

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 7 Número: 1 Año: 2019



ISSN: 2500-6762 (En línea)
Bogotá, D.C. - Colombia

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EDITORES

Henry Arenas-Castro

Juan Pablo Narváez-Gómez

Kevin Jiménez-Lara

University of Queensland

Universidade de São Paulo

Universidad Nacional de La Plata

COMITÉ CIENTÍFICO

Alejandra Vasco

Alejandro Berrío

Ana L. Caicedo

Andrés L. Cárdenas-Rozo

Andrés J. Cortés

Andrew J. Crawford

Bibiana Rojas

Camilo Salazar Clavijo

Carlos F. Arias Mejía

Carlos Daniel Cadena

Carlos E. Guarnizo

Carlos A. Machado

Carlos A. Navas

Carolina Pardo-Díaz

Catalina Pimiento

Daniel R. Matute

Daniel Rafael Miranda-Esquivel

Daniel Ortiz-Barrientos

Federico D. Brown

Felipe Zapata

Fernando Díaz

Gustavo A. Bravo

Héctor E. Ramírez-Chaves

Hernán Burbano

Iván Darío Soto-Calderón

Ivania Cerón Souza

Javier Alejandro Maldonado-Ocampo

Jeffrey Wilson Mantilla

José Tavera

Juan C. Chacón-Duque

Juan Diego Gaitán-Espitia

Juan M. Daza

Juan Nicolás Malagón

Juan Sebastián Escobar

Julián Aguirre-Santoro

Botanical Research Institute of Texas

Duke University

University of Massachusetts Amherst

Universidad EAFIT

Göteborgs Universitet

Universidad de los Andes

University of Jyväskylä

Universidad del Rosario

Smithsonian Tropical Research Institute

Universidad de los Andes

Universidad de los Andes

University of Maryland

Universidade de São Paulo

Universidad del Rosario

Museum für Naturkunde Berlin

University of North Carolina, Chapel Hill

Universidad Industrial de Santander

University of Queensland

Universidade de São Paulo

University of California, Los Angeles

University of Arizona

Harvard University

Universidad de Caldas

Max Planck Institute for Developmental Biology

Universidad de Antioquia

CORPOICA

Pontificia Universidad Javeriana

University of Michigan

Universidad del Valle

University College London

University of Hong Kong

Universidad de Antioquia

University of Toronto

Centro de Investigación Vidarium

Universidad Nacional de Colombia

Mailyn A. Gonzalez
Margarita M. López-Urbe
María Ángela Echeverry-Galvis
María del Rosario Castañeda
Maryam Chaib De Mares
Mauricio Rivera-Correa
Mónica Medina
Natalia Pabón Mora
Natasha I. Bloch
Rafael F. Guerrero
Raul Sedano
Ricardo Mallarino
Santiago Herrera
Santiago Ramírez
Sergio A. Muñoz-Gómez
Simón Uribe-Converts
Tatiana Arias
Víctor Hugo García Merchan
Y. Franchesco Molina Henao

Instituto Humboldt
Pennsylvania State University
Pontificia Universidad Javeriana
Instituto Humboldt
Rijksuniversiteit Groningen
Universidad de Antioquia
Pennsylvania State University
Universidad de Antioquia
University College London
Indiana University
Universidad del Valle
University of Princeton
Lehigh University
University of California, Davis
Dalhousie University
University of Michigan
Corporación para Investigaciones Biológicas
Universidad del Quindío
Universidad del Valle

EDICIÓN GRÁFICA

Andrea Marique-Rincón

Wellcome Sanger Institute

Asociación Colombiana de Biología Evolutiva junta directiva 2016-2019

Presidente: Jose Tavera
Secretario: Henry Arenas-Castro
Tesorera: María del Rosario Castañeda
Vocales: Carlos Jiménez-Rivillas
Diego A. Hernández
Fabián Salgado-Roa
Héctor E. Ramírez-Chaves
Liliana Sonalo Flórez
María Camila Jaramillo
Víctor Hugo García Merchan
Viviana Delgado
Wendy A. Valencia-Montoya

Universidad del Valle
University of Queensland
Instituto Humboldt
Universidad de los Andes
Universidad de Cundinamarca
Universidad de los Andes
Universidad de Caldas
Universidad de Sucre
Universidad de Caldas
Universidad del Quindío
Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia
Harvard University

Portada: *Megascops choliba*

Bucaramanga, Santander

 Fernando Cediél, 2013

CONTENIDO

CARTA EDITORIAL	6
EDITORIAL NACIONAL	8
Ciencia Café pa' Sumercé como herramienta de divulgación científica	
Carlos E. Guarnizo, Andrew J. Crawford, Cait May, Sandra V. Flechas, Sandra P. Galeano, Nicolás Urbina	
EDITORIAL INTERNACIONAL	10
Escuela Latinoamericana de Evolución	
Juan C. Opazo, Daniel Naya, Enrique Lessa	
RECONOCIMIENTOS	12
Hace tiempo	
Yesenia Madrigal	
Javier Felipe Tabima	
Laura Melissa Guzman	
Jorge Alejandro Rojas & Lina María Quesada	
COMENTARIO CIENTÍFICO	14
Cómo la biología evolutiva puede contribuir al desarrollo agrícola de Colombia	
Ivania Cerón-Souza & Andrés J. Cortés	
CIENCIA CRIOLLA	17
Hace Tiempo, un viaje paleontológico ilustrado por Colombia	
Luz Helena Oviedo & Carlos Jaramillo	
Efecto del levantamiento de los Andes en la conectividad genética de las poblaciones de una araña neotropical	
Fabián C. Salgado-Roa	
INVESTIGAR EN COLOMBIA	19
Arte, movilidad y control de enfermedades	
Alejandro Valencia-Tobón	
INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	21
Las especies de divulgación	
David Vásquez Muriel	
NODOS	22
Margarita M. López-Uribe	

BIODIVERSIDAD **24**

Nueva especie de libélula del Parque Nacional Natural Tatamá

Nuevo fruto fósil de una leguminosa en el Eoceno de Santander

DESARROLLOS COMPUTACIONALES **25**

RAXML-NG

learnPopGen: un nuevo paquete de R para la enseñanza de la biología evolutiva

Bases de datos morfológicas

ARTÍCULOS RECOMENDADOS **27**

Evolución humana

Evolución del comportamiento

Ecología Evolutiva

Evo-Devo

Evolución molecular

Genética evolutiva

Morfología y fisiología evolutiva

Paleontología evolutiva

Sistemática y filogenética

EVENTOS ACADÉMICOS **32**



Amazilia castaneiventris
Los Santos, Santander
📷 Fernando Cediél, 2018

CARTA EDITORIAL

El Boletín Colombiano de Biología Evolutiva ha tenido como misión visibilizar el trabajo de los biólogos evolutivos colombianos y estimular la apreciación de la biología evolutiva entre la comunidad colombiana y de la región. La publicación periódica del boletín es producto del esfuerzo continuo de una comunidad activa de estudiantes y profesionales apasionados por la biología evolutiva.

Desde el año 2013 prestamos nuestro servicio como editores del boletín a la Asociación Colombiana de Biología Evolutiva – COLEVOL, labor gratificante que nos ha permitido interactuar con una comunidad académica diversa. Sin embargo, a partir de este número, el noveno, deseamos abrir las puertas a una nueva generación de estudiantes ávidos por promover la disciplina desde diferentes regiones de Colombia.

Cuando nos embarcamos en esta aventura, éramos estudiantes de pregrado ilusionados por acercarnos a la creciente comunidad de biólogos evolutivos colombianos a través de nuestra participación en las Mesas de Trabajo Regional (MTR) de COLEVOL, una red en crecimiento por entonces. En gran parte gracias a COLEVOL, muchos de los que hemos participado en la realización de este boletín hemos continuado nuestra formación por fuera de Colombia. Por eso resaltamos el valor que el trabajo en red promovido por COLEVOL puede tener en el futuro de las próximas generaciones de estudiantes en esta área.

Desde la publicación del primer número, el boletín obtuvo registro ISSN y aumentó su número de lectores y difusión por redes sociales. A la par, COLEVOL creció aceleradamente, pasando de 4 a 10 MTR en diferentes regiones de Colombia y de 22 a 54

miembros en su comité científico, además de constituirse legalmente como asociación y celebrar tres simposios nacionales. Sin embargo, este crecimiento demanda una relación más cercana del boletín y, por ende, de sus editores con los miembros de COLEVOL a lo largo del territorio nacional para que sus páginas reflejen la pluralidad de nuestra comunidad.

Como editores salientes, estamos muy agradecidos con todos los colaboradores que hicieron posible la publicación de estos nueve números del boletín aportándonos sus notas, fotografías e ilustraciones número tras número. Un trabajo admirable si se considera que fue realizado de forma voluntaria y motivado por las ganas de compartir el goce intelectual de estudiar y apreciar la evolución en un país como Colombia.

Las MTR han sido fundamentales para difundir el gusto por la discusión académica entre estudiantes y llevar muchas actividades más allá de las puertas de las universidades a diferentes tipos de público. Esperamos que esto haya servido no solo para crear un mapa de quienes somos los miembros de la comunidad COLEVOL, sino también para encontrar sus propias pasiones en la biología evolutiva y oportunidades para hacerlas posibles.

El comité científico y autores invitados han sido otro de los pilares del boletín. Sin sus escritos, opiniones y asesoría, el boletín no tendría la credibilidad y visibilidad que ha alcanzado dentro y fuera de Colombia. Ha sido especialmente gratificante ver como algunos de sus miembros fueron parte de las MTR y, ahora, desde sus diversas posiciones siguen apoyando las actividades de COLEVOL.

Deseamos que el boletín y COLEVOL sigan siendo espacios de encuentro, conversación e investigación en el que estudiantes, profesores, investigadores y cualquier persona con interés en la biología evolutiva puedan compartir su asombro y curiosidad por la descendencia con modificación.

Les deseamos a los próximos editores éxito y muchos buenos momentos coordinando e integrando este esfuerzo mancomunado por divulgar la biología evolutiva en Colombia.

Con alegría nos despedimos y esperamos que disfruten de este número.

Agradecidos con nuestros lectores,

Juan Pablo Narváez-Gómez 

Universidade de São Paulo

Henry Arenas-Castro 

University of Queensland

Kevin Jiménez-Lara

Universidad Nacional de La Plata

Andrea J. Manrique-Rincón 

Wellcome Sanger Institute



Tangara arthus

Sabaneta, Antioquia

 Fernando Cediél, 2019

EDITORIAL NACIONAL

Ciencia Café pa' Sumercé como herramienta de divulgación científica

Carlos E. Guarnizo , Andrew J. Crawford , Cait May
Universidad de los Andes

Sandra V. Flechas , Sandra P. Galeano 
Instituto Humboldt

Nicolás Urbina
Pontificia Universidad Javeriana

Ni puel chiras, no hay poder humano. ¿Hacer videos de YouTube nosotros? ¿Poner a científicos a hablar de ciencia en un bar? ¿Pero qué dirán nuestros colegas? Eso mejor deje así.

Estos pensamientos nos pasaron mil veces por la cabeza antes de crear nuestro canal de YouTube. Hace ya casi dos años nació Ciencia Café pa' Sumercé, una iniciativa comprometida con divulgar la ciencia que están haciendo científicos colombianos dentro y fuera del país. Nosotros somos biólogos y ecólogos vinculados a diferentes instituciones y creemos que en Colombia es fundamental acercar a la ciudadanía a la investigación que hacen los colombianos, no sólo para que nuestro trabajo como científicos tenga un mayor impacto, sino porque la divulgación científica genera ramificaciones positivas difíciles de predecir en la sociedad y en la academia.

Tradicionalmente, la divulgación de la ciencia no se aprende en las carreras científicas y, también hay que decirlo, es poco común en carreras como comunicación o periodismo. Al publicar nuestros resultados de investigación en revistas científicas que solo leen y entienden los colegas, y al asistir a congresos y conferencias a los que solo asisten los mismos

colegas que leen nuestros artículos, se genera un muro entre los científicos y la ciudadanía.

El mensaje central de esta editorial es que nosotros, desde la academia, podemos divulgar directamente nuestra ciencia. Ya no podemos sentarnos a esperar a que los periodistas se interesen por el tema que tabajamos, nos entrevisten, saquen su nota y así finalmente llegamos a la ciudadanía. Lo que se necesita en realidad es un poco de creatividad, pasión y dedicación. Por ejemplo, nosotros en Ciencia café pa' Sumercé aprendimos, ensayando y errando, a organizar eventos para cientos de personas, entrevistar gente, grabar y editar videos, manejar redes sociales, entre otros. Todo esto lo aprendimos "a las patadas" durante estos dos años. Y contrario a lo que esperábamos, nos hemos dado cuenta de que sí existe interés genuino de la gente por aprender más sobre el mundo desde una perspectiva científica.

Para nosotros lo natural era comunicar nuestros estudios únicamente a otros científicos. Al fin y al cabo eso fue lo que nos enseñaron en la universidad. Sin embargo, cuando vemos el presupuesto destinado para la ciencia en Colombia, inmediatamente notamos que esto

no es muy buena idea. Los fondos para financiar nuestras investigaciones provienen en la mayoría de los casos de los impuestos que la ciudadanía paga y si ésta no valora lo que hacemos es difícil que nos apoye cuando el político de turno quiera reducir el presupuesto de la ciencia y la tecnología (¡otra vez!). Además, la sociedad contemporánea se está informado predominantemente por medio de las redes sociales, que están llenas de información falsa o sesgada. Hay que poner allí también nuestra biología evolutiva, pero de manera precisa, entendible y entretenida.

Parte del éxito de Ciencia pa' Sumercé radica en que hemos trabajado de manera independiente, sin representar a ninguna institución en particular. Afortunadamente, no somos los únicos interesados en divulgar la ciencia en el país, hay muchas otras iniciativas

de divulgación en diferentes ciudades de Colombia. ¡Invitamos a estudiantes y profesionales a que formen sus propias iniciativas! Un país de más de 40 millones de personas necesita miles y miles de científicos divulgando su trabajo a la par con periodistas científicos, oficinas de prensa de universidades y centros de investigación.

Entonces, ¿al fin fue buena idea empezar el canal de YouTube que tanta angustia nos producía? La respuesta es sí. De hecho, esta es probablemente la mejor idea que se nos ha ocurrido en mucho tiempo, de otra forma, COLEVOL no nos hubiera invitado a escribir esta editorial. Juzguen ustedes mismos:

<https://cienciacaferesumerce.wordpress.com/blog/>



EDITORIAL INTERNACIONAL

Escuela Latinoamericana de Evolución

Juan C. Opazo 

Universidad Austral de Chile

Daniel Naya, Enrique Lessa 

Universidad de la República

La biología evolutiva es una disciplina que ha cambiado la manera en que entendemos la diversidad de los seres que habitan nuestro planeta. La evolución responde preguntas tan simples como por qué hay distintos tipos de organismos, y nos muestra que todos los seres vivos estamos relacionados a través de ancestros comunes. Además de ayudarnos a entender cómo ha cambiado la diversidad desde el origen de la vida, la biología evolutiva ha sido fundamental en otras disciplinas. Por ejemplo, en medicina fue esencial conocer conceptos de coalescencia y filogenética para identificar la cepa del virus SARS que afectó a China en el año 2002. En la agricultura y ganadería, la genética cuantitativa ha sido crucial en los procesos de domesticación y desarrollo de variedades aptas para diversas condiciones y usos. Las bases de la teoría evolutiva también han permeado otras disciplinas fuera de la biología. Por ejemplo, en química, conceptos de selección natural han sido usados para mejorar el funcionamiento de distintas moléculas, mientras que en el campo de la justicia, las reconstrucciones filogenéticas han sido usadas para entender patrones de transmisión de virus entre personas e imputar cargos. En el 2018, la biología evolutiva fue galardonada de manera indirecta a través del Premio Nobel de Química, el cual fue otorgado a Frances H. Arnold por su investigación en evolución dirigida de enzimas, en donde usaba

conceptos de selección natural para desarrollar moléculas más eficientes.

Dada la transversalidad de la biología evolutiva, a través del tiempo se han realizado distintas celebraciones para conmemorarla. Estas celebraciones han estado relacionadas generalmente al natalicio de Charles Darwin (12 de febrero de 1809), así como a la publicación de su libro, *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life* (24 de noviembre de 1859), el cual es considerado como el trabajo fundacional de la teoría evolutiva. En el 2009, cuando se cumplieron los 200 años del natalicio de Charles Darwin, así como los 150 años de la publicación de *El origen de las especies*, en Sudamérica nació la Escuela Latinoamericana de Evolución (ELAEVO).

La ELAEVO es un curso de posgrado que se realiza de forma bienal y cuyo objetivo principal es incentivar la interacción de quienes practican la biología evolutiva en Latinoamérica. En sus años de existencia, la ELAEVO ha organizado cursos en distintos países de la región (Uruguay, Chile, Argentina, Colombia y Brasil), a los que han asistido estudiantes de distintos países de Centro y Sudamérica y que han contado con el apoyo de agencias y sociedades científicas de los distintos países. Este año, la ELAEVO cumple 10 años, lo cual

nos llena de orgullo y alegría, no solamente por lo que significa mantener en el tiempo una iniciativa de esta envergadura, sino porque también nos está entregando una identidad como región respecto a la disciplina. En este sentido, es importante incentivar a los distintos países latinoamericanos a promover activamente la biología evolutiva. En particular, la conformación y desarrollo de sociedades científicas tiene un gran potencial para reunir a los científicos, generar colaboraciones y servir como canal de interacción con sociedades de otros países. En la medida que logremos mayor desarrollo e interacción en nuestra región, lograremos una identidad en el contexto internacional.

Por lo anterior, este año el comité académico de la ELAEVO esta preparando una reunión conmemorativa, la cual se realizará entre el 30 de setiembre y el 24 de octubre en la ciudad de Montevideo, Uruguay, país que vio nacer esta iniciativa. En esta edición aniversario, la

ELAEVO contará con la participación de 15 investigadores

latinoamericanos (Brasil, Chile, Uruguay) y 12 investigadores de por fuera de la región (Canadá, Estados Unidos, Francia y Reino Unido), los cuales poseen una amplia trayectoria en distintas áreas de la biología evolutiva, tales como genética de poblaciones, fisiología evolutiva, filogenias y métodos comparativos, transcriptómica y genómica evolutiva. Los participantes serán 30 estudiantes de posgrado provenientes de Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Cuba, México, Paraguay, Perú y Uruguay. Esta afluencia masiva de investigadores y estudiantes de distintas partes del globo ha sido posible gracias al generoso apoyo de distintas instituciones nacionales (Universidad de la República, Programa de Desarrollo de la Ciencias Básicas, Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Institut Pasteur Montevideo) e internacionales (European Society for Evolutionary Biology – Europa, Society for the Study of Evolution – USA, Institut Pasteur – Francia). Así invitamos a todos aquellos que estén interesados en biología evolutiva, especialmente a estudiantes de posgrado, a estar atentos y sumarse a las próximas ediciones de la Escuela Latinoamericana de Evolución.

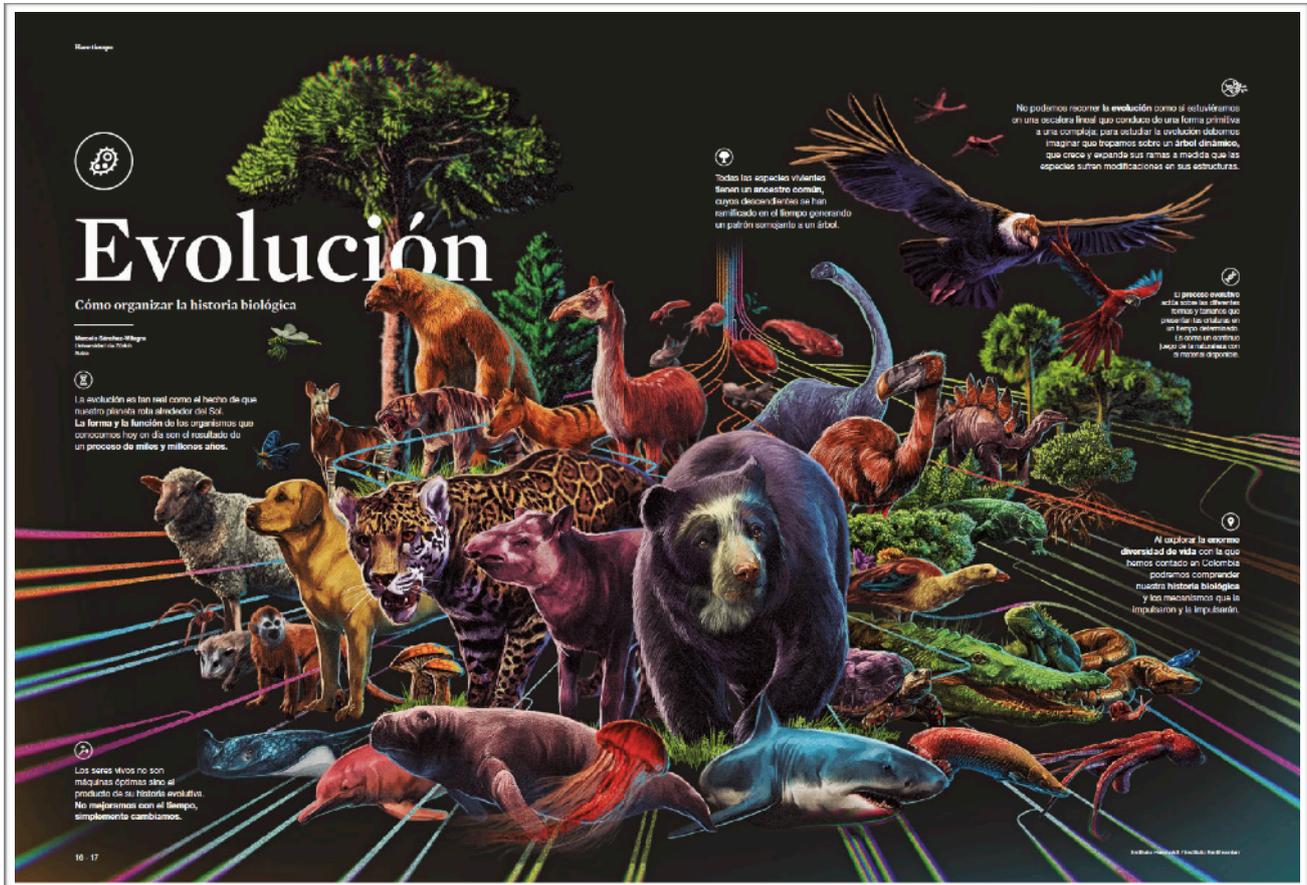
Sitio web: <http://evolucion.fcien.edu.uy/elaevo/Portada.html>

Trogon collaris
Charalá, Santander
📷 Fernando Cediél, 2017

RECONOCIMIENTOS

Hace tiempo

Instituto Humboldt & Smithsonian Tropical Research Institute



El libro Hace Tiempo fue galardonado con el Premio Nacional Alejandro Angel Escobar categoría Ciencias Exactas, Físicas y Naturales por su contribución al conocimiento de la historia paleontológica de Colombia. Felicitamos a sus editores y más de 28 autores, varios de los cuales son miembros del Comité científico de COLEVOL ([descárgalo aquí](#)).

Yesenia Madrigal

Universidad de Antioquia

Yesenia Madrigal recibió el *Bill Dahl Graduate Student Research Award*, otorgado por la *Botanical Society of America*, por sus estudios sobre los patrones de evolución y expresión de genes TPC, promotores de la floración en orquídeas neotropicales.





Javier Felipe Tabima

Oregon State University

El trabajo de Javier Felipe Tabima en genómica evolutiva y poblacional de hongos fue reconocido por la *Genetics Society of America* como póster destacado presentado en el *2019 Fungal Genetics Conference*.

Laura Melissa Guzman

University of British Columbia

Laura Melissa Guzman fue una de las ganadores del *Diversity & Excellence in Doctoral Research Award* entregado por la *Canadian Society for Ecology & Evolution* por su investigación en ecología y persistencia de redes tróficas usando bromelias como sistema de estudio, la cual será presentada en el *CSEE Meeting 2019*.



Jorge Alejandro Rojas & Lina María Quesada

University of Arkansas

North Carolina State University



Jorge Alejandro Rojas y Lina María Quesada fueron galardonados con el *Schroth Faces of the Future Early Career Professionals Symposium Award* otorgado por la *American Phytopathological Society*. Alejandro investiga los efectos de la relación

planta-microorganismo en la salud y el crecimiento de las plantas y Lina estudia enfermedades de cucurbitáceas y camote para generar estrategias de gestión de estos cultivos.

Diana Lucía Buitrago 

Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul

COMENTARIO CIENTÍFICO

Cómo la biología evolutiva puede contribuir al desarrollo agrícola de Colombia

Ivania Cerón-Souza

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, C.I. Tibaitatá, Km 14 vía Bogotá - Mosquera, Cundinamarca, Colombia.

Andrés J. Cortés

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria AGROSAVIA, C.I. La Selva, Km 7 vía Rionegro – Las Palmas, Rionegro, Colombia.

Durante los últimos 12.000 años, cerca de 2.500 especies de plantas provenientes de 160 familias han sido domesticadas en todo el mundo (Meyer et al. 2012, Meyer & Purugganan 2013). Debido a que estas especies son entidades genéticas dinámicas que están en continua evolución antes, durante y después del proceso de domesticación, algunas han sido usadas como organismos modelo para entender los mecanismos evolutivos (Abbo et al. 2014). Como resultado de estas investigaciones, ahora sabemos que la papa se domesticó por cambios en el número de cromosomas, el frijol evolucionó y se domesticó en paralelo partiendo de bases genéticas diferentes y los cultivos modernos de maní y manzana resultaron de múltiples eventos de hibridación entre especies silvestres.

Las preguntas básicas sobre la evolución de los cultivos abarcan desde dónde, cuándo y cómo ocurrió su domesticación, hasta cuáles genes están implicados en este proceso (Meyer & Purugganan 2013). En Colombia, muchas de estas preguntas aún están abiertas, especialmente en cultivos de interés único para el neotrópico. Por esta razón, la biología evolutiva puede contribuir de manera significativa al desarrollo agrícola del país y a la

conservación de nuestra agrobiodiversidad, concretamente en las siguientes temáticas:

Colombia como centro de diversidad de especies silvestres y cultivadas

Colombia alberga cuatro de los principales 24 centros de origen y lugares de domesticación primaria o secundaria identificados globalmente: 1) en la región Caribe ocurrió la domesticación del zapallo, la batata y el frijol hace 9.000-8.000 años, 2) en los Andes centrales con altitud media se domesticó la quinua y el amaranto hace 5.000 años, 3) en los Andes del norte y centrales con altitud media y alta se domesticó la papa y la hibia hace 8.000 años y 4) en la Amazonía sur baja se domesticó la yuca y el maní hace 8.000 años (Purugganan & Fuller 2009). Se presume que la arracacha, la achira y otros tubérculos andinos, así como diversas frutas tropicales como la uchuva, el lulo, el tomate de árbol, la chirimoya, la curuba, el cacao y la gulupa, también tuvieron su centro de origen en Colombia o en regiones cercanas de Suramérica.

A pesar de esta riqueza, la diversidad genética e historia evolutiva de los cultivos y sus parientes silvestres dentro del país son inciertas. El estudio evolutivo y los esfuerzos de conservación de especies silvestres sobrepasan al de las cultivadas y ambas se han mantenido



como áreas de investigación aisladas. Por ejemplo, de 19.000 artículos que incluyen la palabra biodiversidad en su título, solo 100 conciernen a la "diversidad de cultivos" o "agrobiodiversidad", una tendencia a la cual la investigación científica nacional no es ajena (Attwood et al. 2017). Tal es este aislamiento disciplinar que cuando se expone el riesgo que representa el fin del conflicto armado para la conservación de la biodiversidad, los cultivos se perciben como una amenaza directa o como una alternativa a la siembra de cultivos ilícitos, pero no como parte integral de la biodiversidad (Clerici et al. 2016, Baptiste et al. 2017, Castro-Nunez et al. 2017).

A pesar de esta percepción, la comparación geográfica sobre dónde están los *hotspots* de biodiversidad silvestre y cultivada alrededor del mundo apunta a varias regiones de convergencia en Colombia (Brown 2016). Por esta razón, es necesario explorar nuevas hipótesis de trabajo para el neotrópico con el fin de optimizar los esfuerzos de investigación en evolución y conservación de una manera integral. Por ejemplo: ¿en qué medida las causas geológicas, climáticas y antropogénicas de la diversidad de especies silvestres es generalizable a especies cultivadas? ¿Hay coincidencias en los factores que están amenazando la diversidad de especies silvestres y de importancia agrícola? ¿Es posible diseñar sistemas agrarios que a su vez sostengan altos niveles de diversidad silvestre?

Caracterización y minería de datos en los bancos de germoplasma de Colombia

Colombia alberga el 10 % de la diversidad global, parte de la cual está amenazada por los cultivos ilícitos, la expansión irresponsable de la frontera agrícola y el cambio climático (Brown 2016, Clerici et al. 2016, Castro-Nunez et al.

2017, He et al. 2017, Mascher et al. 2019). Por ello, es imperante fortalecer sistemas de conservación de la diversidad, incluyendo la agrobiodiversidad. Las colecciones biológicas y bancos de germoplasma agrícolas del país son un resguardo de la variabilidad genética, fuente última de resiliencia frente a epidemias y al cambio climático (He et al. 2017). Sin embargo, para determinar la utilidad de un banco de germoplasma en los diferentes programas de conservación o mejoramiento, es fundamental que estos estén caracterizados fenotípicamente.

No obstante, los procesos de caracterización fenotípica son excesivamente costosos y dispendiosos. Una alternativa costo-efectiva para este problema es la predicción genómica. Este procedimiento permite construir modelos predictivos del fenotipo de interés usando como base la información genómica de todos los registros. Para construir el modelo predictivo se utiliza la caracterización fenotípica y genómica de una colección de referencia, por ejemplo, del 40% de los registros. Una vez que se comprueba la exactitud del modelo, se aplica al resto de la colección usando solamente su información genómica para así estimar su fenotipo. Si bien este es un campo de investigación relativamente nuevo en plantas, los resultados son promisorios para la conservación efectiva y minería de datos en los bancos de germoplasma (Yu et al. 2016, He et al. 2017, Mascher et al. 2019).

Evolución y mejoramiento de cultivos colombianos en un contexto de cambio climático

La conservación y aprovechamiento sostenible de la biodiversidad de una manera compatible con la protección del medio ambiente y enfocada a la reducción de los efectos de cambio climático es una prioridad nacional (DPN 2015). Este escenario abre las puertas a la

investigación agrícola con enfoque evolutivo para determinar si la agrobiodiversidad del país puede adaptarse al cambio climático con miras a la seguridad alimentaria y a robustecer la economía campesina.

En este sentido, y aprovechando que el costo de genotipificación es cada vez menor, es posible ajustar modelos multiambientales de asociación fenotipo-genotipo más robustos, los cuales, en conjunto con una aproximación de predicción genómica similar a la propuesta para caracterizar bancos de germoplasma, permitirían estudiar las bases genéticas de adaptación al estrés y acelerar los procesos de mejoramiento genético. El diseño efectivo de este tipo de programas de investigación requiere de un trabajo multidisciplinar entre biólogos evolutivos, mejoradores, fisiólogos, patólogos, bioinformáticos, estadísticos y curadores de bancos de germoplasma,

quienes hasta ahora tienden a trabajar de manera aislada (Abberton et al. 2016).

En conclusión, Colombia es un país megadiverso y un componente importante corresponde a la agrobiodiversidad. Los cultivos de interés único para el neotrópico constituyen modelos biológicos para abordar preguntas de investigación en evolución ya que, después de todo, la domesticación ha sido el experimento evolutivo más ambicioso en el que la humanidad se ha embarcado. Las especies cultivadas también ofrecen una oportunidad de transdisciplinariedad en el cual la biología evolutiva juega un papel central en el diseño de preguntas de investigación y políticas públicas encaminadas a proteger la agrobiodiversidad del país y aprovecharla de una manera sostenible para el bienestar de los colombianos en un escenario de postconflicto y de cambio climático.

Referencias

Abberton M, Batley J, Bentley A, et al. 2016. Global agricultural intensification during climate change: a role for genomics. *Plant Biotechnology Journal*. DOI: 10.1111/pbi.12467

Abbo S, Pinhasi van-Oss R, Gopher A, et al. 2014. Plant domestication versus crop evolution: a conceptual framework for cereals and grain legumes. *Trends in Plant Science*. DOI: 10.1016/j.tplants.2013.12.002

Attwood SJ, Park SE, Marshall P, et al. 2017. An argument for integrating wild and agricultural biodiversity conservation.

En: Hunter D, Guarino L, Spillane C, McKeown PC (Eds). *Routledge Handbook of Agricultural Biodiversity*.

Baptiste B, Pinedo-Vasquez M, Gutierrez-Velez VH, et al. 2017. Greening peace in Colombia. *Nature Ecology and Evolution*. DOI: 10.1038/s41559-017-0102

Brown PJ. 2016. Plant breeding: effective use of genetic diversity. *Nature Plants*. DOI: 10.1038/nplants.2016.154

Castro-Nunez A, Mertz O, Sosa CC. 2017. Geographic overlaps between priority areas for forest carbon-storage efforts and those for delivering peacebuilding programs: implications for policy design. *Environmental Research Letters*. DOI: 10.1088/1748-9326/aa6f20

Clerici N, Richardson JE, Escobedo FJ, et al. 2016. Colombia: dealing in conservation. *Science*. DOI: 10.1126/science.aaj1459

Departamento Nacional de Planeación - DNP. 2015. Documento CONPES 3850. Fondo Colombia en paz.

He J, Meng S, Zhao T, et al. 2017. An innovative procedure of genome-wide association analysis fits studies on germplasm population and plant breeding. *Theoretical Applied Genetics*. DOI:10.1007/s00122-017-2962-9

Mascher M, Schreiber M, Scholz U, et al. 2019. Genebank genomics bridges the gap between the conservation of crop diversity and plant breeding. *Nature Genetics*. DOI: 10.1038/s41588-019-0443-6

Meyer RS, DuVal AE, Jensen HR. 2012. Patterns and processes in crop domestication: an historical review and quantitative analysis of 203 global food crops. *New Phytologist*. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2012.04253.x

Meyer RS, Purugganan MD. 2013. Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. *Nat. Rev. Genet.* 14, 840–852 (2013).

Purugganan MD, Fuller DQ. 2009. The nature of selection during plant domestication. *Nature*. DOI: 10.1038/nature07895

Yu X, Li X, Guo T, et al. 2016. Genomic prediction contributing to a promising global strategy to turbocharge gene banks. *Nature Plants*. DOI: 10.1038/nplants.2016.150

CIENCIA CRIOLLA

Hace Tiempo, un viaje paleontológico ilustrado por Colombia

Luz Helena Oviedo  & Carlos Jaramillo
Smithsonian Tropical Research Institute

Nuestros ecosistemas son el producto de procesos que actuaron a diferentes escalas temporales y espaciales, los cuales son reconstruidos por la geología y paleontología. Investigaciones recientes realizadas por científicos colombianos nos permiten hacer un recorrido por la historia de la biodiversidad del país a partir de sus rocas y fósiles. Estos estudios se encuentran compilados en *Hace Tiempo, un viaje paleontológico ilustrado por Colombia*, una publicación dirigida a un público diverso con el fin de acercar la ciencia a un mayor número de personas. Este conocimiento cobra importancia en un país como Colombia, donde la mayoría de la población habita en zonas geológicamente activas, ya que estamos en la mitad de la zona donde colisionan tres grandes placas tectónicas.

Como cualquier buena historia, el libro responde a tres preguntas, *Cómo*, *Cuándo* y *Quiénes*. En *Cómo*, incluimos los conceptos, procesos y herramientas fundamentales para armar el rompecabezas del pasado. El primer capítulo está dedicado al *Tiempo*, que se extiende desde el momento mismo de la formación del planeta Tierra hace 4.550 millones de años. *Evolución*, *Fosilización*, *Genética*, *Geografía*, *Clima* y *Cambio Climático* son los demás capítulos que completan la primera parte.

En *Cuándo*, llevamos al lector a un viaje por diferentes períodos que se encuentran representados por rocas y fósiles de diferentes lugares de Colombia. El recorrido inicia en la

Serranía de Chiribiquete, donde encontramos rocas del período Proterozoico. Las siguientes tres paradas las encontramos en el departamento de Boyacá: en Floresta encontramos fósiles de peces, trilobites y crustáceos del Devónico, en Villa de Leyva encontramos registro del Cretácico temprano y en las minas de carbón cerca de Sogamoso hay plantas fósiles del Cretácico tardío. Al final de este período se produjo el impacto de un meteorito que provocó la extinción de los dinosaurios. Lo que pasó en Colombia durante ese evento fue un misterio por mucho tiempo, pero este fue en gran parte resuelto con los fósiles del Paleoceno en la mina del Cerrejón, en La Guajira. El viaje continúa en el Mioceno medio, Plioceno y Cuaternario.

La tercera parte del libro es *Quiénes*, los protagonistas de la historia. Aquí aparecen especies como el megalodón, el tiburón gigante; la Titanoboa, la serpiente más grande que ha existido; el purusaurio, un caimán de 10 metros; tortugas del tamaño de un carro y miniaturas como los cangrejos y granos de polen. El libro también cuenta con referencias recomendadas para cada capítulo y preguntas de indagación para el trabajo pedagógico.

Como parte de la estrategia de divulgación del libro, se han realizado talleres con docentes de colegios públicos y mediadores de museos y bibliotecas en



25 de los 32 departamentos del país, con el fin de fomentar el uso del libro como una herramienta en espacios de aprendizaje formal y no formal. En el libro participaron 28 autores colombianos, fue editado por el *Smithsonian Tropical Research Institute* y el Instituto Humboldt, en alianza con la Universidad del Norte, Cerrejón, la Corporación Geológica Ares, la Asociación Colombiana de Geólogos y

Geofísicos del Petróleo y la Sociedad Europea de Biología Evolutiva.

La publicación se encuentra libre para descarga en el sitio web del Instituto Humboldt: <http://www.humboldt.org.co/es/component/k2/item/1198-hace-tiempo-libro>

Jaramillo C, Oviedo LH (Eds). 2018. Hace tiempo: un viaje paleontológico ilustrado por Colombia. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt & Smithsonian Tropical Research Institute. ISBN: 978-958-5418-20-2

Efecto del levantamiento de los Andes en la conectividad genética de las poblaciones de una araña neotropical

Fabián C. Salgado-Roa 

Universidad de los Andes & Universidad del Rosario

Los Andes son una barrera geológica que impide la dispersión de individuos que se encuentran al oriente y occidente de este complejo montañoso, promoviendo aislamiento geográfico entre poblaciones y su posterior diferenciación. Sin embargo, evidencia reciente sugiere que múltiples eventos de dispersión han sucedido después del levantamiento de los Andes e, incluso, que varios linajes se han diferenciado en presencia de flujo genético entre poblaciones divergentes. Esto puede deberse, además de la capacidad de dispersión de los individuos, a que los Andes no tienen la misma altitud en toda su extensión. En algunos puntos existen depresiones altitudinales que desde inicios del siglo XX Champan y Haffer propusieron como pasos que facilitan la dispersión de individuos. No obstante, la mayoría de los trabajos que han evaluado la influencia de los Andes en la diversificación de las especies está enfocada en vertebrados, dejando de lado los artrópodos que son uno de los grupos con mayor diversidad en el neotrópico.

En nuestro trabajo, evaluamos cómo los Andes afectan la conectividad genética de

poblaciones de la araña *Gasteracantha cancriformis* que se encuentran separadas por este complejo montañoso. Encontramos que la Cordillera Oriental de Colombia separa dos grupos genéticos que divergieron hace cerca de dos millones de años, lo que coincide con el levantamiento final de estas montañas. Sin embargo, esta separación ocurrió en presencia de flujo genético. Hipotetizamos que esto es muy probable por la presencia de depresiones altitudinales en la Cordillera Oriental y porque las arañas poseen un método de dispersión denominado *ballooning*, el cual les permite desplazarse cientos de kilómetros con ayuda del viento y campos eléctricos.

Nuestro estudio demuestra que los Andes pueden afectar la conectividad genética de poblaciones de arañas, pero al mismo tiempo son una barrera geológica permeable que algunos individuos pueden cruzar.

Salgado-Roa FC, Pardo-Díaz C, Lasso De Paulis E, Arias CF, Solferini VN, Salazar C. 2018. Gene flow and Andean uplift shape the diversification of *Gasteracantha cancriformis* (Araneae: Araneidae) in Northern South America. *Ecology and Evolution*. DOI: 10.1002/ece3.4237

INVESTIGAR EN COLOMBIA

Arte, movilidad y control de enfermedades

Alejandro Valencia-Tobón

Universidad EAFIT

A través del arte podríamos estudiar aspectos sutiles que permean las discusiones científicas. Pensemos, por ejemplo, en que la distribución geográfica de las enfermedades transmitidas por mosquitos como dengue, zika y chikungunya se ha ampliado y que, debido al calentamiento global, estos animales están regresando a áreas de las cuales habían sido erradicados. Mientras ellos continúan propagándose, los entomólogos también se mueven: recorren la ciudad buscando sitios de cría. Simultáneamente, las personas —o los futuros enfermos— vamos de la casa al lugar de trabajo, o tenemos viajes de negocio y vacaciones, todo lo cual implica desplazamientos en pequeña o gran escala que también pueden afectar la transmisión de las enfermedades. En un sentido más amplio, entonces, parece que para entender estas enfermedades hay que pensar en diversas formas de *movilidad*.

Sabiendo que los mosquitos nos han acompañado en toda nuestra historia y que sus efectos en la vida humana son incuestionables, además reconociendo la *movilidad* como una idea transversal a las diversas formas de entender las enfermedades, decidí integrar conceptos derivados del arte, la antropología y la biología para reflexionar sobre la producción de conocimiento cultural asociado a la interacción entre mosquitos y humanos.

Mi premisa de trabajo fue la siguiente: si las enfermedades parecen moverse en ciclos, entonces un objeto que reproduzca un movimiento de este tipo podría ayudarme a reflexionar sobre dicha situación. Así fue como



en 2010 empecé a colaborar con el ingeniero Andrés Ramírez Valencia para diseñar una cometa en forma de mosquito ([ver video](#)). Posteriormente, gracias al apoyo financiero del *Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland* y el *Horniman Museum & Gardens*, creamos una serie de "Ataques de arte con mosquitos" en algunas ciudades de Colombia, Canadá, Estados Unidos, Francia e Italia.

Esta cometa se convirtió en un objeto que podría moverse entre localidades, independientemente de barreras culturales o lingüísticas. Volando la cometa se pudo atraer a diversos espectadores que luego compartieron

sus historias dibujando o escribiendo en la superficie de la misma. Un participante escribió: "Un mosquito es una criatura pequeña en tamaño, pero grande al enfermar al ser humano". Otro comentó: "qué pereza los zancudos que no se dejan matar y pican tan duro". Y es que el zancudo es, como sentenció otro participante, "el único con el que nadie pudo".

Con el "Proyecto Mosquito-Cometa" propongo entonces una forma alternativa para analizar la manera en la que se entiende la interacción entre mosquitos y humanos. De hecho, la curadora francesa Annick Bureau en un artículo titulado *Art, science, technologie. Fragments d'un parcours colombien*, publicado por la revista *Art Press*, describe a la cometa como un "objeto extraño que atrae la atención de los visitantes", siendo "divertida", "inquietante" y "lúdica".

Enlaces recomendados: www.alejandrovalenciat.com

The Mosquito-Kite Project: <http://goo.gl/oQt2gV>

En esencia, este proyecto ha sido diseñado para estimular un debate sobre las formas de producción de conocimiento alrededor de las enfermedades transmitidas por mosquitos y para evidenciar un diálogo directo entre arte, antropología y biología.

A un nivel más amplio, mi trabajo cuestiona la idea según la cual la única función del arte o las ciencias sociales es brindar herramientas para comunicar los resultados de las investigaciones científicas. Es necesario que quienes trabajen con investigación básica o aplicada, y deseen comunicar sus resultados, consideren que hay otras preguntas a nivel conceptual, técnico, social, material y público que podrían ser abordadas a través de un diálogo con otras disciplinas del saber.



Fotos: Alejandro Valencia-Tobón

INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

Las especies de divulgación

🐦 David Vásquez Muriel

Universidad EAFIT

Hablar sobre “divulgación” entre divulgadores de las ciencias es como hablar sobre “especies” entre biólogos. En ambos casos, no basta mencionar los términos para conversar sobre una misma cosa; hay muchas definiciones. A lo largo de la historia, algunos pensadores han optado por proponer nuevos términos para ahorrarse esta confusión. Popularización, divulgación, democratización, apropiación social, vulgarización, alfabetización, comunicación... Los nombres se han multiplicado, pero la confusión persiste. Aquí no se trata de hacer una taxonomía, sino de abordar un asunto que muchos dan por sentado al salir desbocados a divulgar: el propósito de la comunicación de las ciencias.

¿Para qué divulgar el conocimiento? Para algunos se trata de reducir la ignorancia de quienes no se han formado en un campo científico. Desde esta perspectiva, el divulgador debe explicar, por ejemplo, qué es el ADN, un gen o el sistema de edición genética CRISPR/Cas9 solo para reducir el “analfabetismo científico”. Esta visión de la divulgación gira alrededor de preguntas como ¿cuál es el mínimo de conocimientos que debe tener alguien para salir de la ignorancia? ¿Cómo “bajar el lenguaje” para que otros entiendan las ciencias? ¿Cómo hacer que los no expertos en un tema aprendan lo suficiente para que apoyen la ciencia?

Para otros, en cambio, el objetivo de la divulgación no es enseñar, sorprender o condescender explicando proposiciones científicas sobre fenómenos o los métodos

empleados para llegar a esas proposiciones. Su propósito, en cambio, es promover reflexiones críticas sobre el conocimiento y su relación con la sociedad. Desde esta perspectiva, y siguiendo con el ejemplo de CRISPR/Cas9, al divulgador le interesaría, más que deleitar a sus interlocutores con metáforas explicativas sobre edición textual, provocarlos para que se pregunten qué pasaría si permitiéramos que los padres decidan cómo será el ADN de sus hijos, quiénes deben decidir cómo se usará esta tecnología o cómo participan los ciudadanos que no conocen nada sobre genética en estas decisiones.

Claro, para establecer conversaciones públicas sobre ciencia y tecnología, el divulgador tendrá que preocuparse por hacer entendible y agradable aquello que está cifrado en terminologías especializadas. Pero, si solo se limitara a esta tarea, promovería la curiosidad como una cosa buena en sí misma, como una cuestión que no merece reflexión ética ni control ciudadano.

La divulgación de la ciencia tiene un carácter político. La concepción de ciencia que tenga el divulgador y sus intenciones al comunicarla determinan el tipo de acción que ejerce sobre la sociedad. Puede contribuir a perpetuar las desigualdades sociales y el trono que históricamente ha tenido la ciencia al lado de “la verdad”. O puede ayudar a democratizar el conocimiento y promover la participación pública en la regulación de la ciencia comunicándola como la actividad social que es.

NODOS

Margarita M. López-Uribe 

Pennsylvania State University

¡Hola a todos los lectores del Boletín Colombiano de Biología Evolutiva! Mi nombre es Margarita López-Uribe, soy profesora asistente en el Departamento de Entomología de *Pennsylvania State University*. Mis intereses de investigación se enfocan en entender cómo diferentes especies responden a cambios en el ambiente. Para comprender esto, estudio abejas (pero también plantas y otros insectos) y realizo estudios ecológicos de poblaciones silvestres con el uso de marcadores moleculares para entender aspectos de la evolución, demografía y salud de estas especies.

En mi grupo de investigación trabajamos en dos líneas. La primera se enfoca en el estudio de los efectos que la domesticación de plantas ha tenido en la evolución de las abejas. Actualmente, estudiamos plantas y abejas en el sistema de la calabaza porque las plantas de este género (*Cucurbita* spp.) han sido domesticadas seis veces. Estos orígenes múltiples independientes de domesticación permiten investigar rigurosamente hipótesis acerca de la evolución de flores y sus efectos sobre los insectos que las visitan. Con este proyecto queremos entender cómo la selección reciente durante el proceso de domesticación de plantas para uso agrícola ha producido cambios indirectos en la trayectoria evolutiva de las abejas polinizadoras de estos cultivos.

La segunda línea de investigación busca responder preguntas asociadas a la salud de las poblaciones de abejas. Las poblaciones de muchas especies de abejas alrededor del mundo están declinando, producto de un gran



número de cambios ambientales. En este momento tenemos varios proyectos en diferentes grupos de especies que tienen como objetivo entender el estado de poblaciones silvestres que actualmente están bajo diferentes niveles de estrés debido al cambio climático y presiones de patógenos y agroquímicos. También estudiamos poblaciones silvestres de la abeja de miel, que es usada ampliamente en la polinización de cultivos. Con estos estudios queremos generar información práctica que pueda ser usada para mejorar las condiciones de las poblaciones de abejas en áreas donde la presión agrícola es alta y la abundancia de polinizadores está disminuyendo.

Adicionalmente, parte de nuestros esfuerzos de investigación se enfocan en ciencia aplicada que tiene impacto en diferentes áreas de la agricultura. Como nuestro organismo modelo

son las abejas, trabajamos cercanamente con apicultores y agricultores de plantas que necesitan polinización por abejas. Específicamente, interactuamos con estos grupos a través de charlas y congresos, y tenemos proyectos de investigación que directamente pueden ayudar a resolver algunas de las dificultades que ellos tienen para mantener sus producciones, teniendo siempre como meta apoyar la agricultura sostenible que permita la conservación de especies nativas.

En resumen, mi grupo de investigación combina ciencia básica y aplicada en ecología y evolución de abejas. Si están interesados en colaborar en proyectos de este tipo, o si tienen interés en hacer parte del laboratorio, no duden en contactarme.

Sitio web: www.lopezuribelab.com

Publicaciones recientes

López-Uribe MM, Jha S, Soro A. 2019. A trait-based approach to predict population genetic structure in bees. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/mec.15028

Underwood RM, Traver BE, López-Uribe MM. 2019. Beekeeping management practices are associated with operation size and beekeepers' philosophy towards in-hive chemicals. *Insects*. DOI: 10.3390/insects10010010

Ryan SF, Adamson NL, Aktipis A, et al. 2018. The role of citizen science in addressing grand challenges in food and agriculture research. *Proceedings of the Royal Society of London B*. DOI: 10.1098/rspb.2018.1977

Vaudo AD, Fritz ML, López-Uribe MM. 2018. Opening the door to the past: what new genetic information can be accessed from museum curated bees. *Insects Systematics and Diversity*. DOI: 10.1093/isd/ixy014

Grando C, Amon ND, Clough S, et al. 2018. Two colors, one species: the case of *Melissodes nigroaenea* (Apidae: Eucerini), an important pollinator of cotton fields in Brazil. *Sociobiology*. DOI: 10.13102/sociobiology.v65i4.3464

Penick CA, Halawani O, Pearson B, et al. 2018. External immunity in ant societies: sociality and colony size do not predict investment in antimicrobials. *Royal Society Open Science*. DOI: 10.1098/rsos.171332

Dorchin A, López-Uribe MM, Praz CJ, et al. 2018. Phylogeny and new generic-level classification of the *Eucera* complex (Hymenoptera: Apidae: Eucerini partim). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 119:81-92. doi: 10.1016/j.ympev.2017.10.007

Hamblin AL, Youngsteadt E, López-Uribe MM, Frank SD. 2017. Physiological thermal limits predict differential responses of bees to urban heat-island effects. *Biology Letters*. DOI: 10.1098/rsbl.2017.0125

López-Uribe MM, Fitzgerald AM, Simone-Finstrom MD. 2017. Inducible versus constitutive social immunity: examining effects of colony infection on glucose oxidase and defensin-1 production in honeybees. *Royal Society Open Science*. DOI: 10.1098/rsos.170224

López-Uribe MM, Appler RH, Youngsteadt E, et al. 2017. Higher immunocompetence is associated with higher genetic diversity in feral honey bee colonies (*Apis mellifera*). *Conservation Genetics*. DOI: 10.1007/s10592-017-0942-x



BIODIVERSIDAD

Nueva especie de libélula del Parque Nacional Natural Tatamá

Los investigadores Cornelio Bota-Sierra, Melissa Sánchez-Herrera y Fredy Palacino-Rodríguez encontraron una nueva especie de libélula en el Parque Nacional Natural Tatamá en la vertiente occidental de la Cordillera Occidental de Colombia, entre los departamentos de Chocó, Risaralda y Valle del Cauca. *Cora verapax* fue nombrada en honor al reclamo del pueblo colombiano por el fin de la guerra civil más larga del mundo y que ha devastado al país por décadas. La especie solo es conocida en la localidad tipo y posiblemente habita en el dosel alto de los bosques de niebla circundantes. *C. verapax* se caracteriza por un color azul claro en la mayor parte del cuerpo, cabeza amarilla con dos barras laterales negras, dos manchas amarillas en la parte dorsal del tórax atrás de la cabeza que semejan ocelos, alas grises con venación negra y un abdomen mayormente negro, pero azul dorsalmente.



Foto: Cornelio Bota-Sierra

Bota-Sierra CA, Sánchez-Herrera M, Palacino-Rodríguez F. 2018 Odonata from protected áreas in Colombia with new records and description of *Cora verapax* sp. nov. (Zygoptera: Polythoridae). Zootaxa. DOI: 10.11646/zootaxa.4462.1.5

Nuevo fruto fósil de una leguminosa en el Eoceno de Santander

En la actualidad, Fabaceae es una de las familias con mayor número de especies en el neotrópico, pero su registro fósil es escaso. Camila Martínez describe *Luckowcarpa gunnii*, un nuevo fruto fósil alado indehisciente (samara) para la formación Esmeraldas del Eoceno superior del departamento de Santander. Este hallazgo representa el fruto más antiguo conocido del clado Dalbergieae y sugiere que este taxón fósil podría haber estado adaptado a ecosistemas de bosques secos tropicales. El hallazgo de *L. gunnii* aumenta nuestra comprensión del registro fósil de leguminosas en el neotrópico y arroja luz sobre la evolución y la ecología de esta emblemática familia de angiospermas.

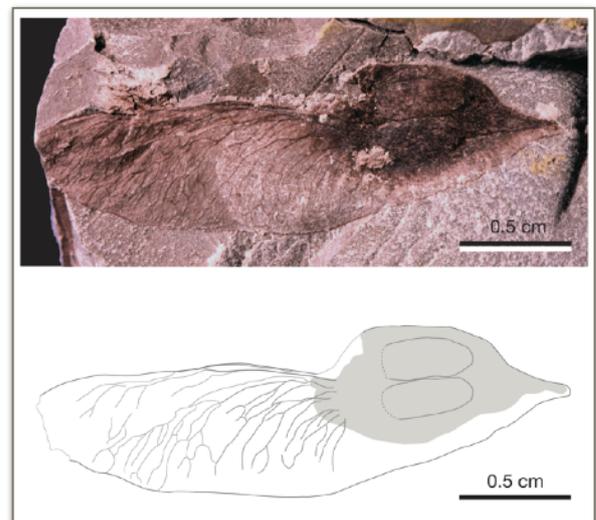


Foto: Camila Martínez
Martínez C. 2018. Dalbergieae (Fabaceae) samara fruits from the late Eocene of Colombia. International Journal of Plant Sciences. DOI: 10.1086/6989

 Carlos Jiménez-Rivillas
Universidad de los Andes

Alejandra Rodríguez-Abaunza
Universidad Nacional Autónoma de México

DESARROLLOS COMPUTACIONALES

RAXML-NG

Randomized Axelerated Maximum Likelihood (RAxML) es una herramienta para análisis filogenético bajo el criterio de máxima verosimilitud. Fue diseñado para manejo de grandes conjuntos de datos y, desde su lanzamiento en el 2006, se ha caracterizado por su velocidad y alta eficiencia en la búsqueda de árboles. Dentro de sus características a resaltar, está la posibilidad de realizar análisis particionados con diferentes tipos de datos (ADN, proteínas, caracteres morfológicos multi-estado) y calcular el soporte de *bootstrap* rápidos. Adicionalmente, su versión paralelizada permite optimizar el tiempo de los procesos. Sin embargo, los modelos implementados hasta el momento se limitaban a GTR para ADN y LG4M/LG4X para proteínas. Actualmente, estas limitaciones han sido reducidas en su nueva versión denominada RaxML-ng, la cual es más veloz en el cálculo de probabilidades. Esta versión sigue en desarrollo y es accesible desde la plataforma *CIPRES Science Gateway* o el siguiente enlace: <https://raxml-ng.vital-it.ch/#/>

Kozlov AM, Darriba D, Flouri T, Morel B, Stamatakis A. 2018. RAxML-NG: a fast, scalable and user-friendly tool for maximum likelihood phylogenetic inference. *Bioinformatics*. DOI: 10.1093/bioinformatics/btz305

Columbina squammata
El Paso, Cesar

 Fernando Cediél, 2017

learnPopGen: un nuevo paquete de R para la enseñanza de la biología evolutiva

learnPopGen es un paquete de R dirigido a la enseñanza y aprendizaje de diversos conceptos de genética cuantitativa y genética de poblaciones. Esta herramienta se basa en la simulación de procesos para ilustrar conceptos. Algunas de sus funciones permiten realizar análisis de teoría de juegos, simulaciones de coalescencia de alelos, procesos simultáneos de deriva, selección natural y migración, mientras resume los resultados de forma gráfica empleando animaciones autoexplicativas. La implementación de estas funciones y el desarrollo de ejercicios puede hacerse directamente desde R/Rstudio o su versión online en el siguiente enlace: <http://www.phytools.org/PopGen/>

Revel L. 2019. learnPopGen: an R package for population genetic simulation and numerical analysis. *Ecology and Evolution*. DOI: 10.1002/ece3.5412



Bases de datos morfológicas

Conocer la distribución filogenética de los rasgos de nuestros organismos de estudio es crucial para hacer inferencias evolutivas y ecológicas relevantes. Recientemente, dos artículos reportaron el resultado de la enorme tarea de compilar una base de datos de caracteres morfológicos de los huevos de insectos y caracteres morfológicos de aves colombianas.

Huevos de insectos. Esta base de datos contiene casi 10.500 datos de morfología de huevos de 6.705 especies de todos los órdenes de insectos. Las medidas y descripciones de los huevos fueron obtenidas principalmente de literatura científica y todas las especies incluidas están reportadas siguiendo la taxonomía aceptada más reciente.

Church SH, Donoughe S, de Medeiros BA, Extavour CG. 2019. A dataset of egg size and shape from more than 6,700 insect

species. Scientific Data. DOI: 10.1038/s41597-019-0049-y

Aves Colombianas. Esta base de datos contiene 15 medidas morfológicas de cerca de 10.000 especímenes de 606 especies de aves, que representan más del 30% de la diversidad de aves en Colombia. Las medidas morfológicas fueron obtenidas de individuos capturados en campo, así como de especímenes de museo.

Montoya P, Gonzalez MA, Tenorio EA, et al. 2018. A morphological database for 606 Colombian bird species. Ecology. DOI: 10.1002/ecy.2368

🐦 Santiago Herrera
University of Chicago

🐦 Leidy Viviana
Romero-Alarcón
Universidad
Industrial de
Santander

Athene cunicularia
Maní, Casanare
📷 Fernando Cediell, 2017



ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Chacón-Duque JC, Adhikari K, Fuentes-Guajardo M, et al. 2018. Latin Americans show wide-spread Converso ancestry and imprint of local Native ancestry on physical appearance. *Nature Communications*. DOI: 10.1038/s41467-018-07748-z

Los latinoamericanos somos producto de una mezcla de poblaciones amerindias, europeas y africanas subsaharianas. Chacón-Duque y colaboradores identificaron las poblaciones subcontinentales implicadas en dicha mezcla. Descubrieron que la estructura genética precolombina se refleja en los latinoamericanos actuales y que la ascendencia no amerindia y los tiempos de mezcla corresponden con los flujos migratorios documentados a nivel historiográfico, incluyendo la migración clandestina de judíos a Latinoamérica. Adicionalmente, al integrar datos fenotípicos, encontraron que la ascendencia centroandina tiene un impacto en la morfología nasal, posiblemente relacionada con adaptaciones a distintos climas durante el poblamiento de Sudamérica.

Arias L, Barbieri C, Barreto G, et al. 2018. High-resolution mitochondrial DNA analysis sheds light on human diversity, cultural interactions, and population mobility in Northwestern Amazonia. *American Journal of Physical Anthropology*. DOI: 10.1002/ajpa.23345

El noroeste amazónico contiene una amplia diversidad de grupos indígenas en aislamiento voluntario. Algunos de estos grupos mantienen prácticas de exogamia lingüística, en las cuales, generalmente, las mujeres migran de un grupo a otro. Arias y colaboradores usaron ADN

mitocondrial para investigar el impacto de la diversidad lingüística y cultural en la estructura

genética de estos grupos, encontrando que aquellos grupos que practican la exogamia lingüística presentan una mayor diversidad genética. También encontraron que los ríos afectan la estructura genética de las poblaciones más que la geografía o la lengua.

Evolución del comportamiento

Kocher SD, Mallarino R, Rubin BER, et al. 2018. The genetic basis of a social polymorphism in halictid bees. *Nature Communications*. DOI: 10.1038/s41467-018-06824-8

El surgimiento de la eusociabilidad implicó una transición evolutiva entre una estrategia reproductiva solitaria a otra en grupo. Su estudio requiere del examen de conjuntos de especies hermanas que presenten variación en este rasgo. Kocher y colaboradores mostraron que un grupo de abejas es polimórfico en este rasgo comportamental, el cual está asociado a variaciones genéticas. Entre ellas, destacaron al intrón *systaxin1a* que interfiere en la producción de vesículas sinápticas y se encuentra asociado en humanos a desórdenes del espectro autista. Este estudio arroja luces sobre la base genética del comportamiento en múltiples grupos.

Cladonota apicalis
Caldas, Antioquia

 Camilo Florez Valencia, 2017



Ecología Evolutiva

Cadena CD, Céspedes LN. 2019. Origin of elevational replacements in a clade of nearly flightless birds – most diversity in tropical mountains accumulates via secondary contact following allopatric speciation. *bioRxiv*. DOI: 10.1101/606558

Varias especies del género de tapaculos *Scytalopus* habitan franjas altitudinales estrechas en los Andes y se reemplazan unas a otras a lo largo de gradientes altitudinales. Cadena y Céspedes analizaron estos patrones en un marco filogenético y hallaron que las especies que se reemplazan altitudinalmente suelen estar lejanamente emparentadas. Esto sugiere que el reemplazo altitudinal en este grupo resulta del contacto secundario de especies previamente aisladas geográficamente y no de la divergencia de especies en la misma zona del reemplazo.

Paz A, González A, Crawford AJ. 2019. Testing effects of Pleistocene climate change on the altitudinal and horizontal distributions of frogs from the Colombian Andes: a species distribution modelling approach. *Frontiers of Biogeography*. DOI: 10.21425/F5FBG37055

Hace cerca de 20.000 años, la temperatura disminuyó globalmente y los regímenes de precipitación se alteraron. Paz y colaboradores reconstruyeron los ámbitos de distribución de 14 especies de anfibios de la Cordillera Oriental de Colombia durante aquel periodo y los compararon con su distribución actual. Los modelos sugieren que la distribución de las especies de alta montaña se expandió hacia tierras más bajas durante aquel periodo. Estos resultados son analizados en conjunto con reconstrucciones palinológica para comprender cómo las especies de anfibios responden a cambios ambientales, con énfasis en ambientes húmedos y secos.

Evo-Devo

Madrigal Y, Alzate JF, Pabón-Mora N. 2017. Evolution and expression patterns of TCP genes in Asparagales. *Frontiers in Plant Science*. DOI: 10.3389/fpls.2017.00009

El orden Asparagales representa la mitad de las plantas monocotiledóneas e incluye plantas con flores bilaterales y radiales. Madrigal y colaboradores analizaron la evolución de los genes *TCP* en este grupo usando transcriptomas y una selección de secuencias de los tres principales grupos de estos genes, los cuales están involucrados en el desarrollo de la simetría floral. Encontraron que los genes *CIN* y *PCF* han sufrido múltiples duplicaciones en Asparagales, mientras que los genes *CYC* han permanecido de copia única y baja expresión. Mientras que la función de *CIN* y *PCF* en la proliferación celular de varios órganos vegetales está conservada en monocotiledóneas y eudicotiledóneas, el papel de *CYC* en la determinación de la simetría bilateral de las flores parece ser menor. Este estudio abre las puertas para futuros estudios funcionales en monocotiledóneas.

Evolución molecular

Berrio A, Guerrero RF, Aglyamova GV, et al. 2017. Complex selection on a regulator of social cognition: evidence of balancing selection, regulatory interactions and population differentiation in the prairie vole *Avpr1a* locus. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/mec.14455

La expresión del receptor vasopresina 1a y los niveles de *V1aR*, que influye en patrones de cognición espacial y fidelidad sexual, se puede predecir por las variantes en el locus *Avpr1a*. Berrio y colaboradores compararon la diversidad genética de este locus y del

genoma en dos poblaciones de topillo de la pradera y encontraron algunas variantes genéticas relacionadas con la expresión de *V1aR* muestran un desequilibrio de ligamiento mayor al esperado por azar o por mezcla, sugiriendo que la selección compleja sobre este locus podría contribuir a patrones únicos de comportamiento social entre poblaciones.

Genética evolutiva

Comeault AA, Matute DR. 2018. Genetic divergence and the number of hybridizing species affect the path to homoploid hybrid speciation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. DOI: 10.1073/pnas.1809685115

La hibridación es, comúnmente, un proceso maladaptativo que conlleva a la pérdida de biodiversidad. Sin embargo, en algunos casos puede promover la formación de nuevas especies bajo un proceso denominado especiación híbrida, en el cual los híbridos se aíslan reproductivamente de las especies parentales y se convierten en un nuevo linaje. Comeault y Matute probaron esta hipótesis realizando ensayos con moscas que varían en su nivel de divergencia y analizaron el grado de aislamiento reproductivo de los híbridos obtenidos. Encontraron que los híbridos provenientes de poblaciones con divergencia intermedia tienen una mayor probabilidad de exhibir aislamiento reproductivo.

Strickland LR, Arias CF, Rodriguez V, et al. 2018. Inheritance, distribution and genetic differentiation of a color polymorphism in Panamanian populations of the tortoise beetle, *Chelymorpha alternans* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Heredity*. DOI: 10.1038/s41437-018-0149-z

En la naturaleza es común encontrar múltiples formas de coloración coexistiendo en tiempo y espacio. Esto brinda una oportunidad para evaluar cómo la selección natural promueve la existencia de este polimorfismo. Strickland y colaboradores evaluaron la distribución geográfica de las variantes de color del escarabajo tortuga a través de análisis genómicos y cruces entre especies para hallar sus bases genéticas. Encontraron que esta especie posee cinco morfotipos discretos y coexistentes producto de la interacción de cuatro alelos que se heredan de forma mendeliana. Sin embargo, el rol de la selección natural en mantener este polimorfismo aún debe ser evaluado.

Gil-Vargas DL, Sedano-Cruz RE. 2019. Genetic variation of avian malaria in the tropical Andes: a relationship with the spatial distribution of hosts. *Malaria Journal*. DOI: 10.1186/s12936-019-2699-9

Los hemosporidios de aves son parásitos sanguíneos obligatorios que son transmitidos por algunos dípteros e infectan a una gran variedad de especies. A pesar de que estos parásitos se han estudiado desde diferentes enfoques biológicos, aún se conoce muy poco sobre cómo el ensamblaje de las comunidades de aves influye en la evolución y propagación de la diversidad de estos parásitos. Gil-Vargas y Sedano-Cruz realizaron un metaanálisis y encontraron que la riqueza genética y recambio de hemosporidios están asociadas a la diversidad de aves y su elevación en los Andes tropicales.



Morfología y fisiología evolutiva

Brien M, Enciso-Romero J, Parnell A, et al. 2018. Phenotypic variation in *Heliconius erato* crosses shows iridescent structural color is sex-linked and controlled by multiple genes. *Interface Focus*. DOI: 10.1098/rsfs.2018.0047

La iridiscencia en mariposas ha sido asociada con la termorregulación y comunicación entre individuos de la misma especie. Sin embargo, su base genética es desconocida. Mediante el análisis de cruces genéticos entre poblaciones de *Heliconius erato* con presencia y ausencia de este rasgo, Brien y colaboradores demostraron que la iridiscencia es un rasgo cuantitativo controlado por múltiples genes, algunos de ellos ubicados en el cromosoma sexual Z. Además, sugieren que el fenotipo iridiscente no está asociado a la morfología del ala. Este estudio estandariza nuevos métodos para medir este rasgo y determina su base poligénica ligada al sexo.

Zalamea PC, Dalling JW, Sarmiento C, et al. 2018. Dormancy–defense syndromes and tradeoffs between physical and chemical defenses in seeds of pioneer species. *Ecology*. DOI: 10.1002/ecy.2419

Las semillas poseen atributos químicos y físicos como estrategia de defensa contra herbívoros y patógenos, los cuales se cree que determinan los tiempos de persistencia. Para probar esta hipótesis, Zalamea y colaboradores estudiaron semillas de 16 especies de árboles del neotrópico y encontraron que tanto la permeabilidad y las defensas químicas, como la impermeabilidad y las defensas físicas están correlacionadas positivamente. Asimismo, determinaron que la dormancia y la quiescencia de las semillas están constreñidas filogenéticamente. Este estudio vincula las

estrategias de defensa y dormancia sugiriendo un síndrome antidepredatorio en semillas.

Paleontología evolutiva

Carrillo JD, Amson E, Jaramillo C, et al. 2018. The Neogene record of Northern South American native ungulates. *Smithsonian Contributions to Paleobiology*. DOI: 10.5479/si.1943-6688.101

Los mamíferos ungulados de Sudamérica exhibieron una gran diversidad taxonómica y se distribuyeron ampliamente en el continente durante el Cenozoico. El registro fósil neotropical es esencial para la comprensión de la paleobiogeografía y diversidad durante el Gran Intercambio Biótico Americano (GABI). Carrillo y colaboradores describen nuevos restos de ungulados del Neógeno de Colombia y Venezuela. La fauna fósil descrita se caracteriza por el predominio de taxones nativos, a pesar de su proximidad al istmo de Panamá. Estos nuevos hallazgos permiten documentar los cambios de los ensamblajes de mamíferos en el norte de Sudamérica, antes y durante el GABI.

Salas-Gismondi R, Moreno-Bernal JW, Scheyer TM, et al. 2018. New Miocene Caribbean gavialoids and patterns of longirostry in crocodylians. *Journal of Systematic Palaeontology*. DOI: 10.1080/14772019.2018.1495275

Gavialoidea es un clado de cocrodilomorfos de hocico largo y delgado. La diversificación y extinción de cocodrilos gavialoideos en el neotrópico representa un interesante caso de estudio para explorar la evolución de la mandíbula crocodiliana. Salas-Gismondi y colaboradores describen dos nuevas especies de gavialoideos, *Dadagavialis gunai* de Panamá y *Aktiogavialis caribesi* de Venezuela, los cuales

evidencian la diversificación de los gaviales durante el Mioceno en el neotrópico y soportan las relaciones biogeográficas entre el norte de Sudamérica, el Caribe y el extremo sur de América del Norte antes de que se estableciera completamente el istmo de Panamá.

Sistemática y filogenética

Burguez Floriano C, Molano-Rendón F, Morales I, et al. 2019. Revision of the genus *Platygerris* White, 1883 (Hemiptera: Heteroptera: Gerridae), with descriptions of two new species from Colombia. *Insect Systematics & Evolution*. DOI: 10.1163/1876312X-00002306

El género *Platygerris* comprende tres especies de chinches patinadoras descritas para México y Costa Rica. Burguez Floriano y colegas redescubrieron este género y sus especies conocidas hasta ahora. Además, describieron dos nuevas especies para Colombia: *P. cristalina* sp. nov. y *P. pacificus* sp. nov., cuyos materiales tipos provienen del valle del río Magdalena y la región centro-sur del Pacífico colombiano, respectivamente. Estos autores también elaboraron una nueva clave para la identificación de especies de *Platygerris* y describieron su estructura cuticular y otros rasgos diagnósticos a partir de observaciones de micrografías obtenidas con microscopía electrónica.

Bernal R, Castaño F, Sanín M. 2019. A new, overlooked species of *Aiphanes* (Arecaceae)

from Santander, Colombia. *Phytotaxa*. DOI: 10.11646/phytotaxa.405.2.5

Las palmas del género *Aiphanes* suelen pasar inadvertidas en los bosques tropicales. Bernal y colegas describieron una nueva especie de este género para el sur del departamento de Santander: *A. suaita* sp. nov. Las únicas dos poblaciones detectadas se encuentran aisladas y tienen un número reducido de individuos en bosques húmedos premontanos del flanco occidental de la Cordillera Oriental. Con su descubrimiento, los autores sugieren que es necesario explorar la presencia de más microendemismos en los extremos septentrionales de las Cordilleras Central y Oriental. Para esto, recomiendan hacer revisiones morfológicas más detalladas de estas palmas y, si es posible, contrastar las observaciones morfológicas con resultados filogenéticos moleculares.

Alejandra Rodríguez-Abaunza

Universidad Nacional Autónoma de México

Diego Londoño

Ludwig-Maximilians-Universität München

Lina Ruiz, Melissa Uribe-Acosta

Universidad de Antioquia

🐦 Wendy Valencia-Montoya

Harvard University

🐦 Valeria Ramírez Castañeda

University of California Berkeley

🐦 Fabián Salgado-Roa

Universidad de los Andes

EVENTOS ACADÉMICOS

V Congreso Colombiano de Biología Computacional y Bioinformática

6-8 de noviembre de 2019

Ibagué, Colombia

<https://2019.ccbcol.org>

VII Simposio Colombiano de Biología Evolutiva

20-22 de noviembre de 2019

Tunja, Colombia

<https://vii-smeb.webnode.mx>

Vienna Graduate School of Population Genetics – Experimental Evolution Course

2-9 de diciembre de 2019

Viena, Austria

<https://www.popgen-vienna.at/training/experimental-evolution-course>

Stand Alone Meeting of the American Society of Naturalists

3-7 de enero de 2020

Pacific Grove, USA

<https://amnat2020.com>

Nystalus radiatus

Girón, Santander

 Fernando Cediél, 2018

International Plant and Animal Genome XXVIII

11-15 de enero de 2020

San Diego, USA

<https://www.intlpag.org/2020>

VI International Conference of Quantitative Genetics

14-19 de junio de 2020

Brisbane, Australia

<https://icqg6.org/>

Society for Molecular Biology and Evolution Meeting 2020

28 de junio – 2 de julio de 2020

Québec City, Canadá

<http://smbe2020.org>

Contraportada: *Cladonota apicalis*

Caldas, Antioquia

 Camilo Florez Valencia, 2017



