaman MI, Anthony NM. 2015. Admixture between historically

isolated mitochondrial lineages in captive Western Gorillas: recommendations for future management. Journal of Heredity. DOI: 10.1093/jhered/esv006
Wasser SK, Mailand C, Booth R, Mutayoba B, Kisamo E, Clark B Stephens M. 2007. Using DNA to track the origin of the largest ivory seizure since the 1989 trade ban. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.0609714104

Zinner D, Arnold ML, Roos C. 2011. The strange blood: natural hybridization in primates. Evolutionary Anthropology. DOI: 10.1002/evan.20301

Tamandua tetradactyla, 2014
Villavicencio, Meta
Juan David Andrade Niño



INVESTIGACIONES COLOMBIANAS

Evidencia morfológica y comportamental de mimetismo batesiano en polluelos de un ave amazónica

Santiago David ⁶ & Gustavo A. Londoño ⁷

Algunos animales evitan la depredación al asemejarse en coloración o comportamiento a otras especies desagradables, tóxicas o no comestibles, un fenómeno conocido como mimetismo batesiano. Este tipo de mimetismo está muy bien documentado y es común en insectos, pero es raro en vertebrados. El estudio de Londoño et al. (2015) sugiere por primera vez este tipo de mimetismo en aves.

Este estudio aporta evidencia de un posible caso de mimetismo batesiano en polluelos de *Laniocera hypopyrra*, en el sureste peruano. Por medio del uso de sensores de temperatura, cámaras trampa y videos, se registró el comportamiento de incubación y alimentación en un nido de *L. hypopyrra*. El periodo de desarrollo de los polluelos fue relativamente largo (20 días; los valores en la región van de 10 a 21 días) con baja frecuencia de alimentación, una por hora. Al nacer, los polluelos de esta especie presentan una coloración distintiva, es naranja brillante con las puntas de las plumas blancas, muy diferente a la de los adultos (gris) y única entre los polluelos de más de 120 especies estudiadas en la zona. El polluelo también exhibió comportamientos atípicos, como los movimientos de cabeza (similares a una oruga) y la ausencia de reclamos para solicitar alimento a los adultos. Tanto en apariencia como en comportamiento, el polluelo de esta especie se asemeja a orugas con coloración aposemática y pelos irritantes, que están presentes en la zona de estudio y pertenecientes a la familia Megalopygidae.

Estas características podrían haber evolucionado como resultado de la combinación entre el largo periodo como polluelos de la especie y las altas tasas de depredación de nidos en la zona, las cuales llevarían a que los polluelos sean vistos como una presa potencialmente tóxica por los depredadores. Debido a las altas tasas de depredación de nidos de aves observadas en el neotrópico (~80%), se espera que la selección natural favorezca estrategias que reduzcan la probabilidad de depredación de huevos o polluelos, y el mimetismo batesiano podría ser una de estas estrategias. Aunque las evidencias soportan la hipótesis de mimetismo batesiano, no se pueden descartar otras hipótesis, como que la coloración del polluelo haya evolucionado como un mecanismo de camuflaje con los materiales del nido o imitando frutos cubiertos por hongos.

Este estudio provee evidencias de una estrategia de anidación novedosa nunca antes reportada en aves, la cual le permitiría incrementar el éxito reproductivo en áreas con altas tasas de depredación de nidos.

⁶ Estudiante de maestría, University of British Columbia.

Contacto: sdrrock (at) gmail.com

⁷ Profesor, Universidad ICESI.

Londoño GA, García DA, Sanchez-Martinez MA. 2015. Morphological and behavioral evidence of Batesian Mimicry in nestlings of a lowland amazonian bird. The American Naturalist. DOI: 10.1086/679106



Laniocera hypopyrra, 2012
Madre de Dios, Perú
Santiago David Rivera

INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

La división tripartita de la palabra evolución

Sergio A. Muñoz-Gómez ⁸

Por fuera de la comunidad académica, y especialmente por parte de los creacionistas, la evolución es a veces tratada peyorativamente como 'simplemente una teoría'. Sin embargo, referirse a la evolución de tal forma refleja un gran desconocimiento de la biología y de la naturaleza de la ciencia como tal. Coloquialmente la palabra teoría es entendida como una simple conjetura, una sospecha o una hipótesis. En el ámbito científico, por otro lado, una teoría hace referencia a un conjunto de enunciados interconectados (que puede incluir hipótesis, hechos y leyes) que explican un fenómeno natural.

La evolución entendida como el cambio de las especies en el tiempo y la ancestría común entre ellas, es un **hecho** incontrovertible. Múltiples líneas de evidencia, incluyendo el registro fósil, las distribuciones biogeográficas de las especies, los patrones de distribución de caracteres, la selección artificial, observaciones directas en campo y laboratorio, la similitud en las secuencias de ADN, etc., hacen de la evolución un hecho histórico cuya realidad no es puesta en duda por ninguna persona cuerda. Pero la evolución también en una teoría **científica**. Los biólogos, desde antes de Darwin (por ejemplo, Jean Baptiste de Lamarck, Erasmus Darwin, Geoffroy Saint-Hilaire, etc.), han tratado de explicar el cómo y el por qué del cambio de las especies. La teoría de la evolución explica las causas y los mecanismos del proceso evolutivo (el hecho).

Finalmente, la evolución también es una trayectoria. La trayectoria de la evolución es la historia que la vida siguió en nuestro planeta desde sus orígenes. Muchos debates en la biología evolutiva moderna tienen que ver con este tercer aspecto de la evolución. Discusiones alrededor de preguntas como: ¿cómo están relacionados los principales grupos en el árbol de la vida?, ¿a partir de qué grupo de procariontes (células sin núcleo) se originaron los eucariotes (células nucleadas)? o ¿qué estimuló la diversificación súbita de los principales linajes de algas durante Mesozoico temprano? Tienen que ver con la historia de la vida en la Tierra, y no afectan a la evolución como hecho ni como teoría.

Para terminar, la siguiente analogía ilustra mejor la división tripartita de la palabra evolución. El astromóvil Curiosity de la NASA es enviado a Marte desde la Tierra. Aquí podemos distinguir (1) la realidad de que el Curiosity llegó a Marte en vez de haber sido creado en Marte (el hecho), (2) la forma en que el Curiosity fue propulsado o transportado (la teoría), y (3) la ruta que el Curiosity siguió, es decir, si viajó en círculos o en línea directa (la trayectoria). Estos tres aspectos están relacionados, aunque son independientes uno del otro. La enseñanza de la evolución y su discusión en entornos no científicos es enriquecida cuando esta división tripartita es invocada.



Dendropsophus labialis, 2014
Tunja, Boyacá
Juliana Soto Patiño

⁸ Candidato PhD, Dalhousie University
Contacto: sergio.munoz@dal.ca

BIODIVERSIDAD

Lepanthes paramosolensis



Lepanthes paramosolensis, 2013
Urrao, Antioquia
Esteban Domínguez

Lepanthes es un género de orquídeas que habita desde México hasta Bolivia, incluyendo algunas islas del Caribe. Es el segundo género más diverso de la subtribu *Pleurothallidinae*: 700 especies, 303 de ellas en Colombia. *L. paramosolensis* fue descubierta en la Cordillera Occidental antioqueña, concretamente en el Páramo del sol; de ahí su epíteto específico: *paramosolensis*. Ha sido hallada en diferentes localidades en la zona de subpáramo. Crece sobre el suelo o como epífita. Es muy similar a *L. decurva*, diferenciándose de ésta por la forma de las brácteas, la pubescencia de los pétalos y la posición del labelo y de su apéndice. Se espera descubrir muchas especies más de este género en los próximos años, sobre todo en la región andina, su centro de mayor diversidad.

Vieira Uribe S, Larsen B. 2014. *Lepanthes paramosolensis* (Orchidaceae: Pleurothallidinae), una nueva especie endémica de Colombia. Orquideología.

Scytalopus perijanus

S. perijanus es una nueva especie de ave rinocriptida (tapaculos) que difiere de otras del género *Scytalopus* en rasgos genéticos, morfológicos, canto y distribución. Se encuentra restringida a la Serranía del Perijá entre Colombia y Venezuela, de ahí su epíteto específico: *perijanus*. Se distribuye entre los 1600 y 3500 msnm en el bosque montano alto y páramo. Su descubrimiento resalta una vez más la importancia de las colecciones biológicas, pues entre 1941 y 1942 se recolectaron 27 especímenes, algunos de ellos reportados erróneamente como *Scytalopus atratus nigricans* y otras especies del grupo *latebricola* y *griseicollis*, que fueron luego útiles para describir esta nueva especie, en conjunto con una serie de especímenes nuevos con datos vocales, genéticos y morfológicos. Así, muchos otros enigmas taxonómicos esperan entre armarios para ser resueltos.

Avendaño JE, Cuervo AM, López-O JP, Gutiérrez-Pinto N, Cortés-Diago A, Cadena CD. 2015. A new species of tapaculo (Rhinocryptidae: *Scytalopus*) from the Serranía de Perijá of Colombia and Venezuela. The Auk. DOI: 10.1642/AUK-14-166.1



Scytalopus perijanus, 2008
Serranía Perijá, Cesar
Andrés Cuervo

Oxypogon cyanolaemus



Oxypogon cyanolaemus
Sierra Nevada de Santa Marta
Foto: Carlos Julio Rojas – Fundación ProAves

O. cyanolaemus es una especie de colibrí endémica de Colombia que habita las tierras altas de la Sierra Nevada de Santa Marta. Se conoce solo a partir de 62 especímenes de museo recolectados durante las primeras décadas del siglo XX, el último de ellos en 1946. Está críticamente amenazado, al punto de considerarse por algún tiempo como probablemente extinto. Fue avistado recientemente en la zona de páramo de la Sierra Nevada de Santa Marta. Se registró también su preferencia de percha por el frailejón (*Libanothamnus occultus*). Son necesarias acciones de conservación inmediatas para proteger el hábitat de este colibrí, pues está amenazado por incendios forestales provocados por sus pobladores para extender la frontera agrícola.

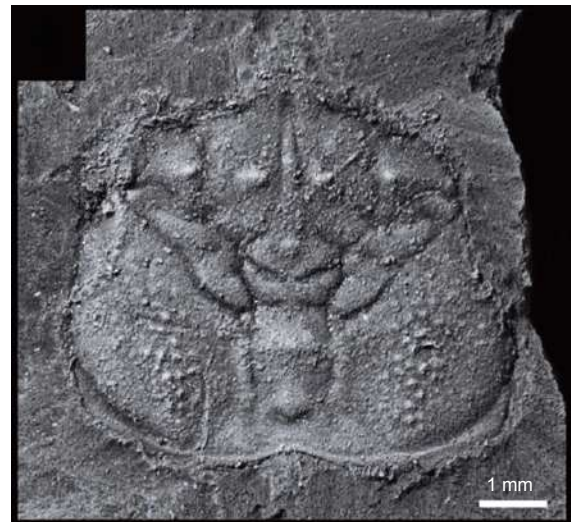
Rojas CJ, Vásquez C. 2015. Rediscovery of the Blue-bearded Helmetcrest (*Oxypogon cyanolaemus*), a hummingbird lost for almost 70 years. *Conservación Colombiana*.

Telamonocarcinus antiquus

Los cangrejos verdaderos exhiben una sorprendente diversidad de planes corporales actualmente. Mientras sus fósiles del cretácico y cenozoico tardío son bien conocidos en todo el mundo, poco se sabe sobre su historia durante el cretácico temprano: solo se conocían dos familias de Norte y Centro América. El descubrimiento de *Telamonocarcinus antiquus* (Telamonocarcinidae) cerca del municipio de la Fuente (Santander, Colombia), además de incrementar el número de familias, es el registro más antiguo a nivel mundial (~110 millones de años) de este grupo.

Este descubrimiento señala que los cangrejos verdaderos más antiguos podrían tener su origen en América y que el cretácico temprano fue una época de rápida evolución para el origen y diversificación de los cangrejos.

Luque J. 2014. The oldest higher true crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura): insights from the Early Cretaceous of the Americas. *Palaeontology*. DOI: 10.1111/pala.12135



Telamonocarcinus antiquus, 2014
Esteromicroscopia con revestimiento de cloruro de amotino



Iguana iguana, 2015
Medellín, Antioquia
Juan David Andrade Niño

EVENTOS CIENTÍFICOS

VII International Conference on Evolutionary Computation Theory and Applications

Fecha: 12-14 de noviembre
Lugar: Lisboa, Portugal
Enlace: <http://www.ecta.ijcci.org/>

V Scientific Conference on Andean Orchids

Lugar: Cali, Colombia
Fecha: 19-21 de noviembre
Enlace: <http://andeanorchidconference.org/>

Curso Paleología del Cuaternario

Fecha: 23 de noviembre – 4 de diciembre
Lugar: San Rafael, Argentina
Enlace: <http://www.uni-goettingen.de/de/413062.html>

The Plant and Animal Genome XXIV Conference

Fecha: 9-13 de enero de 2016
Lugar: San Diego, EUA
Enlace: <http://www.intlpag.org/>

V Meeting of the Network for Neotropical Biogeography

Fecha: 14-15 de enero de 2016
Lugar: Santiago, Chile
Enlace: <http://paleoecologia.cl/nnb5/>

European Conference of Tropical Ecology

Fecha: 23-26 de febrero de 2016
Lugar: Göttingen, Alemania
Enlace: <http://www.gtoe-conference.de/index.php?cat=conferenceposter>

International Biogeography Society Special Meeting 2016

Fecha: 4-8 de mayo de 2016
Lugar: Pekín, China
Enlace: <http://www.ibs2016-china.org/en/>

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Quinto-Sánchez M, Adhikari K, Acuña-Alonzo V et al. 2015. Facial asymmetry and genetic ancestry in Latin American admixed populations. American Journal of Physical Anthropology. DOI: 10.1002/ajpa.22688

Las asimetrías fluctuante (AF) y direccional (AD) son variaciones morfológicas utilizadas para inferir factores genéticos y ambientales que afectan fenotipos faciales. Quinto-Sánchez y colaboradores utilizaron la asociación entre la ancestría genética y la asimetría de individuos en una población mezclada latinoamericana. Tomaron medidas de atributos faciales en 3D a 4.104 voluntarios entre los 18 y 85 años y se estimó la ancestría genética usando 730.000 marcadores en todo el genoma. Los resultados sugieren que hay patrones específicos de asimetrías faciales asociados a la ancestría genética. Los individuos heterocigotos presentan niveles más bajos de asimetría.

Adhikari K, Reales G, Smith AJ et al. 2015. A genome-wide association study identifies multiple loci for variation in human ear morphology. Nature Communications. DOI: 10.1038/ncomms8500

Adhikari y colaboradores estudiaron la asociación entre la morfología del pabellón auricular y datos genéticos en más de 5.000 latinoamericanos. Encontraron siete regiones que afectan el tamaño del lóbulo y el apego, plegado de antihélix, hélice de rodadura, saliente de la oreja y tamaño antitrago. Cuatro rasgos están asociados con una variante funcional en la ectodisplasia, un regulador clave del desarrollo embrionario. También confirmaron su expresión en el desarrollo de la oreja en ratones y probaron que su deficiencia produce un pabellón de forma anormal.

Evolución del comportamiento

Ribeiro RD, McCormack JE, Álvarez HG, Carrasco L, Grether GF, Mena-Olmedo P, Sedano R, Smith TB, Karubian J. 2015. Loss of sexual dimorphism is associated with loss of lekking behavior in the green manakin *Xenopipo holochora*. Journal of Avian Biology. DOI: 10.1111/jav.00545

Este trabajo estudia la relación entre el dimorfismo sexual y el sistema de apareamiento en aves a través de la reconstrucción ancestral de caracteres en el nivel intraespecífico de la especie *Xenopipo holochora* (Pipridae). Aquí se confirma que esta especie es sexualmente monomórfica tanto en plumaje como en tamaño, y prueba la predicción de que el monomorfismo sexual está asociado a la pérdida del sistema de apareamiento en 'arena' (trad. 'Lekking Breeding'). Específicamente, los machos presentan escaso o nulo dimorfismo sexual y no forman 'arenas' ni exhiben despliegues sexuales elaborados; no hay formación de vínculos estables entre machos y hembras; y éstas por sí solas proveen de todo el cuidado parental. Este hallazgo es consistente con la idea de que cambios en el comportamiento de apareamiento pueden haber causado cambios morfológicos al interior de la familia Pipridae.

Ecología evolutiva

Quintero I, González-Caro S, Zalamea PC, Cadena CD. 2014. Asynchrony of seasons: genetic differentiation associated with geographic variation in climatic seasonality and reproductive phenology. The American Naturalist. DOI: 10.1086/677261

Muchos organismos exhiben diferentes temporadas de crianza según la disponibilidad alimenticia. Si poblaciones emparentadas habitan áreas que experimentan distintos ciclos en la disponibilidad del recurso y éstos son estimulados por la variación en los regímenes de precipitación, existirá una barrera temporal para el flujo génico. Quintero y colaboradores probaron si los individuos que vivían en áreas con regímenes de precipitación asincrónicos estaban más diferenciados genéticamente que aquellos que habitaban áreas con regímenes de precipitación similares. Encontraron que existe una relación positiva entre la asincronía en la precipitación y la variación genética, sugiriendo que las condiciones climáticas actuales son importantes en la diferenciación entre poblaciones y a largo plazo pueden llevar a divergencia evolutiva.

Baack E, Melo MC, Rieseberg LH, Ortiz-Barrientos D. 2015. The origin of reproductive isolation in plants. New Phytologist. DOI: 10.1111/nph.13424

El origen del aislamiento reproductivo es poco conocido y particularmente para las plantas, en las cuales la poliploidía es frecuente y exhiben gran diversidad de estrategias reproductivas. Baack y colaboradores revisan la evidencia empírica publicada sobre las barreras pre-polinización y post-polinización en plantas. Las barreras pre-polinización, relacionadas con la adaptación a diferentes ambientes y la interacción con polinizadores, son generalmente más fuertes que las post-polinización, como la esterilidad de los híbridos o los rearrreglos cromosómicos. Investigaciones futuras deben responder el orden en que aparecen las barreras, las condiciones en que la arquitectura genética del aislamiento predice patrones de divergencia genómica, la ecología en el aislamiento postcigótico y el papel de la contingencia, la selección natural y sexual y el reforzamiento.

EvoDevo

Buitrago-Delgado E, Nordin K, Rao A, Geary L, LaBonne C. 2015. Shared regulatory programs suggest retention of blastula-stage potential in neural crest cells. Science. DOI: 10.1126/science.aaa3655

Las células de la cresta neural, únicas en vertebrados, surgen en el ectodermo pero pueden generar células mesodérmicas. Buitrago-Delgado y colaboradores demostraron que en *Xenopus* los factores reguladores de la cresta neural también se expresan en células de la blástula y promueven la pluripotencia en ambos tipos de células. Sugiere que las células de la cresta neural han evolucionado como consecuencia de un subconjunto de células de la blástula de la red reguladora pluripotencial subyacente.

Evolución molecular

Brand P, Ramírez SR, Leese F, Quezada-Euan JGG, Tollrian R, Eltz T. 2015. Rapid evolution of chemosensory receptor genes in a pair of sibling species of orchid bees (Apidae: Euglossini). *BMC Evolutionary Biology*. DOI: 10.1186/s12862-015-0451-9

Euglossa dilemma y *E. viridissima* son dos especies hermanas que divergieron hace ~0.15-0.11 millones de años. Los machos de las abejas de las orquídeas no producen metabólicamente feromonas de apareamiento, pero en cambio recogen olores en bolsas que tienen en sus patas traseras. Para esto son fundamentales varias familias de proteínas implicadas en la recepción de olores. Estos receptores juegan un papel importante en la divergencia química, comportamental y fisiológica entre estas dos especies. Brand y colaboradores analizaron el transcriptoma de las antenas y encontraron que solo 13% de los transcritos mostraban diferencias no sinónimas, la mayoría implicados en la recepción de olores. Esto sugiere que la divergencia molecular de estas proteínas jugó un papel importante en la divergencia de estas especies.

Genética evolutiva

Pardo-Díaz C, Salazar C, Jiggins CD. 2015. Towards the identification of the loci of adaptive evolution. *Methods in Ecology and Evolution*. DOI: 10.1111/2041-210X.12324

Entender cómo surge y se mantiene la diversidad en la naturaleza es uno de los objetivos principales de la biología evolutiva. Actualmente, la investigación se centra en identificar los genes responsables de los fenotipos adaptativos. Sin embargo, resulta difícil establecer la conexión directa genotipo-fenotipo por factores como la demografía, epistasia y pleiotropía. Para lograr identificar los genes detrás de los fenotipos adaptativos es necesario: 1) corroborar que el rasgo afecte el éxito reproductivo en condiciones naturales, 2) definir las regiones genómicas relacionadas con la variación del rasgo adaptativo, 3) analizar patrones de expresión genética para definir la base regulatoria del rasgo y 4) realizar experimentos funcionales que confirmen que el gen (o mutación) es responsable del fenotipo observado.

Sánchez AP, Pardo-Díaz C, Enciso-Romero J, Muñoz A, Jiggins CD, Linares M, Salazar C. 2015. An introgressed wing pattern acts as a mating cue. *Evolution*. DOI: 10.1111/evo.12679

Algunas subespecies de la mariposa *Heliconius timareta* han adquirido un patrón de coloración rojo en sus alas a través de introgresión adaptativa con *H. melpomene*. Sánchez y colaboradores evaluaron si hay aislamiento reproductivo entre *H. t. florencia*, la cual tiene el patrón de coloración introgresivo, y una nueva subespecie de *H. timareta* de los Andes orientales. Sus experimentos de selección de pareja basados en la discriminación del patrón de coloración señalaron que hay emparejamiento selectivo incipiente en estas dos subespecies. Este trabajo refleja el potencial de la introgresión adaptativa para promover y facilitar la especiación.

Morfología y fisiología evolutiva

Gomez CE, Muehlehner N, Paul VJ, Ritson-Williams R, Langdon C, Sanchez JA. 2014. Responses of the tropical gorgonian coral *Eunicea fusca* to ocean acidification conditions. *Coral Reefs*. DOI: 10.1007/s00338-014-1241-3

La acidificación del océano puede tener repercusiones negativas desde el nivel de los organismos hasta el nivel de los ecosistemas. Los octocorales depositan calcita con alto contenido de magnesio en sus esqueletos y podrían ser susceptibles al agotamiento de los iones de carbonato. Gómez y colaboradores encontraron una relación significativa negativa entre la calcificación del coral gorgonias *Eunicea fuscas* y la concentración de CO₂. Estos resultados destacan la sensibilidad de *E. fuscas* a elevados niveles de CO₂, pero también sugiere que esta especie podría sobrevivir en las condiciones de acidificación oceánicas a mediano plazo esperadas para finales de este siglo. Se espera que los corales gorgonias se diversifiquen y prosperen en el Pacífico Atlántico-oriental, generando un cambio en las comunidades de arrecifes de coral de un dominio de corales escleractinios a octocorales blandos en un escenario de emisiones de CO₂.

Paleontología evolutiva

Martínez C, Carvalho MR, Madriñán S, Jaramillo CA. 2015. A Late Cretaceous *Piper* (Piperaceae) from Colombia and diversification patterns for the genus. *American Journal of Botany*. DOI: 10.3732/ajb.1400427

Martínez y colaboradores compararon la morfología de hojas fósiles del Cretácico superior y hojas recientes de la familia Piperaceae, estableciendo las afinidades filogenéticas de una nueva forma fósil de Colombia (*Piper margaritae*) y especies actuales del género *Piper*. *P. margaritae* se situó como la especie hermana de *P. carrilloanum* y *P. riparense*, dentro del clado Schilleria. Se determinaron tres grandes linajes: el Neotropical, el de Macropiper (Pacífico sur) y Piper s.s. (Asia tropical). El clado Neotropical divergió hace 76 millones de años y está conformado por dos grupos monofiléticos, ubicándose la nueva forma fósil de Colombia en aquel formado por los clados Schilleria, Ottonia, Enckea y Cinereum/Sanctum. Este estudio constituye la primera aproximación para incorporar una especie fósil dentro de *Piper*, un grupo de plantas tropicales altamente diverso y con un registro fósil escaso.

Bacon CD, Silvestro D, Jaramillo C, Smith BT, Chakrabarty P, Antonelli A. 2015. Biological evidence supports an early and complex emergence of the Isthmus of Panama. *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.1423853112

Bacon y colaboradores estudiaron la edad de formación del Istmo de Panamá y su efecto sobre la distribución de la biota a través de un nuevo modelo denominado Tasas de Migración a través del Tiempo. Utilizaron datos de divergencia molecular de tetrápodos, artrópodos y plantas. También compararon estos resultados con más de 23 mil registros de mamíferos fósiles de América. Determinaron que tanto la formación del Istmo de Panamá como el Gran Intercambio Biótico Americano no fueron eventos restringidos en el tiempo ni asociados a una única etapa; más bien se trataron de eventos

complejos de relativamente larga duración (varios pulsos) que tuvieron sus inicios tan temprano como la transición Oligoceno-Mioceno. Sugiere que factores extrínsecos, como el levantamiento de masas terrestres, podrían explicar las diferencias estadísticas en el tiempo de migración entre diferentes taxa, más allá de factores ecológicos y/o características biológicas.

Sistemática

Morales-Jiménez AL, Cortés-Ortiz L, Di Fiore A. 2015. Phylogenetic relationships of Mesoamerican spider monkeys (*Ateles geoffroyi*): molecular evidence suggests the need for a revised taxonomy. Molecular Phylogenetics and Evolution. DOI: 10.1016/j.ympev.2014.08.025

Morales-Jiménez y colaboradores infirieron la filogenia intraespecífica de *Ateles geoffroyi* a partir de ADN mitocondrial (ADNmt) e identificaron 3 clados principales que no reflejan las asignaciones subespecíficas propuestas. Sin embargo, las relaciones filogenéticas entre diferentes haplotipos de ADNmt de *A. geoffroyi* en Mesoamérica fueron consistentes con el país y región geográfica más amplia donde las muestras fueron recolectadas. Estos clados divergieron hace 1.7 y 1.5 millones de años.

Ron SR, Mueses-Cisneros JJ, Gutiérrez-Cárdenas PD, Rojas-Rivera A, Lynch RL, Duarte CF, Galarza G. 2015. Systematics of the endangered toad genus *Andinophryne* (Anura: Bufonidae): phylogenetic position and synonymy under the genus *Rhaebo*. Zootaxa. DOI: <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.3947.3.3>

Ron y colaboradores estudiaron la posición filogenética del género de sapos *Andinophryne* dentro de la familia Bufonidae a partir de una filogenia de más de 200 especies basada en secuencias de ADN mitocondrial y nuclear. Estos resultados se contrastaron con evidencia morfológica externa e interna. Los datos moleculares brindaron soporte para el clado *Rhaebo* + *Andinophryne* e indicaron que *Rhaebo* es un clado parafilético cercano a *Andinophryne*. La morfología externa y osteología también indican afinidades de las especies *A. colomai* y *A. olallai* con las especies del género *Rhaebo*. Proponen tratar a *Andinophryne* como un sinónimo junior de *Rhaebo* para resolver la parafilia observada.

Teoría evolutiva

Andrade E. 2014. La vigencia de la metafísica evolucionista de Peirce. Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia.

Peirce, científico cuya mirada integradora lo convierte en precursor de investigaciones sobre el comportamiento de sistemas auto-organizantes lejos del equilibrio y de una síntesis evolutiva expandida, toma elementos de diversas ramas de la biología y de la física. El pensamiento evolutivo de Lamarck y Darwin y la mecánica estadística de Boltzmann y Maxwell influenciaron la metafísica evolucionista de Peirce. Andrade muestra una reflexión sobre la vigencia de las ideas peirceanas sobre la *evolución agapástica*, donde la elección individual y el hábito promueven la cooperación, y la asociación simbiótica y mutualista que contribuyen así al incremento del potencial creativo de la naturaleza.

García J, Van Veelen M, Traulsen A. 2014. Evil green beards: Tag recognition can also be used to withhold cooperation in structured populations. Journal of Theoretical Biology. DOI: 10.1016/j.jtbi.2014.07.002

La selección natural trabaja en contra de la cooperación, a menos que un mecanismo específico intervenga. Comúnmente, estos mecanismos son estudiados de manera aislada. García y colaboradores estudiaron la interacción entre dos mecanismos para la evolución de cooperación: reciprocidad directa y estructura poblacional. Demostraron que la reciprocidad directa y la estructura poblacional interactúan no solo para promover la cooperación en aislamiento, sino también en formas contrarias a las esperadas. Inferen que las sociedades humanas pueden alcanzar altos niveles de comportamiento cooperativos si sus individuos interactúan reiteradamente y si la población exhibe baja estructuración.



Libellulidae, 2015
Leticia, Amazonas
Juan Ignacio Muñoz

NODOS

Mónica Medina ⁹

¡Hola a todos los biólogos evolutivos de Colombia tanto en el país como afuera! Es un placer comunicarme con ustedes a través de este boletín para contarles sobre los distintos proyectos que llevamos a cabo en mi laboratorio. Aunque no toda nuestra investigación está primariamente enfocada en biología evolutiva, cada proyecto tiene un fundamento comparativo importante.

Uno de los temas principales de estudio en mi grupo es la simbiosis en organismos marinos, en particular entre cnidarios y algas unicelulares endosimbióticas en el género *Symbiodinium*. Los hospederos que investigamos incluyen la medusa *Cassiopea xamachana*, la cual estamos desarrollando como un sistema modelo, pues las algas son esenciales en esta especie para tener un ciclo de vida efectivo. Las especies de *Symbiodinium* son también endosimbiontes de los corales escleractinios, los cuales son los principales constructores de los arrecifes de coral. Las algas proveen al coral de productos fotosintéticos que le permiten al hospedero existir en ambientes oligotróficos y así utilizar la energía para construir las estructuras tridimensionales que constituyen la arquitectura compleja del ecosistema arrecifal. El coral a su vez ofrece protección y productos inorgánicos al alga. Esta simbiosis está amenazada por diversos factores asociados al cambio climático como incremento en temperatura, acidificación oceánica, eutricación, sedimentación, etc. Distintas especies de *Symbiodinium* confieren tolerancia térmica y/o lumínica al hospedero. Utilizando diversas técnicas que incluyen genómica comparativa, fotofisiología, biología del desarrollo y biología celular, estamos tratando de entender la ecología y la evolución de este mutualismo que es fundamental para la existencia de los arrecifes de coral alrededor del mundo, con el objetivo de tratar de entender el potencial adaptativo que tienen estos organismos para enfrentar el cambio climático.

En Penn State tenemos acceso a una de las mejores colecciones de *Symbiodinium* del mundo, lo cual nos permite ejecutar experimentos de fisiología y genómica comparativa en algas a lo largo de la filogenia del género y que informan el diseño de nuestros experimentos *in hospite* tanto en la medusa como en el coral. En particular, nuestro trabajo de campo está enfocado en el complejo de especies de coral del género *Orbicella* que es endémico del Mar Caribe. Ejecutamos experimentos de infección con larvas de las tres especies de *Orbicella*, de blanqueamiento por estrés térmico y de trasplantes para evaluar aclimatación a distintas condiciones ambientales.

Recientemente hemos expandido nuestros estudios al análisis de coevolución hospedero-microbiota yendo más allá de *Symbiodinium* para incluir bacterias, archaeas, hongos y virus, nuevamente utilizando técnicas microbiológicas, microscopía celular, metabarcoding y metagenómica para entender los microbiomas complejos que habitan diversas especies de coral.

Finalmente, estamos interesados en evolución animal a nivel pre-cámbrico. Concretamente, nos interesa entender la evolución de la biomineralización en metazoarios como una propiedad emergente de gran complejidad anatómica y bioquímica que reta nuestro entendimiento del concepto de homología. Utilizamos bioinformática, biología computacional, genómica y transcriptómica comparativa para analizar por ejemplo si un esqueleto de coral es homólogo a una concha de caracol y a qué nivel de organización biológica estos caracteres pueden ser considerados homólogos o no.

Si quieren saber más o participar en nuestros proyectos, escríbanme o visiten mi página web, podemos discutir intereses mutuos. Mucha suerte con todos sus esfuerzos académicos. Los espero por Penn State, la biología evolutiva está muy bien representada entre nuestros profesores y será un placer compartir lo que hay aquí con ustedes.



⁹ Profesora, Pennsylvania State University
Contacto: monicamedina (at) psu.edu
www.medinalab.org, @MedinaLabPSU

MESAS DE TRABAJO REGIONAL

MTR Antioquia

Con el apoyo del Parque Explora creamos el coloquio mensual de biología evolutiva en el Planetario de Medellín. Hemos invitado a investigadores locales y visitantes a interactuar con estudiantes de biología y la comunidad en general. Estos son algunos de los temas discutidos: la historia evolutiva de los colibríes con Juan Luis Parra, el poblamiento humano de América con Gabriel Bedoya, la historia de los Andes y las palmas de montaña con María José Sanín, las limitaciones de la selección natural en el desarrollo con Juan Nicolás Malagón, paralelismo y selección local con Daniel Ortiz-Barrientos, la evolución de la polinización por aire con Tatiana Arias y el origen de los eucariotas con Sergio A. Muñoz-Gómez. También celebramos el Día de Darwin con Natalia Pabón-Mora, Juliana Cardona-Duque y Juan Fernando Díaz-Nieto. En los próximos meses lideraremos una iniciativa de divulgación de la biología evolutiva a nivel nacional con el apoyo de la Sociedad Europea de Biología Evolutiva. Si estás cerca de Medellín te invitamos a unirte a nuestras actividades.



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

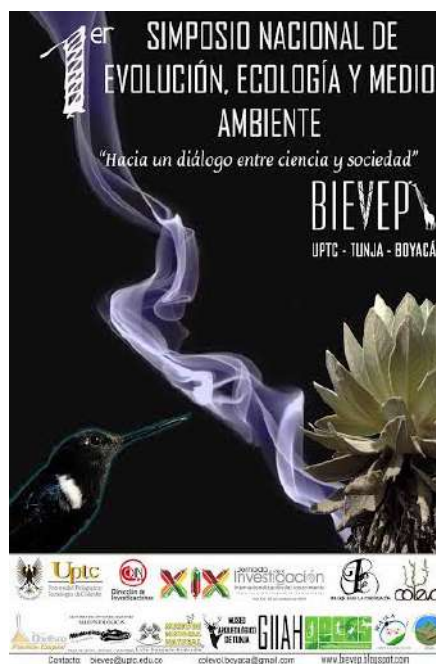
MTR Bogotá

Hace poco volvimos a retomar las actividades de COLEVOL en la ciudad por lo que seguimos en una fase introductoria y de consolidación, la cual ha consistido en convocar, conocer a los otros miembros y discutir acerca del trabajo que cada uno realiza. Por esto queremos extender la invitación a todos las personas en Bogotá que estén interesados en biología evolutiva a unirse a esta iniciativa. Así podremos aprovechar al máximo la diversa comunidad científica que hay en más de 10 universidades con programas de biología en Bogotá. De igual manera, al consolidar en contacto entre las universidades bogotanas podremos aprovechar el alto flujo de invitados académicos en la ciudad. ¡Los esperamos con los brazos abiertos!

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

MTR Boyacá

Semanalmente ofrecemos un espacio para la socialización y discusión de conceptos, teorías y aplicaciones de la biología evolutiva desde distintas disciplinas. Buscamos despertar el interés hacia el entendimiento de los procesos evolutivos y la formulación de preguntas de investigación, partiendo del pensamiento crítico. Una de las fortalezas de este proceso académico es sin duda la vinculación espontánea de estudiantes de distintos programas de la UPTC y de investigadores externos. En los próximos meses divulgaremos estas temáticas mediante la realización del I Simposio Nacional de Evolución, Ecología y Medio Ambiente, que contará con la intervención de expertos nacionales e internacionales en diferentes áreas del conocimiento. Por otra parte, el grupo adelanta un proyecto de investigación que busca establecer el efecto de ácaros asociados a colibríes en la disponibilidad de néctar de *Macleania rupestris* en un sistema de páramo en la Cordillera Oriental de Colombia. Como grupo esperamos crear y fortalecer lazos de unión entre estudiantes, investigadores, profesores y todos quienes estén interesados en vincularse de manera personal y/o virtual.



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

MTR Caldas

Estamos reconfirmado la MTR en Manizales, por eso invitamos a toda la comunidad de Caldas a contactarnos y unirse a nuestras actividades. Tu aporte será muy valioso para promover la biología evolutiva en la región.

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

MTR Córdoba

Durante dos años nos unimos a un semilleros de investigación enfocado en paleontología para promover la divulgación de la biología evolutiva. Logramos generar espacios de discusión y seminarios semanales. En la celebración del Día de Darwin 2013 nos acompañó la paleobotánica Deborah Woodcock y acudieron cerca de 150 personas. Desde entonces las actividades de la MTR decayeron. Actualmente buscamos reconfirmarla. Invitamos a todos los interesados en Córdoba a sumarse a esta iniciativa para compartir y promover la biología evolutiva en la región

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

MTR Quindío

La MTR Quindío, con el apoyo de la American Genetic Association, American Society of Naturalists, Society for the Study of Evolution, Red Colombiana de Biología Evolutiva y Universidad del Quindío, llevó a cabo del 27 de julio al 6 de agosto de 2015 la IV Escuela Latinoamericana de Evolución (ELAEVO) y el V Simposio Colombiano de Biología Evolutiva. El primer evento reunió a 42 estudiantes de 16 instituciones universitarias de Colombia, Chile y Perú y siete conferencistas de siete instituciones nacionales e internacionales para discutir temáticas de genética evolutiva y paleontología. En el segundo evento asistieron más de 200 estudiantes e investigadores de 32 instituciones nacionales e internacionales. Ambos eventos suman al fortalecimiento de la Red Colombiana de Biología Evolutiva, tanto por la continuidad y aumento de participantes en el Simposio Nacional, como por lograr realizar la Escuela Latinoamericana de Evolución por primera vez en Colombia.



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

MTR Santander

Durante la reunión de las mesas de trabajo regional de COLEVOL en el V Simposio Colombiano de Biología

Evolutiva en Armenia, conformamos la MTR Santander. Pretendemos acercar a los estudiantes universitarios a las actividades de COLEVOL y promover actividades de divulgación científica de temas de biología evolutiva. Realizaremos mensualmente clubes de revista para discutir artículos científicos sobre biogeografía, diversificación, filogeografía, genética de poblaciones y sistemática. Adicionalmente, organizaremos la celebración del día de Wallace mediante charlas ofrecidas por investigadores invitados. Inicialmente realizaremos las actividades en la Universidad Industrial de Santander, sin embargo, invitamos a la comunidad científica del nororiente colombiano interesada en el campo de la biología evolutiva a participar de las actividades de la MTR Santander. Todas sus ideas y sugerencias serán bienvenidas.

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

MTR Tolima

Este semestre nuestras discusiones se han centrado en los patrones de diversificación en el norte de los Andes y en ecología evolutiva, para lo cual hemos seleccionado una serie de artículos científicos de interés general que leemos, socializamos y discutimos semanalmente. Dentro de nuestras actividades de divulgación organizamos el Día de Darwin en Ibagué con el apoyo de la Universidad del Tolima y la participación de docentes de la Universidad de los Andes, Universidad del Quindío, Universidad del Valle y Universidad del Tolima. Recientemente recibimos el apoyo de la Biblioteca del Banco de la República "Darío Echandía" en la ciudad de Ibagué para realizar allí nuestras reuniones semanales, todo los jueves a las 16:00 h. Invitamos a todas las personas en el departamento del Tolima interesadas en evolución para que se unan a nuestras actividades. Siempre tenemos nuestras puertas abiertas. ¡Los esperamos!



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

MTR Valle

Estamos realizando una nueva convocatoria que permita consolidar la mesa y así desarrollar un trabajo más constante. Desde el inicio, la mesa cuenta con participación principalmente de estudiantes y profesores de la Universidad del Valle, pero esperamos contar pronto con la participación de la comunidad a las Universidades ICESI y Javeriana. Invitamos a la comunidad académica en el Valle del Cauca interesada en la biología evolutiva a integrar la mesa de trabajo y desarrollar diversas actividades de estudio y divulgación de la evolución biológica.

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

MEMORIAS DEL V SIMPOSIO COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Armenia, 5-6 de agosto de 2015

Fabián Salgado-Roa & Henry Arenas-Castro
Editores

PRESENTACIONES ORALES

Estructura genética poblacional del Tití Gris (*Saguinus leucopus*) e implicaciones para su conservación

Iván Darío Soto-Calderón¹, Paul Bloor², Yuliet
Acevedo-Garcés¹, Stephany Orjuela-León², Juan
Sebastián Arciniegas-Vacares², Luz Dary Acevedo-
Cendales³

¹Grupo de Genética, Mejoramiento y Modelación Animal.
Universidad de Antioquia. ²Grupo de Biodiversidad y
Recursos Genéticos. Universidad Nacional de Colombia.
³ Wildlife Conservation Society, Colombia.

Los monos capuchinos (*Cebus* spp.), araña (*Ateles* spp), aulladores (*Alouatta* spp.) y titíes (*Saguinus* spp.) son los grupos más traficados en el noroccidente colombiano. Esto se refleja en el alto número de animales decomisados o entregados voluntariamente, cuyo efecto sobre la estructura genética poblacional histórica se desconoce. Nuestro propósito fue evaluar los niveles naturales de variación genética y estructura genética, particularmente del tití gris (*Saguinus leucopus*) a través de su ámbito de distribución y determinar el potencial de dicha información para inferir el origen de animales traficados.

Para ello se secuenció la región hipervariable I del genoma mitocondrial y se genotipificaron 12 loci microsatélite polimórficos en poblaciones naturales (n = 111) e individuos silvestres en cautiverio (n = 22). Se evaluaron parámetros de diversidad genética y se implementaron métodos de inferencia de grupos poblacionales y de haplogrupos.

Ambos tipos de marcadores revelaron altos niveles de variación y al menos tres grupos diferenciados de poblaciones. Igualmente, la red de haplotipos mitocondriales y análisis filogenético bayesiano recobraron siete haplogrupos bien definidos. Estos haplogrupos estuvieron también representados por individuos en cautiverio, indicando que dichos animales provienen de un amplio ámbito geográfico dentro del área de distribución de la especie. Estos resultados tienen implicaciones prácticas para la identificación de rutas de tráfico, rastreo del origen de animales incautados y priorización de poblaciones de destino para liberaciones. Se sugiere finalmente la implementación de estos métodos para el estudio de otras especies altamente traficadas.

Taxonomía, sistemática y biogeografía de un nuevo género de araña errante (Ctenidae) en Colombia

Nicolás A. Hazzi¹, Miguel Simó², Ranulfo Gonzalez¹

¹Universidad del Valle. ²Universidad de la Republica,
Uruguay.

La familia Ctenidae comprende uno de los grupos más diversos de arañas, con 493 especies agrupadas en 41 géneros. En un estudio previo se examinaron las principales colecciones del país y varios especímenes de esta familia no pudieron ser clasificados en ninguno de los géneros actualmente descritos. Estos pertenecen a 10 especies que constituyen un género nuevo. Estas especies habitan en bosques conservados del Pacífico y Andes de Colombia, cuyos procesos geológicos recientes pudieron influenciar sus modos de especiación y patrones de distribución. En este estudio realizamos un análisis filogenético para evaluar la monofilia de este nuevo género. Además, se realizó un análisis de biogeografía histórica para examinar posibles patrones de vicarianza y dispersión.

Para el análisis filogenético se usó la matriz de la filogenia más reciente de Ctenidae que incluye 72 taxa y 89 caracteres morfológicos. A este conjunto de datos se le adicionaron las 10 especies encontradas y 23 caracteres más. La edición de la matriz se realizó en MESQUITE y el análisis filogenético se llevó a cabo por medio del criterio de parsimonia e inferencia bayesiana en los programas TNT y MrBayes, respectivamente. El análisis de biogeografía histórica se realizó bajo un contexto de especiación por dispersión y vicarianza (DIVA) en el programa RASP.

Tanto el análisis de parsimonia como el de inferencia bayesiana indicaron la monofilia del género nuevo y lo relacionaron con *Phoneutria* y *Ctenus*. Este género se distingue de los otros ctenidos por tres sinapomorfías no ambiguas: embolo con proceso a manera de pliegue, tegulum con un proceso medial y apófisis retrolateral de la tibia internamente curvo aproximándose al cimbio. El análisis DIVA indicó que el área ancestral del género está en las Cordillera Occidental y Central de Colombia y que posteriormente ocurrieron tres eventos de dispersión seguidos por vicarianza hacia la región del Chocó y la Cordillera Oriental. El descubrimiento de este género

nuevo en las regiones de los Andes y el Chocó demuestra el gran desconocimiento que se tiene aún sobre la biodiversidad colombiana.

Identificación de áreas de endemismo en el norte de Sur América con énfasis en Colombia

Juan David Escobar Prieto¹, Nicolás Hazzi Campo¹, Elizabeth Jiménez Carmona¹

¹Universidad del Valle.

Los patrones de diversidad biológica, distribución geográfica y procesos históricos son fundamentales para la identificación de áreas de endemismo. Estas áreas a su vez son importantes para la realización de estudios biogeográficos y la priorización de áreas de conservación. Debido a la complejidad de la geografía, clima y edafología de Colombia, el estudio de sus patrones biogeográficos basados en los biomas y diversidad biótica podría no ser suficiente. Este estudio identificó áreas de endemismo en el norte de Sur América haciendo énfasis en Colombia, utilizando insectos como grupo focal.

Para los análisis se utilizó el algoritmo heurístico de NDM y el análisis de redes NAM. Además se realizó un análisis de parsimonia de endemismo para jerarquizar aquellas áreas obtenidas mediante NDM.

La historia geológica es el mecanismo principal que ha formado estas áreas de endemismo, posibilitando ciertas condiciones únicas que les permiten albergar biota exclusiva. Los insectos usados en este trabajo ayudaron a identificar áreas que son coincidentes con otras ya delimitadas con otros grupos taxonómicos

Asociación entre asimetría fluctuante y dimorfismo sexual en rostros humanos

Valeria Alejandra Pinto-Duarte¹, Laura Lorena García-López¹, Natalia Marcela Hernández-Arango¹, Manuela Toro-Soto¹, María Lorena Carmona-Orozco¹, Víctor Hugo García-Merchán¹

¹Universidad del Quindío.

La asimetría fluctuante (AF) son desviaciones al azar del diseño morfológico durante el desarrollo, encontrándose ampliamente distribuida en el reino animal. Los rasgos simétricos en rostros humanos han sido sugeridos como un aspecto clave en los beneficios del éxito reproductivo heredable, indicando que los humanos encuentran más atractivos los rostros simétricos que los rostros asimétricos.

En este estudio se realizaron mediciones morfométricas en el rostro a 400 personas (hombres y mujeres entre 15 y 45 años de edad) de nacionalidad colombiana con el fin de analizar 1) desviaciones en la simetría de rostros humanos, 2) dimorfismo sexual y 3) atracción. Se tomaron fotografías en condiciones estandarizadas utilizando una cámara digital y se analizaron en MorphoJ para evaluar el grado de asimetría fluctuante y de dimorfismo sexual. Las fotografías agrupadas en

diferentes grados de simetría fueron mostradas a nuevos participantes para que calificaran su grado de atracción. Se observó que el atractivo sexual se encuentra directamente relacionado con la mayor simetría y las medidas de los rasgos semejantes. Nuestros hallazgos apoyan que el dimorfismo sexual y la simetría en los rostros son señales de calidad genética (hipótesis de los genes buenos).

Evolución de la estructura de la cáscara del huevo en aves: ¿hay evidencia de adaptación en gradientes de elevación?

David Ocampo¹, Carlos Daniel Cadena¹, Gustavo A. Londoño²

¹Universidad de los Andes. ²Universidad ICESI.

Para entender la distribución altitudinal en aves es importante considerar su biología reproductiva y como responden a diferentes condiciones de anidación. Se sabe que la cáscara del huevo en aves evoluciona al colonizar nuevos ambientes para garantizar un correcto desarrollo embrionario durante la incubación. Sin embargo, esto solo se ha probado en pocos clados de zonas templadas. Debido a que la estructura del huevo permite el intercambio de gases entre el embrión y el medio externo, la cáscara debe ser más gruesa y con menor densidad de poros para reducir la pérdida de agua y flujo de gases en ambientes secos y fríos, como las tierras altas, para evitar la desecación del embrión. Los Andes son un lugar ideal para poner a prueba esta hipótesis de adaptación de la cáscara del huevo en aves tropicales.

En este estudio, evaluamos las diferencias en conductancia de gases y estructura de la cáscara, usando experimentos de difusión de gases y escaneo con microscopía electrónica. Nuestros análisis funcionales y estructurales, en más de 100 especies de aves neotropicales, soportaron la hipótesis que la tasa de difusión de gases a través de la cáscara varía a lo largo del gradiente de elevación. Análisis comparativos filogenéticos indican que la conductancia y estructura de la cáscara son altamente lábiles y documentamos patrones de evolución de rasgos consistentes con adaptación por selección natural, para retener vapor de agua en ambientes con altas tasas de difusión de gases. Sin embargo, el mecanismo relacionado con las características de las cáscaras determinando este patrón no es el mismo en todas las especies.

Encontramos dos estrategias básicas de variación de la estructura de la cáscara de acuerdo con nuestra hipótesis de adaptación. Mientras las Tangaras (Thraupidae) incrementan el espesor de sus cáscaras, las Gallina-ciegas (Caprimulgidae) y Atrapamoscas (Tyrannidae) disminuyen la densidad de poros en tierras altas, para disminuir las tasas de difusión. Proponemos que estudiar rasgos relacionados con el desarrollo del embrión son importantes para entender como pueden estar restringidas las aves en gradientes ambientales y sus capacidades de persistir a cambios.

Comparación morfológica en hojas de *Cryptocarya alba* (Molina) Looser (Lauraceae) distribuidas entre las regiones de Valparaíso y Los Lagos, Chile

Laura Inés Gutiérrez Duarte¹

¹Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

La morfoanatomía foliar mantiene una estrecha relación con las condiciones atmosféricas porque las hojas son altamente sensibles a las variaciones ambientales. Por esto se utilizan análisis multivariados para relacionar las características morfológicas foliares con las variables ambientales y así diferenciar el tipo de respuesta morfológica de las hojas frente a cada variable ambiental. La familia Lauraceae se han considerado como un sistema modelo de investigación biogeográfica debido a su amplio registro a lo largo latitudes tropicales y subtropicales. En Chile se reportan cuatro especies endémicas de esta familia, siendo la especie *Cryptocarya alba* una de las de mayor ámbito de distribución. Esto permite analizar su morfología foliar y establecer la relación con variables climáticas y geográficas en un gradiente latitudinal en entre los 32° y los 40° sur.

Se trabajó con cinco ejemplares de cada zona tomados de herbario y recolectados entre 2006 y 2011. Se tomaron cinco hojas por individuo, para un total de 25 hojas por sitio y 200 hojas por las nueve localidades. Se usaron las variables climáticas de WORLCLIM. Para la descripción cualitativa y cuantitativa de las hojas se midieron varios caracteres morfológicos a partir de imágenes digitalizadas. También se eligieron cinco aréolas por hoja para realizar las medidas de área. Adicionalmente se determinaron las densidades estomáticas e índice estomático de las hojas. Para la interpretación de los datos se realizaron pruebas de varianza ANOVA, correlación de Duncan, análisis de regresión lineal simple y múltiple, análisis de componentes principales, agrupamientos y correspondencia canónica.

Los cambios en las características morfológicas foliares de *Cryptocarya alba* se relacionaron con la precipitación media anual, temperatura media anual y latitud. Como las poblaciones que se distribuyen más hacia el norte de Chile, presentaron morfología de hojas xeromorfas (menor tamaño foliar). Los rasgos medidos permitieron diferenciar hojas de individuos de la zona norte de los de la zona sur del continente. La precipitación y temperatura afectaron el patrón biotipológico foliar y los índices fisiológicos de *Cryptocarya alba*, donde la densidad e índice estomático es directamente proporcional a la temperatura media anual e inversamente proporcional a la precipitación.

Estado del aprendizaje de la teoría evolutiva en instituciones educativas públicas de la ciudad de Armenia, Quindío

Diego Mejía¹, Andrés Vargas¹, Sebastián Vásquez¹, Víctor García-Merchán¹

¹Universidad del Quindío.

Se presenta una aproximación acerca del grado de conocimiento y/o aceptación de la teoría evolutiva a nivel de la enseñanza básica secundaria en tres colegios públicos de la ciudad de Armenia.

Se utilizaron encuestas de selección múltiple con única respuesta compuesta de diez preguntas enfocadas a evaluar conceptos relevantes de la teoría biológica de la evolución. La encuesta se administró vía internet (google drive/formularios) aprovechando la herramienta de las aulas de Colombia Digital de cada colegio. Fueron evaluados 607 estudiantes de grado noveno y once elegidos al azar. A través de análisis multivariado (componentes principales, correspondencias múltiples y análisis canónicos) se exploraron las correlaciones entre preguntas como el tiempo geológico, análisis filogenéticos y origen de la vida, entre otras preguntas, con el estrato social, edad, género y creencias religiosas de los estudiantes encuestados.

Evolutionary novelty in a butterfly wing pattern through enhancer shuffling and acquisition of a regulatory interaction

Richard Wallbank¹, Simon Baxter², Carolina Pardo-Díaz³, Joseph Hanly¹, Simon Martin¹, James Mallet⁴, Kanchon Dasmahapatra⁵, Camilo Salazar³, Mathieu Joron⁶, Nicola Nadeau⁷, Owen McMillan⁸, Chris Jiggins¹.

¹Department of Zoology, University of Cambridge, ²School of Biological Sciences, University of Adelaide, ³Universidad del Rosario, ⁴Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, ⁵Department of Biology, University of York, ⁶Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, ⁷Dept. of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, ⁸Smithsonian Tropical Research Institution.

An important goal in evolutionary biology is to understand the genetic changes underlying novel morphological structures. We investigated the origins of a complex wing pattern found among Amazonian *Heliconius* butterflies. Genome sequence data from 143 individuals across 17 species identified narrow regions associated with two distinct red color pattern elements. We hypothesize that these modules in non-coding sequence represent distinct cis-regulatory loci that control expression of the transcription factor optix which has been shown to modulate red pattern variation across *Heliconius*. Phylogenetic analysis of the two elements demonstrated that they have distinct evolutionary histories and that novel adaptive morphological variation was created by shuffling cis-regulatory modules through recombination between divergent lineages. Variation in one of these regions was associated with a red patch on the base of the forewing.

Here, transcriptome profiling and immunohistochemistry demonstrated that the transcription factor Homothorax is co-localised with Optix in the proximal forewing and is a likely candidate for upstream regulation of optix. Indeed, sequence analysis identified derived Hth binding sites

associated with acquisition of the red patch. This demonstrates how acquisition of novel regulatory interactions can give rise to new morphologies and when combined with shuffling of existing enhancer elements provides for rapid diversification of morphological combinations during adaptive radiation.

Here, we have demonstrated two mechanisms that have contributed to evolutionary innovation in the *Heliconius* radiation. First, distinct genetic elements are associated with different patches of red on the butterfly wing. This supports the hypothesis of regulatory modularity, which is should facilitate evolutionary innovation. Furthermore, we show that novel wing patterns are generated by shuffling of these distinct enhancer modules among populations and species. Our data imply that recombination between lineages can generate novel phenotypic combinations and demonstrate how modularity in the cis-regulatory control of key genes can drive the rapid evolution of novel morphologies.

¿Cuánta diversidad aportan las montañas?: la importancia de las tierras altas en los gradientes latitudinales de diversidad

Elkin A. Tenorio^{1,2}, Paola Montoya Valencia³, Beatriz Salgado¹, Maily A. Gonzalez¹

¹Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. ²Calima: Fundación para la Investigación de la Biodiversidad y Conservación en el Trópico. Cali, Colombia. ³Laboratorio de Biología Evolutiva de Vertebrados, Universidad de los Andes.

Las montañas, especialmente las de áreas tropicales, resaltan como las zonas con los mayores hotspots de biodiversidad. Pese a que ocupan aproximadamente el 12 % del área de la masa terrestre, las montañas albergan la mayor diversidad beta, lo que se traduce en un mayor número de especies por unidad de área. En este trabajo cuantificamos cuanto es el aporte de las montañas a la diversidad global y evaluamos cuál es su impacto verdadero sobre uno de los patrones más consistente en ecología y evolución: el gradiente latitudinal de riqueza de especies.

Usamos todas las especies de aves para las cuales existen mapas de distribución (cerca de 10000 spp). Para cada una calculamos su punto medio de distribución latitudinal y categorizamos entre especies de montaña y tierras bajas. Evaluamos la riqueza de especies en el gradiente latitudinal usando esta categorización teniendo en cuenta el área por franja latitudinal.

Encontramos que las montañas albergan cerca de un tercio de la diversidad de aves del mundo, pero cuando se corrige por el área efectiva las montañas albergan hasta cuatro veces más diversidad que las tierras bajas. Cuando evaluamos el gradiente de diversidad de especies discriminando entre especies de montañas y de tierras bajas, encontramos un patrón más rico en montañas que en tierras bajas. Estos resultados revelan un patrón que aunque ha sido mencionado anteriormente, no había sido evaluado ni cuantificado. Al igual que el efecto de las montañas en el gradiente latitudinal, esta gran concentración de especies en las tierras altas puede estar influenciando otros patrones

ampliamente reconocidos. Implicaciones en campos como macroecología y evolución deben ser considerados, ya que muchos de los procesos de diversificación pueden estar siendo oscurecidos si éstos no han sido evaluados teniendo en cuenta el desacoplamiento geográfico de diversidad entre sistemas de montañas y las tierras bajas.



Evolución reticulada por hibridación en corales

Olga Lucía Torres Suárez¹

¹Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras Jose Benito Vives de Adreís – INVEMAR.

La especiación por hibridación y la introgresión adaptativa han sido reconocidas como mecanismos promotores de biodiversidad en animales. Se sugiere que las incongruencias filogenéticas en corales que presentan variabilidad morfológica son producto de procesos de hibridación. Por ejemplo, en el Caribe se detectó que *Acropora prolifera* contiene un haplotipo de cada uno de sus especies parentales (*A. cervicornis* y *A. palmata*) y morfología intermedia. Dada la evidencia de polifilia y parafilia, sumado a la posibilidad de cruces interespecíficos, se sugiere que la hibridación tiene un papel importante en la evolución de este y otros géneros de corales. Así mismo, se plantea que la evolución de *Acropora* se ha presentado en forma reticulada, promovida por la existencia de un singameon. Sin embargo, en algunos casos no se ha establecido la causa de la variabilidad morfológica y genética, pues no ha sido posible diferenciar entre procesos de hibridación introgresiva y procesos como separación incompleta de linajes, convergencia y polimorfismos ancestrales mantenidos por selección.

Algunas filogenias moleculares que evidencian discordancia mitonuclear sugieren hibridación en corales. Sin embargo, en algunos casos no ha sido posible descartar polimorfismos ancestrales como origen de haplotipos compartidos entre las especies. Por tanto, se hace necesario utilizar nuevas metodologías y reevaluar aquellos casos en que la evidencia molecular no permite diferenciar el rol de la hibridación y con otros procesos evolutivos. La presencia simpátrica de congéneres, morfologías intermedias, sincronía en la liberación de gametos y la tasa de cruces interespecíficos en el laboratorio son factores claves que permiten inferir eventos de hibridación coralina en la naturaleza. Sin embargo, a la fecha la información existente sobre hibridación en corales no indica que hay hibridación en mayor tasa cuando no hay disponibilidad suficiente de conespecíficos. Por otro lado, es claro que la hibridación introgresiva se presenta entre congéneres y permite un patrón de evolución reticulada.

Finalmente, dada la rápida acción del cambio climático, procesos de hibridación introgresiva toman relevancia, pues hacen factible que nuevos rasgos adaptativos se presenten en un tiempo ecológico y que las especies coralinas sobrevivan en ambientes cambiantes. Dado que los estudios en corales no se han realizado con marcadores que evidencien rasgos adaptativos, por ahora no es posible concluir si la hibridación introgresiva que se presenta en estos antozoos es un mecanismo promotor de especiación.



Ruido de quebradas, filtro de hábitat y estructura filogenética de ensamblajes de anuros neotropicales

Juan David Carvajal-Castro¹, Fernando Vargas-Salinas¹

¹Universidad del Quindío

Una de las preguntas más intrigantes en ecología evolutiva es entender qué procesos determinan la composición y la estructura de especies en los ensamblajes bióticos. Dado que la comunicación entre individuos afecta su eficacia biológica, las características del hábitat que impiden la comunicación entre ellos podrían determinar la distribución de especies y la estructura de ensamblajes. El ruido de quebradas puede impedir la detección y decodificación de señales acústicas en especies que utilizan la comunicación acústica a través de enmascaramiento. Sin embargo, dado que el ruido en quebradas es más intenso a frecuencias bajas que a frecuencias altas, es de esperar que el efecto de enmascaramiento sea más fuerte en especies con señales acústicas a bajas frecuencias que en especies con señales a altas frecuencias.

Después de comprobar señal filogenética en el tamaño corporal y la frecuencia de canto (i.e. son características fenotípicas conservadas) realizamos un análisis de agrupamiento filogenético. Anuros que cantan y se reproducen cerca de quebradas están más agrupados filogenéticamente de lo esperado por azar, mientras que, anuros en áreas lejos de quebradas presentan una menor agrupación filogenética de lo esperado por azar. Estos resultados fueron consistentes en ambas escalas de análisis pero con una tendencia más detectable a escala neotropical. De igual forma, el tamaño corporal y la frecuencia de canto exhibieron agrupamiento fenotípico en ensamblajes de anuros en quebradas, pero fueron sobredispersos en ensamblajes lejos de quebradas.

Nuestros resultados respaldan la importancia del ruido de quebradas como un factor del hábitat que tiene un efecto en la composición y estructura filogenética de ensamblajes de anuros a través de un proceso de filtro de hábitat. Este estudio permite establecer una relación entre ecología de comunidades y biología evolutiva de la comunicación acústica en los procesos que median la coexistencia de especies en los ensamblajes de anuros neotropicales.

Conservatismo de nicho, distribución y biogeografía de delfines rosados (Cetartiodactyla: Iniidae)

Tatiana Velásquez-Roa¹, Hugo Mantilla-Meluk¹

¹Universidad del Quindío.

Los delfines del género *Inia* (Iniidae) evolucionaron en las cuencas de los ríos Amazonas, Río Grande, Iténez-Mamoré, Tocantins-Araguaia y Orinoco. Si bien la vida de los delfines está condicionada al medio acuático, características como regímenes de precipitación, temperatura y elevación de las cuencas de los ríos que habitan tienen un efecto directo sobre aspectos importantes de su ecología, establecimiento y dinámica

poblacional, así como sobre sus patrones de diversificación.

En este estudio, se analizaron 13621 avistamientos georreferenciados de delfines de todos los taxa reconocidos y 16 variables ambientales con herramientas de modelamiento de nicho (MAXENT) y sistemas de información geográfica para caracterizar ecológicamente los puntos de avistamiento en las cuencas de los ríos y el efecto de su interconectividad sobre los patrones biogeográficos del género.

No se observó sobreposición entre los modelos obtenidos, indicando una diferenciación ecológica entre las cuencas habitadas por los delfines rosados. El área de distribución de *I. g. humboldtiana* (Cuenca del Río Orinoco) presentó diferencias en precipitación y una correlación negativa con esta variable. Simulaciones de aumento en el nivel del mar señalaron una baja conectividad a niveles inferiores a 20 metros, nivel en el que elementos geográficos propuestos como barreras efectivas de aislamiento entre poblaciones de delfines continúan operando. A pesar de los bajos niveles de divergencia genética reportados en la literatura entre las subespecies reconocidas de *I. geoffrensis*, nuestros análisis proponen un aislamiento físico y ecológico entre sus poblaciones. Sugerimos que planes de conservación para los taxa reconocidos de delfines rosados (incluyendo sus subespecies) consideren las diferencias en patrones ecológicos de las cuencas que habitan.

Polinización en Zamioidea (Cycadales) por *Pharaxonotha*: una perspectiva filogenética

Wendy A. Valencia-Montoya¹, Juliana Cardona-Duque¹, María José Sanín-Pérez¹

¹Universidad CES

La polinización por los géneros neotropicales de Zamioidea es efectuada principalmente por escarabajos de *Pharaxonotha* (Coleoptera: Erotylidae) en *Ceratozamia*, *Zamia* y *Microcycas*. La relación de polinización es muy específica y especializada e involucra termogénesis y producción de aromas para atraer los insectos. En las propuestas filogenéticas más recientes para Zamioidea, los géneros neotropicales no son monofiléticos. En este trabajo estimamos los tiempos de divergencia de los géneros de la subfamilia Zamioidea y de *Pharaxonotha* para intentar ubicar temporalmente la relación y probar la hipótesis del origen común de la interacción con estos erotílicos.

Se reconstruyeron hipótesis filogenéticas para Zamioidea y la familia Erotylidae con datos secundarios y haciendo estimación bayesiana de los tiempos de divergencia usando el paquete BEAST. Para las zamias se utilizaron 4 marcadores: *matk*, *trnk* y *rbcL* del cloroplasto y el gen nuclear *phyp*. Para los escarabajos se usaron los marcadores nucleares 18s y 28s. Todas las secuencias fueron descargadas de GenBank. Los alineamientos se realizaron por MUSCLE y la elección de los modelos evolutivos en Mr.ModelTest. Se incluyeron priors de nacimiento-muerte para el patrón de ramificación, tres calibraciones fósiles para Zamioidea y cuatro para Erotylidae.

La topología de Zamioidea es congruente con las propuestas más recientes para Cycadales, pero algunos

nodos presentan edades más antiguas a las sugeridas por análisis previos. *Pharaxonotha* es el linaje que divergió más tempranamente en Erophyllidae, siendo el grupo hermano del resto de las subfamilias. La divergencia de *Pharaxonotha* es posterior a la edad estimada de la divergencia de Zamioidea y anterior a la diversificación del clado *Zamia* – *Microcyas*, lo que sugiere que esta relación puede ser ancestral dentro de este linaje.

Evaluación y caracterización genética de tres viveros de palma de cera (*Ceroxylon quindiuense*, H.Karst.)

H.Wendl en el departamento de Quindío

Katherine Chacón-Vargas¹, Chrystian Camilo Sosa Arango¹, Víctor Hugo García-Merchán¹, María José Sanín²

¹Universidad del Quindío. ²Universidad CES.

La palma de cera *Ceroxylon quindiuense*, árbol nacional de Colombia, es importante conservar por su importancia económica, ecológica, cultural y social. En el Valle de Cocora la palma de cera está amenazada y es necesario empezar a repoblar la zona. En este trabajo se caracterizaron individuos de tres viveros del departamento de Quindío con diez marcadores microsatélites.

Se evaluaron 57 individuos y comparó su diversidad genética con la de poblaciones naturales. Se realizó un análisis de asignación multivariado para determinar la estructura poblacional de viveros y poblaciones silvestres: Valle del Cocora, Toche y La Línea (Tolima). Se identificaron 136 alelos en los tres viveros y poblaciones silvestres, de los cuales el 25% fueron alelos privados del Valle de Cocora. Se detectó una alta estructuración entre las poblaciones silvestres y de los viveros. Un análisis de parentesco encontró que los viveros presentan mayor porcentaje de hermanos completos que las poblaciones silvestres, por lo cual hay un déficit de heterocigotos y sobrerrepresentación de ciertos genotipos. Los viveros Jardín y Milán tienen una alta similitud genética con Cocora, a diferencia de Roso que presentó grandes diferencias con todas las poblaciones silvestres. No se evidenció señal de mezcla entre los viveros y las poblaciones de Toche y La Línea. Los viveros evaluados no están capturando la diversidad genética total de las poblaciones silvestres, aunque la diversidad genética en los viveros no es muy baja. A partir del tamaño y representatividad de las muestras evaluadas, los individuos de Jardín y Milán son aptos para la siembra en el Valle de Cocora ya que constituyen parte del acervo genético de la población silvestre.

Reinforcing the secondary contact as the most plausible hypothesis for the origin of *Uroderma* (Chiroptera: Phyllostomidae) hybrid zone

Sebastián Cuadrado-Ríos¹, Hugo Mantilla-Meluk¹

¹Universidad del Quindío.

Contact zones usually correspond to areas characterized by unique ecological conditions derived from unique geological histories. When the intensity of a natural barrier decreases could generate a contact zone. The contact zone of Neotropical bats genus *Uroderma* at the Gulf of Fonseca in Central America represents the largest hybrid zone described for a mammal (400 km) and the only one involving three chromosomal rearrangements. Although the zone has been well studied, up to date there is no consensus about its origin and mechanism of maintenance. One important aspect in elucidating the origin of a hybrid zone is the timing of events of divergence between parental taxa.

We estimated the demographic history of *U. convexum* and *U. davisii* populations, describing the recent migration of species involved on the hybrid zone through mismatch distribution analysis, Bayesian skyline plots and neutrality tests. We reconstructed the biogeographic history of the genus in RASP 3.02. Divergence time among species was determined following a Bayesian approach in BEAST assuming a lognormal relaxed-clock model.

The diversification of *Uroderma* is a recent event that involved dispersal episodes across extreme barriers (Panama and northern Andes highlands), population expansion and retreats that might explain the current distribution of the genus and the fixation of molecular, chromosomal, and morphological traits. Since the hybrid zone involves two non-sister taxa reinforce the secondary contact as the most plausible hypothesis for the origin of Central American hybrid zone.

Evaluación de la señal filogenética y su relación con la resolución topológica para la filogenia del dengue

Natalia González Piñeres¹, Cinthy Lorena¹, Daniel Rafael Miranda Esquivel¹

¹Universidad Industrial de Santander.

La dinámica evolutiva del virus del dengue (DENV) ha sido estudiada utilizando desde regiones pequeñas de genes individuales hasta genomas completos (evidencia total). Dada esta variedad de información y tipo de particiones usadas, es importante determinar cómo afectan la reconstrucción filogenética y qué tanto influyen en las relaciones filogenéticas obtenidas. Una forma de estimar esta dependencia es a través de la señal filogenética. El propósito de este estudio fue evaluar la correlación entre la señal filogenética de cada gen y del genoma total de DENV y propiedades de la topología.

Se depuraron secuencias tomadas de GenBank con uclustv1.2.22q y se alinearon en MUSCLE. Se crearon 11 particiones correspondientes al genoma completo y a los 10 genes que lo conforman. Se determinó el mejor modelo de sustitución para evaluar la señal filogenética por mapeo de likelihood usando el programa TreePuzzle. Se calcularon otras métricas de señal a partir de la topología y se aplicó un test de correlación de Pearson entre índices, resolución filogenética y de nodos iguales de cada partición con respecto a la evidencia total.

La señal filogenética estuvo correlacionada con la resolución topológica. Los demás índices de señal filogenética no presentaron correlación significativa con esta propiedad. El λ de Pagel se correlacionó con el número de nodos iguales entre la topología reconstruida con una partición y el genoma completo. En términos de señal y resolución, los genes NS5 y NS3 son las particiones que presentaron mayores valores después del genoma total, convirtiéndolos en una buena opción para la reconstrucción filogenética de DENV. En contraste, genes como C y NS2A fueron los que presentaron menor señal, resolución y recuperación, indicando una limitada habilidad para inferir relaciones filogenéticas en DENV. En general, la señal filogenética de mapeo de likelihood sería un índice adecuado de resolución filogenética y de recuperación de nodos.

Estimación de tiempos de divergencia bajo los métodos de tasa de variación autocorrelacionada y tasa independiente en función del tamaño de la topología usando MULTIDIVTIME y BEAST

Viviana Lizeth Ayus Ortiz¹, Daniel Rafael Miranda Esquivel¹

¹Universidad Industrial de Santander.

La estimación de tiempos de divergencia puede realizarse a partir de métodos basados en la variación de las tasas de sustitución. El método AR establece que las tasas de variación entre ancestro y descendiente son autocorrelacionadas, mientras que el método RR asigna tasas independientes o aleatorias a cada linaje. Estos dos métodos han sido ampliamente utilizados en la datación de filogenias y para ello se ha recomendado usar varios puntos de calibración; sin embargo, no es común encontrar un número de fósiles equivalente al número de nodos de la topología. Hasta el momento no se ha establecido cuál es el número mínimo de constricciones necesarias para que la estimación de los tiempos de divergencia sea exacta. El objetivo de este trabajo fue determinar cuál es el número mínimo de puntos de calibración en función de la cantidad de terminales de la topología, usando los métodos mencionados.

Se simuló tres árboles para diferentes números de terminales (10, 25, 50 y 100) y una edad de 31 millones de años en la raíz con el paquete PHYTOOLS. A partir de las topologías se simuló secuencias usando el programa SEQ-GEN bajo el modelo HKY. Las secuencias fueron analizadas usando los métodos AR y RR en MULTIDIVTIME (MDT) y BEAST, respectivamente. Se realizó una correlación de Pearson comparando los tiempos propuestos en el árbol simulado con los estimados por cada método.

La exactitud en la datación con los métodos AR y RR varió negativamente de acuerdo con el número de terminales de la filogenia, por lo que el número de puntos de calibración debe estar en proporción con el número de terminales. La adición del segundo punto de calibración no mejora la datación de la filogenia para ninguno de los casos revisados. En consecuencia, el número mínimo de puntos de calibración es uno.

Además, para disminuir el error un 5% y aumentar el coeficiente de correlación de las topologías de mayor tamaño con respecto al obtenido en las topologías pequeñas con un único punto de calibración, se requiere un número de puntos que sea al menos cuatro veces el mayor número de puntos evaluados. Sin embargo, una solución sería datar por separado pequeños clados dentro de la topología con el fin de obtener un alto coeficiente de correlación para la filogenia. El tamaño de la filogenia influye, independientemente del método usado, en la estimación de los tiempos de divergencia.

Biogeografía histórica de *Characidium*: dispersión desde el Amazonas hasta el sureste del Suramérica explica su distribución actual

Daniel Poveda-Martínez¹, Víctor Hugo García-Merchan¹, Chrystian Camilo Sosa Arango¹

¹Universidad del Quindío.

Characidium es un género de peces neotropicales que comprende cerca de 58 especies, lo que lo convierte en el género más especioso de la familia Crenuchidae. Se extiende desde el extremo este de Panamá hasta el norte de Argentina, siendo un componente importante de la ictiofauna presente en las principales cuencas hidrográficas suramericanas. Se buscó generar una aproximación a los patrones evolutivos de *Characidium* explorando su historia biogeográfica y relaciones de parentesco de algunas de las especies que lo conforman a través de marcadores moleculares y aproximaciones de biogeografía histórica.

Para esto, se realizó un análisis filogenético con tiempo calibrado en BEAST que incluyó cinco especies de *Characidium* y tres especies externas empleando los genes mitocondrial 16S y nuclear RAG2. Para la reconstrucción biogeográfica se realizaron análisis de S-DIVA y DEC implementados en RASP. Finalmente, se realizó un análisis de componentes principales (ACP) para evaluar los requerimientos ambientales de las especies.

Los resultados evidenciaron la monofilia de las especies incluidas e indicaron que el ancestro de *Characidium* se originó durante el Eoceno, hace aproximadamente 50 millones de años en un área drenada por la cuenca Amazónica. Además, se destacan diversos eventos de dispersión y vicarianza que dieron lugar a la distribución actual de las especies. Los principales requerimientos ambientales de estas especies están relacionados con la precipitación y temperatura y son más similares entre más relacionadas están las especies. El origen antiguo de *Characidium* propuesto en este trabajo coincide con el establecido para la ictiofauna suramericana, en donde eventos como el levantamiento de los Andes, las fluctuaciones del nivel del mar, entre otros, fueron fundamentales en la formación y delimitación de las cuencas donde se originó y hoy se distribuyen las especies de *Characidium*.

Selección multinivel espacio y denso-dependiente en maíz infestado con arvenses

César Marín¹

¹Universidad Austral de Chile.

La selección de grupo artificial ha sido propuesta como método de fitomejoramiento en cultivos, sin embargo, no se ha considerado la posibilidad que la selección natural ya esté actuando en niveles superiores al individuo. Por procesos de selección natural y/o artificial, el éxito reproductivo de un organismo puede depender de sus caracteres y de las características del grupo al cual pertenece, lo que se conoce como selección multinivel tipo I. La selección multinivel tipo II se define como la extinción o reproducción diferencial de grupos/demes, caso en el cual, los caracteres medidos son emergentes, ya que sólo se pueden medir a nivel de grupo. En plantas, es esperable que los dos tipos de selección multinivel dependan de la densidad y el arreglo espacial. Se pretende evaluar la fuerza y dirección de la selección natural en diferentes niveles biológicos, variando densidades y arreglos espaciales en maíz infestado con arvenses.

Durante 2012 y 2013 se sembró *Zea mays* en competencia con *Brachiaria brizantha*. Se utilizó un diseño de bloques y en cada réplica la cosecha total fue

pesada, así como la biomasa total de arvenses. Al momento de la cosecha, 10 individuos de maíz vecinos fueron seleccionados, midiendo varios caracteres fenotípicos. Se realizó un análisis contextual para determinar selección multinivel, donde la regresión en fitness relativo se realiza sobre los caracteres individuales medidos, sus promedios del deme y sobre la densidad y el arreglo espacial.

Se detectó selección multinivel tipo I a nivel individual y grupal. En general, la uniformidad espacial promueve que la selección natural actúe a nivel de grupo, pero la respuesta varía entre variedades de maíz e incluso entre años. En algunos casos, la selección a nivel de grupo tuvo más fuerza que la selección individual. La productividad del cultivo y la supresión de arvenses se incrementaron con alta densidad y uniformidad espacial, pero la respuesta depende nuevamente de la variedad. La selección multinivel tipo II se identificó como la reducción de la variación fenotípica en el ángulo de inserción de la hoja más vieja, un carácter emergente que presentó selección estabilizadora a nivel individual, incrementando significativamente la productividad. La variedad que tuvo menor detección de selección de grupo fue la que a su vez tuvo la menor productividad y mayor variación en el ángulo de inserción de la hoja más vieja. Una reducida variación del ángulo de inserción de la hoja más vieja en condiciones de competencia con malezas y alta densidad y uniformidad espacial parece ser un carácter emergente candidato para programas de selección de grupo artificial.

CARTELES

Identificación de las especies genómicas del complejo *Acinetobacter baumannii-calcoaceticus* mediante el análisis del gen del ADNr 16S

Romel Fabián Gómez Naranjo¹, Monica Chavez¹,
Andres Castillo²

¹Universidad Libre. ²Universidad ICESI.

La resistencia de los microorganismos a los antibióticos es un problema de salud pública que afecta a la mayoría de los países del mundo debido a la presión selectiva que ha ejercido el uso indiscriminado de estos medicamentos. En este estudio se identificaron las especies genómicas del complejo *Acinetobacter baumannii-calcoaceticus* (ACB) mediante el análisis del gen del ADN ribosomal 16S.

Se secuenciaron 27 muestras del gen de ADN ribosomal 16S y se alinearon con 27 secuencias referencia de genoespecies del género de *Acinetobacter* obtenidas de Genbank. Se construyó un árbol filogenético bajo un algoritmo de máxima verosimilitud. Todos los aislamientos pertenecieron al complejo ACB, esto coincide con lo encontrado en varios reportes donde la mayoría de aislamientos son de origen clínico del género *Acinetobacter*.

Phylogeography of *Amanita* spp. associated to *Quercus humboldtii* forest in Colombia

Natalia Vargas¹, Carlos José Pardo-De la Hoz¹, Silvia Restrepo¹

¹Universidad de los Andes.

Ectomycorrhizal (ECM) fungi are root-associated mutualists to many dominant trees of temperate, boreal, and tropical forests. Montane cloud forests in the Cordilleras of Colombia are dominated by *Quercus humboldtii* species, where a high diversity of native, as well as foreign ECM species, are associated to this type of ecosystem. The colonization of a foreign fungal species in a native ecosystem is due to several sources, such as the introduction throughout co-migration in association with an industrial plant species or by natural dispersion with its host. Based on the phylogeographic analysis of five introduced *Amanita* spp. (*A. muscaria*, *A. rubescens*, *A. citrina*, *A. xyliniivolve* and *A. flavoconia*) and the native species *A. fuliginodisca* collected in Colombia, we reconstructed the ancestral origin region and the approximate date of colonization into *Q. humboldtii* forests.

A molecular clock analysis using fossil calibrations within the major groups of fungi was performed in order to estimate a second calibration point to finally estimate divergence times within the genus *Amanita*. The most probable common ancestor of foreign and native species

was assessed by Bayesian inferences with the ITS and nLSU nuclear regions, coupled with an ancestral state reconstruction of geographic ranges in RASP.

Multiple origin regions that correspond with multiple stories of colonization were determined for the *Amanita* species. Dispersal events to tropical regions (Colombian montane cloud forest) of species associated with industrial plant species, such as *A. muscaria* and *A. rubescens*, appeared to share a common origin according to the hypothesis of an Eurasian origin of most southern hemisphere invasions, occurring mostly during the late Myocene and Pliocene. Species not associated with industrial plantations have a different history that probably concurs with a natural migration of *Quercus*-dominant forests from North America into tropical montane wet forest, such as the species *Q. humboldtii* in Colombia.

¿Evidencia total, genes nucleares, o no nucleares? he ahí el dilema

Omar Daniel León-Alvarado¹, Daniel Rafael Miranda-Esquivel¹

¹Universidad Industrial de Santander.

Los métodos de datación para estudiar procesos evolutivos han sido empleados en varios grupos, como Chiroptera o Gimnospermas. Aunque el ADN no nuclear ha sido el más ampliamente reportado debido a su alta tasa de evolución, herencia uniparental o la ausencia de recombinación. También se han empleado tanto particiones de genes nucleares, no nucleares, como la combinación de ambos. Los resultados entre las particiones han variado, por lo que un posible acercamiento es contrastar distintos modelos de reloj molecular con genes nucleares y no nucleares para visualizar las diferencias en un grupo en particular. Este trabajo comparó los tiempos de datación estimados usando genes nucleares, no nucleares y una combinación de ambos.

Se obtuvieron secuencias del GenBank para cuatro grupos taxonómicos (Picidae, Testudines, Gimnospermas y Chiroptera) y se generaron tres particiones: genes nucleares, genes no nucleares y el producto concatenado de las dos particiones anteriores. Se realizó una reconstrucción filogenética con PhyML con cada partición usando solo el modelo de sustitución Jukes Cantor para evitar una influencia del modelo en el análisis. Para el cálculo de los tiempos de divergencia se usó la técnica de tasa de suavizado heurística en el programa BASEML con un mínimo de tres puntos de calibración fósil y dos modelos: reloj estricto (RE) y reloj local (RL). Finalmente se compararon los tiempos y los deltas de las desviaciones estándar (SD) de la divergencia estimada por partición, y se hizo una correlación de Pearson entre los deltas de SD cada partición y número de nodos comunes en cada grupo.

Las topologías tuvieron en promedio 40% de nodos comunes sin diferencias en las dataciones generadas bajo RE o RL en todos los grupos. La partición combinada presentó los valores más bajos del delta de SD, excepto en Gimnospermas. Chiroptera y Picidae presentan valores pequeños del delta de SD en las particiones nuclear y combinada, mientras que Testudines y Gimnospermas presentan valores altos de delta de SD en las particiones nuclear y mitocondrial. Estos dos patrones pueden relacionarse con la

antigüedad de los grupos, considerando que se espera una divergencia anterior de Testudines-Gimnospermas con relación a los más recientes Chiroptera-Picidae. Para todos los vertebrados la partición combinada fue la más cercana a los resultados registrados en la literatura. Existen otros parámetros que pueden influenciar los tiempos y SD, como número de genes y/o terminales y el número de puntos de calibración, que deben evaluarse.

Ácaros de las flores asociados a colibríes (Acari: Mesostigmata: Melicharidae) y su efecto en la disponibilidad de néctar de *Macleania rupestris* (Kunth A.C. Smith 1935) en inmediaciones del Parque Natural Municipal Ranchería (Paipa, Boyacá)

Juliana Soto-Patiño¹, José Cóbbita-Ch¹, Alejandra Rodríguez-Abauza¹, Felipe Moreno-Mancilla¹, Jeniffer Gómez-Camargo¹, Wilmer Gutiérrez¹, Joseph Vega¹, Hugo Cusba¹

¹Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Muchas especies de plantas del Neotrópico dependen de los colibríes para su polinización. No obstante, a menudo las flores son explotadas por "ladrones de néctar", los cuales recogen la recompensa ofrecida a los polinizadores y no proporcionan ningún beneficio. Los ácaros de las flores (Acari: Mesostigmata: Melicharidae) no sólo dependen del néctar, sino también de los propios polinizadores para su dispersión, la cual se logra mediante un mecanismo conocido como forésis usando los picos de los colibríes. Dichas asociaciones presentan evidencias de coevolución entre colibríes, ácaros y las flores que éstos explotan. Aunque se han estudiado ampliamente las interacciones entre las plantas y sus polinizadores, poco se conoce acerca de las interacciones de los ácaros de las flores con las plantas. Este estudio evalúa el efecto de los ácaros en la disponibilidad de néctar en flores de *Macleania rupestris* en inmediaciones del Parque Natural Municipal Ranchería (Paipa, Boyacá).

Se seleccionaron tres localidades con individuos de *M. rupestris* y se midió la cantidad de néctar y la concentración de azúcares en intervalos de 3 horas durante 12 horas. Se realizaron tres tratamientos: (1) grupo control con flores descubiertas, (2) flores embolsadas que contenían ácaros y (3) flores embolsadas sin ácaros. Los ácaros fueron recolectados directamente de las flores e identificados en el laboratorio. Paralelamente, se registraron los visitantes florales de *M. rupestris* mediante observación directa.

Se registraron visitas de colibríes (*Colibri coruscans*, *Lafresnaya lafresnayi*, *Metalura tyrianthina*, *Eriocnemis vestita*, *Adelomyia melanogenys*), pinchaflores (*Diglossa humeralis*, *D. cyanea*), ácaros de las flores (*Rhinoseius* sp.), Trips (Thysanoptera) y coleópteros (Curculionidae). Las flores abiertas de *M. rupestris* producen un volumen de néctar promedio de 5,3226 µL, en flores con ácaros 8,0983 µL y en flores sin ácaros 8,0093 µL. Hubo diferencias significativas entre los tratamientos (1 y 3),

por lo cual se infiere que la presencia de ácaros no es el principal factor que influye en la disponibilidad de néctar de *M. rupestris*. Estos resultados difieren de otros estudios que reportan una reducción considerable en la disponibilidad de néctar en las flores debido a la presencia de estos ácaros. La producción de néctar podría haber incrementado en el transcurso de la evolución, no sólo por las presiones selectivas impuestas por los polinizadores, sino también para compensar la reducción que sufren después de la explotación por ladrones de néctar.

Revisión de características fenotípicas del sistema de veneno en arácnidos: un primer paso para comprender su evolución

Benjamín Riveros-González¹, Camila Peña-Vergara¹, Daniel F. Ocampo Gallego¹, Cristian Torres-Cohecha²

¹Universidad del Quindío. ²Universidad Nacional de Colombia.

El sistema de veneno en arácnidos es un conjunto de innovaciones morfofisiológicas dadas en un rango filogenético amplio y originadas por depredación. La sustancia está compuesta por la combinación de 14 familias proteicas que han evolucionado convergentemente en un máximo de 24 linajes. En arácnidos, los sistemas de veneno han aparecido de manera independiente por lo menos en los órdenes Araneae, Escorpiones, Pseudoscorpiones y Acari, sin embargo, convergen en cuanto a la composición de sus toxinas. Actualmente hay un vacío en la información para el orden Pseudoscorpiones.

Se desarrolló una recopilación bibliográfica sobre los sistemas de venenos en los arácnidos, determinando la ocurrencia del veneno dentro de los órdenes y teniendo en cuenta a quienes presentan este carácter. También se compararon las adaptaciones morfológicas en escleritos para la inyección o aplicación del veneno, anatomía interna y composición de las toxinas del veneno. Se analizaron las implicaciones ecológicas y filogenéticas.

Los sistemas de veneno en arácnidos poseen independencia marcada y no existe convergencia en la clase. Mientras que en algunos las adaptaciones del sistema son de peso filogenético, en otros no. En cuanto a las toxinas, diversos estudios demuestran convergencia evolutiva, pero no solamente para Arachnida, sino para los organismos venenosos en general. Hay cinco tipos distintos de sistema de veneno arácnidos y aunque poseen variaciones entre taxa, sólo han surgido evolutivamente una vez por orden.

Diversificación morfológica del género *Piper* l. (Piperaceae) en el Neotrópico

Angela Celis^{1,2}, Mauricio Torres², M. Alejandra Jaramillo³

¹Universidad Industrial de Santander. ²Fundación Iguaque. ³Universidad Distrital Francisco José de Caldas.

La región neotropical contiene la mayor diversidad de angiospermas del mundo. Para explicar su origen se han propuesto dos modelos de diversificación. El modelo "museo" plantea que la diversidad resulta de un proceso con tasa constante de especiación, mientras que el modelo "cuna" propone que la diversidad resulta de una acumulación rápida y reciente de especies a través de tasas de especiación altas. *Piper* es un buen grupo para estudiar la diversificación en el Neotrópico dada su riqueza (1300 sp.) y amplia distribución (Norte de México a Chile, 0 a 2500 msnm). En este trabajo estudiamos la relación entre diversificación de linajes y diversidad morfológica en *Piper*.

Se estimaron las edades de divergencia usando la secuencia ITS, dos calibraciones fósiles y un punto de calibración secundario en el programa BEAST. Se estimó el patrón de diversificación de linajes ajustando varios modelos de diversificación basados en el proceso de nacimiento-muerte usando las librerías Laser y MEDUSA en R. Se tomaron 10 medidas funcionales y descriptivas de la forma de la hoja a 120 especies de *Piper*. Se calculó el índice de disparidad morfológica y se ajustaron tres modelos de evolución morfológica: movimiento browniano, Ornstein-Uhlenbeck y delta.

La acumulación de linajes fue casi constante durante la mayor parte de la historia evolutiva de *Piper*. Sin embargo, ocurrieron dos aceleramientos en la tasa de diversificación recientemente en dos de los linajes más ricos dentro del género. El análisis de evolución morfológica indicó que la mayor parte de la diversidad de la forma de la hoja se encuentra al interior de los linajes de *Piper* y que dicha diversidad ha evolucionado de acuerdo a un modelo de movimiento browniano. Los clados que distribuyen su diversidad morfológica al interior de los linajes se caracterizan por la evolución repetida de combinaciones de caracteres y por tasas constantes de especiación. *Piper* podría presentar convergencias evolutivas entre sus linajes puesto que se observa un solapamiento en la ocupación del morfoespacio. La extraordinaria diversidad de *Piper* es el resultado tanto de una tasa constante de especiación (modelo museo) como de aumentos rápidos en la tasa de especiación localizados en dos de sus subclados más diversos (modelo cuna) y que los cambios en la tasa de diversificación no afectaron de forma directa la evolución morfológica del género.

Posición sistemática y morfológica funcional de restos de ictosaurio encontrado en capas del cretácico de Villa de Leyva, Boyacá

Dirley Yiseth Cortés Parra¹

¹Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Ichthyosauria es un orden diverso de reptiles diápsidos extintos altamente adaptados a la vida marina que vivieron entre el triásico tardío y el cretácico temprano. Los ictiosaurios fueron los primeros amniotas secundariamente acuáticos en desarrollar un cuerpo en forma de delfín con extremidades adaptadas para una locomoción eficiente a través del incremento en el número de falanges por dígito e incremento del número de dígitos. En Sudamérica han sido descubiertas varias especies en rocas jurásicas y cretácicas de Argentina, Chile y Venezuela, principalmente. Solo se conoce una

especie para Colombia: *Platypterygius sachicarum* Páramo proveniente de capas del Barremiano-Aptiano de Villa de Leyva, Boyacá, del cual no se conocen sus extremidades. Este estudio es el primer reporte de restos apendiculares de ictiosaurio para Colombia.

El material se encuentra depositado en la colección de vertebrados del Centro de Investigaciones Paleontológicas de Villa de Leyva. El material fue curado mecánicamente y químicamente. Se realizó una tomografía computarizada en el Hospital Universitario San Ignacio. Las imágenes se visualizaron en IQ-view y los elementos óseos internos se modelaron en MIMICS 17.0. Se organizó una base de datos de las especies de ictiosaurios de jurásico superior (163.5 millones de años) al cretácico superior (93.9 millones de años).

De acuerdo con el número de elementos óseos encontrados y su grado de articulación, el material correspondería a los restos de dos extremidades anteriores de ictiosaurio. Por la orientación de las costillas preservadas, la extremidad con mayor articulación es la anterior derecha. Asociados a ésta, se encuentran los restos desarticulados de la extremidad izquierda. El estilopodio se encuentra muy fragmentado, mientras que el zeugopodio y el basipodio presentan alto grado de preservación. Es probable que parte del material permanezca en campo o que el tiempo de exposición hayan rodado las demás estructuras del esqueleto, evitando la preservación del espécimen completo.

De acuerdo con las características del húmero, particularmente la presencia de 3 facetas distales, se postulan dos posibles géneros: *Brachypterygius* sp. y *Platypterygius* sp. Sin embargo, los reportes del primer taxón corresponden a registros de jurásico superior, situando como candidato inmediato al género *Platypterygius* sp. Los ángulos de las falanges y el húmero robusto indican alta funcionalidad para natación.

Correlación entre los genes ribosomales 5S y 18S rARN en Elasmobranchii

Daniela Moraga¹

¹Universidad del Valle.

Entender la evolución de los sistemas biológicos a diferentes niveles es importante en la biología. Un caso es el plegamiento de los genes ribosomales, los cuales han sido clasificados dentro de dos familias múltigenas denominadas repeticiones 5s y 45s rARN. En la actualidad, el modelo de evolución concertada representa una explicación plausible sobre la dependencia recíproca y tendencia a la homogenización por parte de estos genes. Estructuralmente están organizados en dos subunidades (SSR: 5S, 5.8S, 28S rARN; STU: 18S rARN) que presentan una acción coordinada durante la traducción del material genético.

Se analizaron 49 secuencias de los genes 5S y 18S del Genbank y siete de un grupo externo. Se realizó un alineamiento estructural secundario utilizando el programa LocARNA, la depuración del alineamiento se hizo en el programa Local variation (LoCo). La genealogía de los genes se realizó mediante el

programa PHASE y la comparación entre las dos genealogías se obtuvo por el programa Mesquite. El análisis de correlación estadística se determinó por información mutua (MI) utilizando un script de Python. La predicción estructural de ambos genes se ejecutó en el programa estructural secundario Assemble RNA.

Se observó una historia filogenética similar entre los genes 5s y 18s rARN. Los cambios en estos genes están correlacionados, en el 80% de los sitios hubo la correlación más alta en el tallo de la estructura secundaria mientras que los bucles fueron más conservados. La frecuencia alta de adeninas en los bucles podría reflejar un sesgo en la mutación, además es la menos polar de las cuatro bases lo que sugiere una mayor interacción con proteínas hidrofóbicas ribosomales. El gen 5S rARN en tiburones y rayas presenta dos tipos, aunque en las rayas de agua dulce Potamotrygonidae y Paratrygonidae solo presentan uno.

Dos historias de diversificación en piojos parasíticos y de vida libre (Neoptera: Psocodea): genes mitocondriales y nucleares

Cristian Román Palacios¹

¹Universidad del Valle.

Se ha planteado como determinante en la diversificación de muchos linajes animales la ocurrencia de eventos masivos de extinción (eg. Límite KPg) o cambios cíclicos a nivel mundial (eg. Ciclos de Milankovitch). En piojos, los eventos evolutivos dependen de características biológicas complejas, como co-especiación y co-adaptación y/o eventos biogeográficos. Se han descrito dos tasas evolutivas disímiles en la filogenia de Psocodea: linajes de vida libre y parasíticos. Este trabajo evaluó las tendencias históricas en la diversificación de piojos.

Se incluyeron secuencias mitocondriales (COI, 16S y WG) y nucleares (H3 y 18S) publicadas de 530 piojos de los cuatro subórdenes y 50 puntos de calibración fósiles. Se seleccionó el mejor patrón de particionado con PartitionFinder, reconstruyó un árbol filogenético con MrBayes y se calibró en BEAST. Los análisis macroevolutivos se realizaron usando el paquete de R BAMM.

Algunos linajes parasíticos tienen una relación casi directa entre sus tasas de diversificación y las de los grupos hospederos, principalmente mamíferos y aves donde son parásitos obligados. Los cambios de diversidad de hospederos ocurridos en el límite cretácico-paleógeno tuvieron gran efecto en los órdenes parasíticos, generando uno de los mayores cambios en diversidad en la filogenia de Psocodea. Se corroboraron dos tasas evolutivas que responden a la identidad biológica. Un único cambio de hábito de vida libre a parásito fue inferido. Los eventos mayoritarios de especiación y extinción, además de los cambios en las tasas de diversificación en piojos de vida libre, ocurrieron en su mayoría durante periodos de alta actividad geológica, pero algunos otros se relacionaron con eventos globales de extinción.

AVISOS Y AGRADECIMIENTOS

Acompáñanos en Facebook (/COLEVOL) y Twitter (@colevol) para compartir información sobre cursos, becas, publicaciones y temas de interés en biología evolutiva.

¡Muchas gracias por sus aportes a este número del Boletín Colombiano de Biología Evolutiva y a las actividades de las mesas de trabajo regional de la Red Colombiana de Biología Evolutiva!

Alejandra Rodríguez Abaunza, Alejandro Campuzano, Alejandro Poveda, Ana Martín, Andrés Cuervo, Andrés Ruiz Acosta, Andrew J. Crawford, Antonio Diéguez, Blanca Arbeláez, Camilo Morales Lugo, Camilo Salazar, Carlos Jaramillo, Carlos Jiménez Rivillas, Carlos Sarmiento, Daniel Cadena, Daniel Ortiz-Barrientos, Diana Lucía Buitrago, Diana Palacios, Diego Giraldo, Edwin Hurtado, Eliécer Gutiérrez, Esteban Domínguez, Eugenio Andrade, Fabián Salgado Roa, Fernando Vargas Salinas, Gabriel Bedoya, Germán Darío Gómez Marín, Giovanni Valencia, Gloria Gutiérrez, Gustavo Flórez, Héctor Manuel Arango, Hugo Mantilla-Meluk, Ivan Botia, Jairo Camacho, Javier Briceño, Javier Luque, Javier Sierra, Jessica Arenas Castro, José Ignacio Martínez, José Luis Cómbita, Juan David Andrade Niño, Juan Fernando Díaz-Nieto, Juan Ignacio Muñoz, Juliana Cardona-Duque, Juliana Soto Patiño, Liliana Rosero, Magdalena Echeverry de Polanco, María Ángela Echeverry Galvis, María José Sanín, Mariana Cortés Escarraga, Martha Serrano, Melissa Uribe Acosta, Michael L. Arnold, Mónica Medina, Natalia Pabón-Mora, Néstor Pachón, Néstor Roncancio, Nicolás Malagón, Rafael Arévalo, Raúl Sedano, Rodrigo Singer, Santiago David, Santiago David Rivera, Sergio A. Muñoz-Gómez, Tatiana Arias, Víctor Hugo García Merchán, Wendy Valencia Montoya, William Posada.

Parque Explora, Planetario de Medellín Jesús Emilio Ramírez, Dirección de Investigaciones de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia y sus grupos de investigación GBPC, GECOS, GIAAH, EBAC, WAIRA, Museo de Historia Natural Luis Gonzalo Andrade y Museo Arqueológico de Tunja, Centro de investigaciones Paleontológicas de Villa de Leiva, Grupo Obelisco, Escuela de Investigación en Biomatemáticas de la Universidad del Quindío, Fundación Conservando Medio Ambiente y Cultura.

La Red Colombiana de Biología Evolutiva agradece a las siguientes sociedades por su apoyo a la realización del **V Simposio de Biología Evolutiva de Colombia** y la **IV Escuela Latinoamericana de Evolución (ELAevo)**: *American Genetic Association, American Society of Naturalists, European Society for Evolutionary Biology y Society for the Study of Evolution.*

