

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 4 Número: 1 Año: 2016



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

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EDITORES

Henry Arenas-Castro
Juan Pablo Narváez-Gómez

Instituto Humboldt
Universidade de São Paulo

COMITÉ CIENTÍFICO

Alejandra Vasco	Universidad Nacional Autónoma de México
Alejandro Berrio	University of Texas at Austin
Alejandro Rico-Guevara	University of Connecticut
Ana Caicedo	University of Massachusetts Amherst
Andrés Cárdenas-Rozo	Universidad EAFIT
Andrés J. Cortés	Uppsala Universitet
Andrés Cuervo	Universidad de los Andes
Andrew J. Crawford	Universidad de los Andes
Camilo Salazar	Universidad del Rosario
Carlos F. Arias	Smithsonian Tropical Research Institute
Carlos A. Botero	Washington University in Saint Louis
Carlos E. Guarnizo	Universidad de los Andes
Carlos Jaramillo	Smithsonian Tropical Research Institute
Carlos Machado	University of Maryland
Carlos A. Navas	Universidade de São Paulo
Carolina Pardo-Díaz	Universidad del Rosario
Catalina Pimiento	Universität Zürich
Cristina López-Gallego	Universidad de Antioquia
Daniel Cadena	Universidad de los Andes
Daniel R. Matute	University of North Carolina at Chapel Hill
Daniel Ortiz-Barrientos	University of Queensland
Federico Brown	Universidade de São Paulo
Felipe Zapata	San Francisco State University
Fernando Díaz	Universidade Federal de São Carlos
Fernando Vargas-Salinas	Universidad del Quindío
Gabriel Bedoya	Universidad de Antioquia
Gustavo A. Bravo	Universidade de São Paulo
Hernán Burbano	Max Planck Institute for Developmental Biology
Iván Darío Soto-Calderón	Universidad de Antioquia
Ivania Cerón-Souza	CORPOICA
Javier A. Maldonado-Ocampo	Pontificia Universidad Javeriana
Juan Diego Gaitán-Espitia	Universidad Austral de Chile
Juan Luis Parra	Universidad de Antioquia
Juan Manuel Daza	Universidad de Antioquia
Juan Nicolás Malagón	University of Toronto
Juan Sebastián Escobar	Centro de Investigación Vidarium
Mailyn A. Gonzalez	Instituto Humboldt
Margarita Womack	Princeton University
María Ángela Echeverry-Galvis	Pontificia Universidad Javeriana
María del Rosario Castañeda	Universidad del Valle
María José Sanín	Universidad CES
Martha L. Serrano	Université de Lausanne
Maryam Chaib De Mares	Rijksuniversiteit Groningen
Mauricio Linares	Universidad del Rosario
Mauricio Rivera-Correa	Universidad de Antioquia
Mónica Medina	Pennsylvania State University

Natalia Pabón Mora
Natasha I. Bloch
Rafael F. Guerrero
Raúl Sedano
Roxana Yockteng
Santiago Herrera
Santiago Ramírez
Sergio A. Muñoz-Gómez
Sergio Solari
Simón Uribe-Convers
Tatiana Arias
Víctor Hugo García Merchan
Ximena Bernal
Yherson F. Molina Henao

Universidad de Antioquia
University College London
Indiana University
Universidad del Valle
CORPOICA
University of Toronto
University of California at Davis
Dalhousie University
Universidad de Antioquia
University of Missouri at St. Louis
Corporación para Investigaciones Biológicas
Universidad del Quindío
Purdue University
Harvard University

EDICIÓN GRÁFICA

Andrea J. Manrique-Rincón

Universidade Estadual de Campinas

Portada:

Centrolene savagei, 2016
Filandia, Quindío
Julian Rios-Soto

Sarcoramphus papa,
2014
Cali, Valle del



CONTENIDO

EDITORIAL NACIONAL	6
Mujeres en ciencia	
Catalina Pimiento, Carolina Pardo-Díaz, Natasha I. Bloch	
EDITORIAL INTERNACIONAL	8
Genetic exchange and evolution in the Neotropics: the tip of the canopy	
Michael L. Arnold	
RECONOCIMIENTOS	10
Silvia Restrepo & Daniel Cadena	
Mailyn A. Gonzalez	
INVESTIGAR EN COLOMBIA	11
El pos-acuerdo como una oportunidad para explorar los recursos genéticos de plantas en Colombia	
Tatiana Arias	
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	13
RPANDA	
PHYLOMETRICS	
Genomics Virtual Lab (GVL)	
COMENTARIO CIENTÍFICO	14
¿Cuánta información genética de la biodiversidad de Colombia conocemos?	
Mailyn A. Gonzalez	
CIENCIA CRIOLLA	16
Las especies aposemáticas y polimórficas podrían estar menos protegidas químicamente	
Mónica Arias	
Ruido de quebradas, filtro de hábitat y estructura fenotípica y filogenética de ensamblajes de anuros neotropicales	
Juan David Carvajal-Castro & Fernando Vargas-Salinas	
Evolución del linaje de genes APETALA2 en las plantas con semilla	
Cecilia Zumajo-Cardona & Natalia Pabón-Mora	



INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	19
¿Un ancestro común? Importancia dentro y fuera de la biología evolutiva	
Martha L. Serrano	
BIODIVERSIDAD	20
Cuidado maternal en la rana de cristal <i>Ikakogi tayrona</i>	
<i>Pristimantis macrummendozai</i>, una nueva especie de ranita de lluvia de páramo	
<i>Leyvachelys cipadi</i>, el resgistro más antiguo de la familia Sandownidae	
EVENTOS ACADÉMICOS	22
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	24
NODOS	30
Carlos A. Botero	
MESAS DE TRABAJO REGIONAL	31
AVISOS Y AGRADECIMIENTOS	35



Coprinus sp. 2016
Guasca, Cundinamarca
Jeisson Castro Salamanca

EDITORIAL NACIONAL

Mujeres en ciencia

Catalina Pimienta

Universität Zürich

Carolina Pardo-Díaz

Universidad del Rosario

Natasha I. Bloch

University College London

La situación global de las mujeres en instituciones académicas es problemática. Aunque no siempre es así, científicas en todo el mundo son víctimas de la inequidad y trabajan en ambientes hostiles. La inequidad se ve reflejada, por ejemplo, en los póneles editoriales de revistas, conferencias, departamentos y facultades que están compuestos en su mayoría por hombres. Esto conlleva a que las voces de los hombres sean las escuchadas y que las decisiones se tomen con base en sus percepciones. La mayoría de las instituciones no tienen un compromiso genuino por cambiar esta situación. Muchos esfuerzos por incluir mujeres y otras minorías son en realidad una preocupación por proyectar cierta imagen y crear una buena reputación¹. Este problema es agravado por la hostilidad de los ambientes académicos en los que se usa un lenguaje sexista y condescendiente para referirse a las mujeres², donde los estudiantes juzgan a sus profesoras injustamente³ y donde en algunos casos lamentables hay acoso sexual⁴. Aunque la mayoría de hombres en ciencia no son machistas, muchos padecen de sexismo benevolente⁵ o no creen que esta problemática es real^{6,7,8}.

En Colombia, las mujeres han logrado importantes avances en el acceso a la educación, pero este progreso no ha sido equitativo en todas las áreas. Según los resultados de las pruebas PISA del 2012,

Colombia es el país con mayor desigualdad de género en el desempeño académico: los hombres obtienen al menos 25 puntos más que las mujeres tanto en matemáticas como en ciencias. La OCDE resalta que estas diferencias no son algo innato, sino que son resultado de factores sociales y culturales⁹. Por ejemplo, Andreas Schleicher, director del área de educación de este organismo, sostiene que “en situaciones de rendimiento académico escolar idéntico en matemáticas se tiende a dar una mejor nota al niño porque se considera que el encaminará su futuro profesional en esta dirección y hay que animarle a su estudio”, haciendo que las niñas se desestimulen y vean a las asignaturas de ciencias exactas como difíciles. Consecuentemente, en la actualidad las colombianas somos una minoría en las carreras de ciencia, tecnología, ingeniería y matemáticas. Según un informe reciente de la Academia de Ciencias de Sudáfrica¹⁰, sólo el 14% de los miembros de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales son mujeres. Asimismo, la proporción de investigadoras colombianas en ciencia es una entristecedora minoría: el Observatorio de Ciencia y Tecnología reporta que las mujeres conforman sólo un tercio de los investigadores activos del país, constituyendo sólo el 32% de los investigadores en ingeniería y tecnología y el 43% de los investigadores en ciencias naturales, exactas y agrícolas.



Para entender el problema de la baja representación de las mujeres en profesiones de ciencia, también es importante mirar las cifras durante la etapa laboral. Este ejercicio revela que la proporción de mujeres que llegan a tener trabajos estables en ciencia es también más baja que la de los hombres que estudiaron las mismas carreras. ¿Por qué las mujeres abandonan su carrera después de haber completado sus estudios? Las dificultades para mantener el balance trabajo/familia que enfrentan las mujeres con hijos es un factor importante y un problema complejo con una solución igualmente difícil de contemplar. Claramente la solución no está en pedirle menos a las mujeres, sino en proveer flexibilidad, recursos y herramientas para que puedan seguir siendo competitivas después de tener hijos. Por ejemplo, se puede empezar proveyendo guarderías en las instituciones académicas o ayudas económicas para el pago del cuidado de los niños. Pero sobre todo, tenemos que dejar de cerrar las puertas a las mujeres que pausan su carrera unos años cuando tienen hijos. Igualmente, es fundamental considerar que estas ayudas e incentivos deben ser dados tanto a las mujeres como a los hombres que tienen familia. Los hombres cada vez se involucran más en las responsabilidades familiares, sin embargo, seguimos atrapados en un sistema laboral retrógrado en el que no se da espacio para que los hombres tengan un papel activo como padres. No cabe duda que si las responsabilidades familiares dejaran de recaer únicamente en las mujeres, aumentaría su representación en las profesiones científicas. Estamos perdiendo las invaluables contribuciones al avance científico de mujeres que están abandonando sus carreras prematuramente debido a la falta de flexibilidad del sistema.

Para que este panorama cambie es necesario que las academias nacionales de ciencia, las universidades y los centros de investigación establezcan políticas claras de inclusión en ciencia dirigidas a la mujer. Impulsar estas políticas no sólo incrementará la visibilidad de las mujeres colombianas en ciencia, sino que brindará modelos de rol femeninos que

incentivarán a las jóvenes interesadas en ejercer carreras en ciencia y tecnología. El reto es enorme, pero ya se empiezan a dar pequeños avances en esta dirección. En marzo de 2016 se creó la Red Colombiana de Mujeres Científicas, que tiene por objetivo fomentar la elección de carreras en ciencias exactas en las niñas y jóvenes colombianas, así como fortalecer la labor e integración de las científicas activas del país. También existen iniciativas internacionales como el Programa Nacional L'Oréal-Unesco para mujeres en la ciencia, que en Colombia cuenta con el apoyo de Icetex y Colciencias y favorece a investigadoras colombianas desarrollando su doctorado o postdoctorado en ciencias básica y naturales. Aunque no es un proceso simple, todos tenemos que trabajar por encontrar una solución para que las mujeres en ciencia puedan alcanzar su potencial y que desaparezcan las desigualdades sin fundamento que actualmente existen.

Lecturas recomendadas

- ¹ Forget equality and diversity, my university only cares about appearances.
- ² How female scientists responded to brutally sexist comments from a Nobel laureate.
- ³ Why female professors get lower ratings.
- ⁴ The sexual misconduct case that has rocked anthropology.
- ⁵ The problem when sexism just sounds so darn friendly.
- ⁶ Handley IM, Brown ER, Moss-Racusinc CA, Smith JL. 2015. Quality of evidence revealing subtle gender biases in science is in the eye of the beholder. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. DOI: 10.1073/pnas.1510649112
- ⁷ Even with hard evidence of gender bias in STEM fields, men don't believe it's real.
- ⁸ Don't be that dude: handy tips for the male academic.
- ⁹ The ABC of gender equality in education: aptitude, behaviour and confidence.
- ¹⁰ Women for science: inclusion and participation in academies of science.



EDITORIAL INTERNACIONAL

Genetic exchange and evolution in the Neotropics: the tip of the canopy

Michael L. Arnold

University of Georgia

In his 1949 book, *Introgressive Hybridization*, Edgar Anderson explored the potential consequences of the process named in the title of his book. In particular, he hypothesized that introgression, or in today's nomenclature, divergence-with-gene-flow, might have played a key role in adaptive evolution and diversification in plants and animals (Anderson 1949, p. 62). However, he emphasized that until discrete genetic markers could be assayed, it would not be possible to infer which taxa had been impacted by introgressive hybridization or what, if any, evolutionary effect such gene transfers might have had (Anderson 1949, p. 102). If we fast-forward 40+ years, Grant and Grant (1992) also argued that the use of only non-discrete, morphological traits might have contributed to the inference of no introgressive hybridization between nondescript birds. Importantly, for those fascinated by the taxa of the New World tropics, they concluded "...some groups like the tinamous are generally cryptic and rarely studied in detail in nature, whereas the more conspicuous grouse and partridges have received much more attention. Hybridization has not been recorded in the former, whereas more than two dozen kinds of interspecific pairs are known for grouse... Differential detectability could partly explain why so many cases are known for hummingbirds, ducks, and geese, and so few for a variety of cryptic birds of tropical forests."

In agreement with the above conclusions, studies of New World primates have likewise arrived at underestimates of introgressive hybridization when based solely upon morphological characteristics. For example, of 128 hybrid individuals from a hybrid zone between *Alouatta palliata* and *A. pigra* only 12% possessed relatively equivalent numbers of genetic markers from each species (i.e. were "intermediate"). The majority of the

monkeys assayed demonstrated genotypes belonging to advanced-generation backcrosses (Kelaita & Cortés-Ortíz 2013). Comparisons of the morphological and genomic constitution of the same individuals resulted in the inference of less diagnostic power (in terms of identifying multigenerational backcross hybrids) for the phenotypic traits.

The significance of accurate estimates of the frequency and taxonomic distribution of divergence-with-gene-flow is multipartite. Evolutionary biologists interested in speciation need to know whether or not divergence can occur in spite of ongoing genetic exchange. If it is possible for evolutionary diversification to proceed with episodic transfers of genetic material then it is likely that natural selection can be much stronger than is often assumed. Furthermore, if the type of selection varies across different loci (underdominant, balancing, overdominant), this could help to explain the semi-permeability of 'species boundaries' described by Key (1968). Differential permeability thus indicates that certain loci introgress, while others do not, giving rise to Wu's (2001) 'mosaic genome'. Such mosaicism often underlies biodiversification and adaptive change. This is illustrated clearly by another Neotropical animal complex, the *Heliconius* butterflies. Thus, as predicted by Anderson and Stebbins (1954), the formation of hybrid butterfly species and adaptive evolution has been catalyzed by genetic exchange (e.g. Gilbert 2003, Mavárez et al. 2006, Salazar et al. 2010, Pardo-Díaz et al. 2012).

I have discussed only a few examples of divergence-with-introgression among Neotropical species. I look forward to many more tests of models of non-allopatric divergence in this wonderful region. I believe that the reports of divergence-with-gene-flow



already available do indeed reflect only the tip of the tropical canopy.

References

Anderson E. 1949. Introgressive hybridization. John Wiley and Sons.

Anderson E, Stebbins GL Jr. 1954. Hybridization as an evolutionary stimulus. Evolution. DOI: 10.2307/2405784

Gilbert LE. 2003. Adaptive novelty through introgression in *Heliconius* wing patterns: evidence for shared genetic 'tool box' from synthetic hybrid zones and a theory of diversification. In: Butterflies: ecology and evolution taking flight. University of Chicago Press.

Grant PR, Grant BR. 1992. Hybridization of bird species. Science. DOI: 10.1126/science. 256.5054.193

Kelaita MA, Cortés-Ortíz L. 2013. Morphological variation of genetically confirmed *Alouatta pigra* x *A. palliata* hybrids from a natural hybrid zone in Tabasco, Mexico. American Journal of Physical Anthropology. DOI: 10.1002/ajpa.22196

Key KHL. 1968. The concept of stasipatric speciation. Systematic Zoology. DOI: 10.2307/2412391

Mavárez J, Salazar CA, Bermingham E, Salcedo C, Jiggins CD, Linares M. 2006. Speciation by hybridization in *Heliconius* butterflies. Nature. DOI: 10.1038/nature04738

Pardo-Díaz C, Salazar C, Baxter SW, Merot C, Figueiredo-Ready W, Joron M, McMillan WO, Jiggins CD. 2012. Adaptive introgression across species boundaries in *Heliconius* butterflies. PLoS Genetics. DOI: 10.1371/journal.pgen.1002752

Salazar C, Baxter SW, Pardo-Díaz C, Wu G, Surridge A, Linares M, Bermingham E, Jiggins CD. 2010. Genetic evidence for hybrid trait speciation in *Heliconius* butterflies. PLoS Genetics. DOI: 10.1371/journal.pgen.1000930

Wu C-I. 2001. The genic view of the process of speciation. Journal of Evolutionary Biology. DOI: 10.1046/j.1420-9101.2001.00335.x



Momotus aequatorialis, 2014
Armenia, Quindío
Fernando Vargas-Salinas

RECONOCIMIENTOS

Silvia Restrepo & Daniel Cadena



Silvia y Daniel, profesores de la Universidad de los Andes, fueron nombrados miembros de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (ACCEFYN). Durante la ceremonia de posesión, Silvia y Daniel hablaron sobre la microbiología a la luz de la evolución y las causas de la alta diversidad de aves en Colombia, respectivamente. Los felicitamos por este nombramiento y les deseamos éxitos en el fomento de la biología evolutiva a través de la ACCEFYN.

Foto: Oficina de Comunicaciones de la Universidad de los Andes.

Mailyn A. Gonzalez



Mailyn fue reconocida por el diario El Espectador como una de las 37 personas menores de 37 años que con su trabajo hacen de Colombia un mejor país. Actualmente es investigadora del Instituto Humboldt donde usa la genética como una herramienta de apoyo para la toma de decisiones políticas pertinentes a la conservación de la biodiversidad. Extendemos nuestras felicitaciones y celebramos sus esfuerzos para consolidar el catálogo de la diversidad genética de Colombia.

Diana Lucía Buitrago
Universidade Federal de Goiás

INVESTIGAR EN COLOMBIA

El pos-acuerdo como una oportunidad para explorar los recursos genéticos de plantas en Colombia

Tatiana Arias

Corporación para Investigaciones Biológicas

Colombia está experimentando cambios dramáticos que aseguran un nuevo período para el desarrollo económico de la nación. La promesa de un periodo de pos-acuerdo requiere una reestructuración económica, cultural y política. Se espera que en las próximas décadas la inversión requerida para la defensa nacional disminuya y como consecuencia se genere mayor inversión en ciencia, tecnología y educación. La extraordinaria diversidad de nuestro país representa una oportunidad única para avanzar en el uso sostenible de los recursos biológicos, genéticos y sus derivados. La biología evolutiva ofrece herramientas clave para el estudio de la diversidad del país desde la agricultura, bioprospección y conservación.

El estudio de la diversidad genética y la evolución de nuestras plantas emblemáticas, económicamente importantes y con potencial económico debe convertirse en una prioridad para Colombia. La investigación orientada al mejoramiento genético de cultivos tradicionales y no tradicionales es esencial en un país donde la mayoría de las semillas cultivadas son importadas, produciendo cultivos pobremente adaptados a las condiciones ambientales de las regiones donde se cultivan. Si consideramos los efectos rápidos que puede producir el cambio climático en cultivos con poca resiliencia y diversidad genética, el desconocimiento genético generalizado de los cultivos y de los acervos genéticos presentes en los bancos de germoplasma en el país, tenemos una receta para el desastre en términos de seguridad alimentaria. Se deben impulsar e implementar caracterizaciones moleculares y estudios de domesticación que informen programas de mejoramiento, no solo de las especies cultivadas que consumimos diariamente, sino también de otras posibles

fuentes nutricionales menos tradicionales, de las que el Instituto Humboldt asegura son cerca de 400 especies.

Capitalizar de la diversidad de manera sostenible ha sido la prioridad de varios países en América Latina, como Costa Rica, Perú y Brasil. El gobierno colombiano a través del programa Colombia BIO está interesado en el desarrollo de productos desde la biodiversidad para las industrias cosmética, farmacéutica y de insumos agroindustriales. Colombia debe invertir en una exploración exhaustiva de metabolitos secundarios presentes en su biodiversidad a través del estudio de las ciencias ómicas. La caracterización de la diversidad metabólica complementada con (1) simulaciones computacionales para encontrar variantes moleculares sintetizables en el laboratorio, (2) la biología de sistemas para entender no solo el metabolito en particular sino también toda la ruta metabólica en la que participa y (3) el *docking* molecular para predecir la afinidad entre moléculas servirán para encontrar compuestos activos y procesos metabólicos candidatos a ser patentados o comercializados.

Estudiar nuestras especies emblemáticas, endémicas y con servicios ecosistémicos desde la óptica de la biología evolutiva y la genética de poblaciones es esencial para empezar a explorar nuestra diversidad genética, reclamar soberanía sobre nuestros recursos, protegernos de la biopiratería y entender la vulnerabilidad de las poblaciones de plantas al cambio climático. La investigación en estos tres frentes requiere, además de inversión substancial del gobierno y la empresa privada en ciencia y tecnología, una apuesta del país a la educación y a la generación de empleos en dichas áreas. A la



fecha, Colombia cuenta solamente con 7.000 científicos según la revista Semana (otras fuentes citan entre 8.000 y 12.000 según la definición que se use). Es importante resaltar que la generación de los CONPES de ciencia y tecnología debería estar a cargo de los científicos del país y no simplemente de mandatarios con altos cargos en el gobierno sin conocimientos científicos; como es el caso del CONPES que está por aprobarse y en el cual no se han incorporado cambios

substanciales después de incontables críticas por la comunidad científica colombiana. Los principales centros de investigación a su vez deben trabajar de manera colaborativa para generar repositorios centrales de datos que pueda dar inicio a exploraciones moleculares. Estamos viviendo tiempos verdaderamente emocionantes para la ciencia colombiana y es hora de avanzar nuestras expediciones taxonómicas hacia exploraciones a nivel molecular.



Sachatamia ilex, 2015
Buenaventura, Valle del Cauca
Cristian González Acosta

DESARROLLOS COMPUTACIONALES

RPANDA

RPANDA ofrece una alternativa para realizar análisis macroevolutivos usando información filogenética. Este paquete de R permite estimar la distancia entre árboles filogenéticos y agruparlos por similitud, comparar el ajuste de modelos de diversificación basado en *likelihood*, estimar las tasas de especiación y extinción y su variación en el tiempo y resumir gráficamente los resultados.

Morlon H, Lewitus E, Condamine FL, Manceau M, Clavel J, Drury J. 2016. RPANDA: an R package for macroevolutionary analyses on phylogenetic trees. *Methods in Ecology and Evolution*. DOI: 10.1111/2041-210X.12526

PHYLOMETRICS

PHYLOMETRICS permite inferir mecanismos macroevolutivos que pueden generar la distribución observada de un rasgo en una filogenia. Este paquete de R permite estimar medidas de la distribución de un rasgo en una filogenia y comparar estos valores con una distribución nula generada mediante simulaciones a partir de un modelo de especiación y extinción dependiente del rasgo.

Adicionalmente, calcula la tasa de falsos-positivos y el poder estadístico de las pruebas sobre la filogenia.

Hua X, Bromham L. 2016. PHYLOMETRICS: an R package for detecting macroevolutionary patterns, using phylogenetic metrics and backward tree simulation. *Methods in Ecology and Evolution*. DOI: 10.1111/2041-210X.12531

Genomics Virtual Lab (GVL)

GVL es una plataforma computacional que permite construir y personalizar un cluster con una gran variedad de herramientas bioinformáticas para análisis y visualización de datos genómicos. Funciona como una máquina virtual y permite construir flujos de trabajo personalizados y acceder a bases de datos de referencia. GVL cuenta con tutoriales y protocolos de análisis de datos para Galaxy, GenomeSpace y Genomics Analysis que

abarcen temas como ensamblaje de genomas, RNA-Seq, metagenómica, llamado de variantes, entre otros.

Afghan E, Sloggett C, Goonasekera N, Makunin I, Benson D, Crowe M, Gladman S, Kowsar Y, Pheasant M, Horst R, Lonie A. 2015. Genomics Virtual Laboratory: a practical bioinformatics workbench for the cloud. *PLoS ONE*. DOI: 10.1371/journal.pone.0140829

Leidy Viviana Romero
Universidad Industrial de Santander

Santiago Herrera
Universidad de los Andes



COMENTARIO CIENTÍFICO

¿Cuánta información genética de la biodiversidad de Colombia conocemos?

Mailyn A. Gonzalez

Instituto Humboldt

No es una novedad afirmar que la información genética en el país viene aumentando, ¿pero que tanto? Entre 1994 y 2015 se publicaron en GenBank 10078 secuencias de especies eucariotas provenientes de Colombia, de las cuales el 60 % están asociadas a estudios de evolución, ecología y sistemática. En bacterias, el panorama es más productivo. Durante el mismo periodo se publicaron 44959 secuencias, asociadas en un 90% a estudios biomédicos y agropecuarios. Pero, ¿qué fracción de la biodiversidad conocida en Colombia representan estas secuencias? El resultado es algo desalentador. De las especies reportadas en el SIB Colombia, los mamíferos son el grupo con mayor proporción de especies con secuencias genéticas disponibles, representando solo el 5 %. La proporción de especies de anfibios, insectos y aves con secuencias genéticas publicadas ronda entre 2-4 %. En peces y reptiles esta cifra no supera 2%.

La caracterización genética de estas especies y sus poblaciones es un insumo clave para entender los factores responsables de la biodiversidad neotropical. En efecto, múltiples estudios han revelado una importante estructuración filogeográfica de diversos grupos de aves (Benham et al. 2015), anfibios (Garcia et al. 2012) y plantas (Rymer et al. 2013) en Colombia que, asociados a la historia geológica y las características ecológicas del paisaje, permiten probar hipótesis de colonización y diversificación de diversos linajes. Dada esta estructuración filogeográfica, resulta imperativo incluir secuencias colombianas en los estudios que busquen esclarecer patrones evolutivos regionales. Adicionalmente, la información genética espacialmente explícita informa medidas de conservación (Caballero et al. 2015) y descripción de nuevas especies (Amézquita et al. 2013), constituyendo una

herramienta para el inventario y la gestión de la biodiversidad.

¿Cómo catalizar la generación de información genética en el país? Podríamos iniciar por un análisis de vacíos y listado de prioridades alrededor del cual uniéramos esfuerzos como comunidad académica para subsanarlos. Por ejemplo, ¿cuantas de las especies de aves y anfibios presentes en Colombia no están representadas en filogenias moleculares globales (Pyron & Wiens 2011, Jetz et al. 2012) por falta de datos? ¿Cuáles de estas especies podrían caracterizarse genéticamente a partir de las muestras ya presentes en colecciones biológicas? ¿Cuántas especies endémicas, amenazadas o tráficoadas cuentan con información genética? Como comunidad académica debemos priorizar el levantamiento de información genética alrededor de temáticas de interés global, articular las colecciones de tejidos, los laboratorios de biología molecular y los recursos que administramos para ir alimentando la espiral de conocimiento que integra una mayor generación de información genética de la diversidad colombiana.

Referencias

Amézquita A, Marquéz R, Medina R, Méjia-Vargas D, Kath TR, Suarez G, Mazariegos L. 2013. A new species of Andean poison frog, *Andinobates* (Anura: Dendrobatidae), from the northwestern Andes of Colombia. Zootaxa. DOI: 10.11646/zootaxa.3620.1.8

Benham PM, Cuervo AM, McGuire JA, Witt CC. 2015. Biogeography of the Andean metalail hummingbirds: contrasting evolutionary histories of tree line and habitat-generalist clades. Journal of Biogeography. DOI: 10.1111/jbi.12452



Caballero S, Correa C, Trujillo F. 2015. Population structure and genetic diversity of the endangered South American giant otter (*Pteronura brasiliensis*) from the Orinoco basin in Colombia: management implications and applications to current conservation programs. *Journal of Heredity*. DOI: 10.1093/jhered/esv049

García-R JC, Crawford AJ, Mendoza A, Ospina O, Cardenas H, Castro F. 2012. Comparative phylogeography of direct-developing frogs (Anura: Craugastoridae: Pristimantis) in the southern Andes of Colombia. *PLoS ONE*. DOI:10.1371/journal.pone.0046077

Jetz W, Thomas GH, Joy JB, Hartmann K, Mooers AO. 2012. The global diversity of birds in space and time. *Nature*. DOI: 10.1038/nature11631

Rymer PD, Dick CW, Giuseppe VD, Buonamici A, Boshier D. 2013. Recent phylogeographic structure in a widespread 'weedy' Neotropical tree species, *Cordia alliodora* (Boraginaceae). *Journal of Biogeography*. DOI: 10.2307/23463631

Pyron RA, Wiens JJ. 2011. A large-scale phylogeny of Amphibia including over 2800 species, and a revised classification of extant frogs, salamanders, and caecilians. *Molecular Phylogeny and Evolution*. DOI: 10.1016/j.ympev.2011.06.012



Coccinellidae, 2016
Caldas, Antioquia
Juan Ignacio Muñoz Manco

CIENCIA CRIOLLA

Las especies aposemáticas y polimórficas podrían estar menos protegidas químicamente

Mónica Arias

Muséum National d'Histoire Naturelle

Algunos organismos aposemáticos presentan un sabor desagradable asociado a coloraciones conspicuas. Tras probar repetidamente presas tóxicas de apariencia similar, los depredadores aprenden a asociar su mal sabor con dicha señal de advertencia. Esta interacción puede provocar la convergencia en el patrón de coloración dentro y entre especies aposemáticas, formando anillos miméticos, donde diferentes individuos presentan señales de advertencia similares y comparten así el costo asociado al aprendizaje del depredador. Dicha convergencia es conocida como mimetismo mülleriano y predice que una especie aposemática presentará tan solo una señal de advertencia por localidad (monomorfismo). Por otro lado, existe el mimetismo batesiano, en el cual organismos que no están químicamente protegidos imitan las señales de advertencia presentes en organismos tóxicos. Aquí, los organismos miméticos no tóxicos tienen mayor beneficio si la señal que imitan está presente mayormente en organismos protegidos. De esta manera, los depredadores probarán más organismos tóxicos con dicha coloración y podrán establecer una asociación clara entre la señal y la toxicidad. Esta selección de frecuencia negativa sobre especies miméticas batesianas puede promover polimorfismos, favoreciendo las bajas frecuencias de especies no protegidas distribuidas en varias comunidades miméticas coexistentes.

La mariposa amazónica *Heliconius numata* puede presentar hasta cinco fenotipos

diferentes en un solo lugar, participando así en diferentes anillos miméticos simpáticos. En este trabajo probamos si este polimorfismo contraintuitivo podría estar asociado con la presencia de defensas débiles por parte de *H. numata*, siendo un mimético cuasibatesiano. En nuestro experimento, comparamos el consumo de cuerpos de mariposas y gusanos de harina por parte de aves silvestres (el carbonero común *Parus major*). Utilizamos especímenes de *H. numata* de diferentes morfos, así como uno de sus comímicos monomórficos, *Mechanitis polymnia*. También incluimos dos especies monomórficas asociadas a otros anillos miméticos que cohabitan con *H. numata*: *H. melpomene* y *H. erato*. Contrario a lo predicho, encontramos que las aves rechazaron la especie polimórfica tanto como a sus congéneres, todos protegidos por compuestos cianogénicos. Sin embargo, las aves consumieron en mayor cantidad a *M. polymnia*, la especie monomórfica cuyas defensas químicas están constituidas por alcaloides pirrolizidínicos. Nuestro estudio demuestra que el origen del polimorfismo en especies aposemáticas no está necesariamente asociado a una protección química débil y evidencia la importancia de estudiar la variación de las defensas entre comímicos.

Arias M, Mappes J, Théry M, Llaurens V. 2015. Inter-species variation in unpalatability does not explain polymorphism in a mimetic species. *Evolutionary Ecology*. DOI: 10.1007/s10682-015-9815-2



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

Juan David Carvajal-Castro & Fernando Vargas-Salinas
Universidad del Quindío

Uno de los principales intereses de la ecología de comunidades es conocer qué factores determinan la riqueza y composición de especies de un sitio particular. La codistribución de especies puede estar determinada por interacciones interespecíficas (i.e. competencia) o por factores ambientales (i.e. filtro de hábitat). Dado que la comunicación entre individuos afecta su éxito reproductivo, las características ambientales que dificultan dicha comunicación pueden determinar el uso del hábitat y que especies se distribuyen en el mismo sitio. El ruido abiótico en ríos y quebradas puede impedir la detección y decodificación de señales acústicas a través de enmascaramiento acústico. Sin embargo, actualmente existen pocos estudios, la mayoría en aves, evaluando la relación entre ecología sensorial y ecología de comunidades. En este estudio examinamos el rol del ruido abiótico en quebradas como una característica del hábitat que puede influir en la estructura fenotípica y filogenética de los ensamblajes de anuros neotropicales. Para esto, consideramos el tamaño corporal de machos, frecuencia de canto, sitio de canto (cerca o lejos de quebradas) y relaciones filogenéticas a escala regional y local de 110 y 38 especies, respectivamente.

Nuestros resultados sugieren que el tamaño corporal y la frecuencia de canto son características fenotípicas conservadas. Además, las especies que conforman los ensamblajes cercanos a quebradas exhiben

tanto agrupamiento fenotípico como filogenético, mientras que las especies que conforman ensamblajes alejados de quebradas exhiben sobredispersión fenotípica y filogenética. Esto sugiere un rol importante del ruido de quebradas como un filtro de hábitat que afecta la estructura de los ensamblajes de anuros cerca de quebradas en el neotrópico y a escala local. A diferencia de otras características ambientales que ejercen un efecto de filtro de hábitat sobre la flora y fauna (e.g. patrones de temperatura y pluviosidad y composición fisicoquímica de suelos), el ruido en quebradas ejerce un efecto similar en anuros a una escala espacial relativamente pequeña, pues la intensidad del ruido se atenúa a pocos metros. En este estudio usamos métodos de filogenética comparada para examinar las causas de la estructura fenotípica y filogenética de los ensamblajes de anuros, enlazando la ecología de comunidades y la biología evolutiva de la comunicación acústica para entender los procesos que median la codistribución de especies.

Carvajal-Castro JD & Vargas-Salinas F. 2016. Noise on streams, habitat filtering, and the phenotypic and phylogenetic structure of Neotropical anuran assemblages. *Evolutionary Ecology*. DOI: 10.1007/s10682-016-9817-8

Mantodea, 2015
Leticia, Amazonas
Juan Ignacio Muñoz Manco



Evolución del linaje de genes APETALA2 en las plantas con semilla

Cecilia Zumajo-Cardona & Natalia Pabón-Mora
Universidad de Antioquia

Las redes genéticas que controlan la transición a floración y la identidad de los órganos florales han sido identificadas en *Arabidopsis thaliana*, sin embargo, la expresión y función de estos factores de transcripción han sido menos estudiadas en especies no modelo. Nuestro trabajo se concentra en el gen APETALA2 (AP2), un factor de transcripción que controla la identidad de sépalos y pétalos y regula negativamente la maduración de frutos en *Arabidopsis*. A pesar de su importancia en el desarrollo de flores y frutos, la caracterización funcional de genes homólogos de AP2 es limitada por fuera de la familia Brassicaceae. Se sabe que el homólogo de AP2 en tomate controla la maduración del fruto, mientras que en maíz regula el crecimiento de las inflorescencias, sugiriendo que este linaje ha adquirido funciones únicas en diferentes taxa.

Nosotras evaluamos la evolución y los patrones de expresión de los genes AP2 en diferentes grupos para identificar (1) los eventos de duplicación que ocurrieron en este linaje de genes y (2) los posibles cambios funcionales asociados a estos eventos. Realizamos una búsqueda exhaustiva de genes homólogos de AP2 en los repositorios públicos de genomas y transcriptomas de plantas con semilla y detectamos tres grandes eventos de duplicación, uno exclusivo de monocotiledóneas, uno en eudicotiledóneas basales y uno en Brassicaceae, que produjeron el clado AP2 y su clado parálogo TARGET OF EAT3 (TOE 3). También detectamos cambios en los dominios funcionales que sugieren que las proteínas por fuera de Brassicaceae se parecen más a AP2 que a TOE3.

Estos genes tienen patrones de expresión principalmente restringidos a óvulos y hojas en gimnospermas. En angiospermas basales y

Asteridae, los homólogos de AP2 se expresan en hojas, carpelos y frutos. Por el contrario, los genes AP2 se expresan ampliamente en todos los órganos florales, hojas y frutos en Rosidae. Nuestros resultados sugieren que (1) la función en identidad de sépalos y pétalos no es conservada fuera de Rosidae, (2) la función en desarrollo de fruto es posiblemente conservada en angiospermas y (3) la función plesiomórfica de los genes AP2 podría incluir el crecimiento de hojas en plantas con semilla. Nuestros datos se suman a los numerosos ejemplos que evidencian la conservación funcional limitada de genes de desarrollo en especies no modelo.

Zumajo-Cardona C, Pabón-Mora N. 2016. Evolution of the *Apetala2* gene lineage in seed plants. *Molecular Biology and Evolution*. DOI: 10.1093/molbev/msw059



INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

¿Un ancestro común? Importancia dentro y fuera de la biología evolutiva

Martha L. Serrano

Université de Lausanne

El concepto de ancestros comunes es clave para la interpretación de resultados en múltiples disciplinas de la biología evolutiva. Este concepto es difícil de comprender dentro y fuera de la comunidad académica, pero tiene una gran relevancia y largo espectro de acción. El primer impacto fuera de la comunidad académica, y que probablemente todos los biólogos evolutivos hemos sido sujetos a este tipo de preguntas, es: ¿Por qué no todos los grandes monos evolucionaron en humanos? Gorilas y chimpancés, nuestros vecinos evolutivos más cercanos en la actualidad, no eran las mismas entidades evolutivas hace 14 millones de años. Todos estábamos representados por un grupo de organismos que no corresponde a los actuales gorilas, chimpancés ni humanos, un grupo que representa nuestro ancestro común. A partir de este linaje, diferentes poblaciones separaron sus historias evolutivas (proceso de especiación), cambiando en mayor o menor grado algunas características hasta dar origen a los humanos y nuestros vecinos evolutivos del presente. Aunque parece sencillo, esta idea implica que gorilas, chimpancés y humanos compartimos una gran proporción de nuestros rasgos, pero también hemos sido sujetos a fuerzas selectivas y procesos aleatorios diferentes, haciéndonos especies diferentes.

El segundo impacto de este concepto es parte primordial de nuestras líneas de investigación en biología. Biólogos evolutivos y ecológicos intentamos comprender la aparición de rasgos y su papel en la supervivencia y diversificación de linajes. Si usamos rasgos de nuestro grupo favorito de especies, el primer patrón que puede aparecer es la asociación entre rasgos por fisiología, genética o alometría, pero con poco significado evolutivo. Un segundo patrón es la asociación entre ciertos rasgos o entre

un rasgo y un contexto evolutivo o ecológico. Estos dos aspectos pueden reflejar el efecto de la selección natural y un significado evolutivo mayor. Sin embargo, retomando nuestro concepto clave inicial, parte de estas asociaciones pueden ser producto de la historia evolutiva compartida entre especies y debe ser incluida en la modelización o técnicas de correlación usadas. Conocida como señal filogenética, esta medida permite incorporar la cantidad de similitud heredada entre especies para obtener patrones de asociación más robustos. Para concluir con esta corta discusión sobre el concepto de un ancestro común, los invito a considerar los supuestos e implicaciones de este concepto en nuestras predicciones y en la independencia de nuestros datos para evaluar hipótesis macroevolutivas.



Pterophyta, 2015
Manizales, Caldas
Juan Ignacio Muñoz

BIODIVERSIDAD

Cuidado maternal en la rana de cristal *Ikakogi tayrona*

La rana de cristal *Ikakogi tayrona* es endémica de las tierras bajas de la Sierra Nevada de Santa Marta y es la única especie de la familia Centrolenidae conocida en esta región. Las hembras de esta familia ponen sus huevos en hojas sobre quebradas y son generalmente los machos quienes protegen la nidada. Recientemente, Laura Bravo de la Universidad de los Andes y Jesse Delia de Boston University aportaron las primeras evidencias de protección de las nidadas por parte de las hembras en esta especie y evaluaron los beneficios del cuidado maternal en situaciones de riesgo para las nidadas. Encontraron que la protección de los huevos reduce la deshidratación y depredación de los embriones y las hembras que cuidan su nidada presentan mayores tasas de supervivencia.



Foto: Laura Bravo

Bravo Valencia L, Delia J. 2015. Maternal care in a glassfrog: care function and commitment to offspring in *Ikakogi tayrona*. Behavioral Ecology and Sociobiology. DOI: 10.1007/s00265-015-2022-x

Pristimantis macrummendozai, una nueva especie de ranita de lluvia de páramo

Las ranas del género *Pristimantis*, conocidas como ranitas de lluvia, se encuentran distribuidas en la mayoría de ecosistemas terrestres neotropicales y comprenden un poco más de 200 especies, siendo uno de los grupos de anfibios que más se ha diversificado. En los páramos colombianos habitan cerca de 40 de estas especies y la lista tiende a aumentar en los próximos años debido al creciente interés en las exploraciones a estos ecosistemas. Recientemente, Andrés Acosta-Galvis, investigador del Instituto Humboldt, describió una nueva especie de rana durante un estudio sobre la composición de anfibios en el complejo de páramos Merchan-Iguaque en el departamento de Boyacá. Esta nueva especie de los páramos de la Cordillera Oriental fue nombrada *Pristimantis macrummendoza* y se

caracteriza por su coloración café con manchas crema en el dorso y una banda verdosa desde el rostro hasta la parte posterior del ojo.



Foto: Andrés Acosta

Acosta-Galvis AR. 2015. Una nueva especie del género *Pristimantis* (Anura: Craugastoridae) del complejo de páramos Merchan-Iguaque (Boyacá, Colombia). Biota Colombiana, 16 (2): 107-127.

Leyvachelys cipadi, el registro más antiguo de la familia Sandownidae

Las tortugas de la familia Sandownidae son un grupo extinto que habitó los mares durante el Cretácico Temprano hasta el Paleoceno y han sido descritas solamente a partir de elementos craneales y postcraneales muy fragmentados. Hace poco, Edwin Cadena, investigador del Centro de Investigaciones Paleontológicas de Villa de Leyva y Senckenberg Naturmuseum, describió a *Leyvachelys cipadi*, un nuevo género y especie de esta familia a partir del fósil más completo hasta el momento de esta familia y el primero de Suramérica. Este fósil

incluye el cráneo articulado, la mandíbula inferior y los elementos postcraneales y proviene del Cretácico Inferior (> 120 millones de años) de la Formación Paja de Villa de Leyva. La morfología de *L. cipadi* indica que esta familia no eran tortugas de mar abierto, sino que habitaban ambientes marinos costeros y aguas someras.

Cadena E. 2015. The first South American sandownid turtle from the Lower Cretaceous of Colombia. PeerJ. DOI: 10.7717/peerj.1431

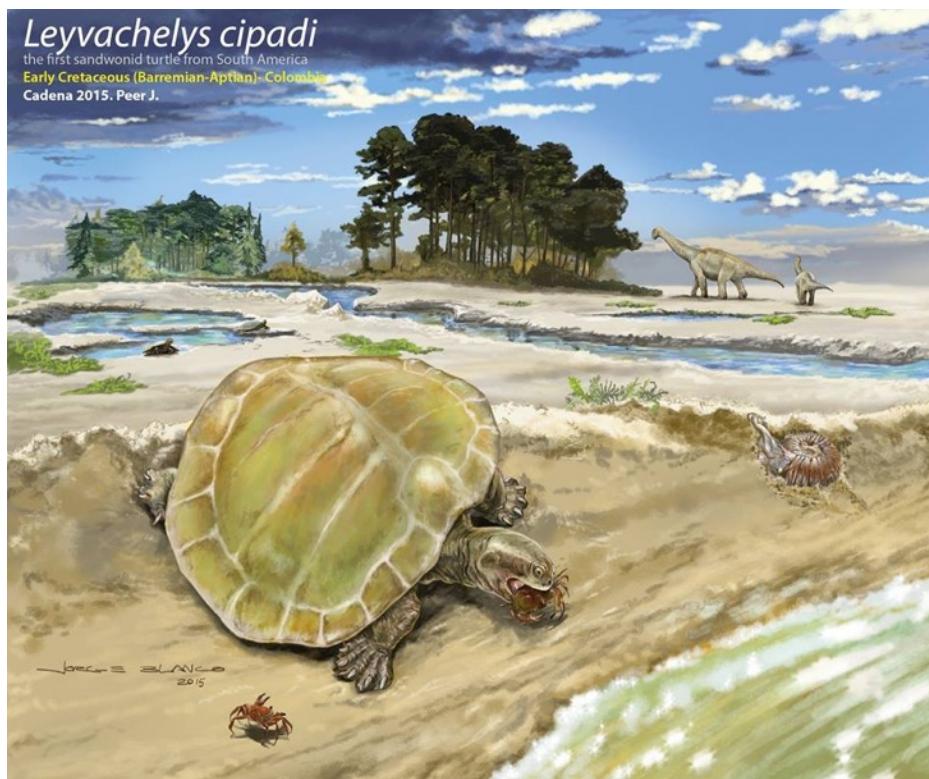


Foto: Jorge Blanco

Carlos Jiménez-Rivilla
Universidad de Antioquia

Alejandra Rodríguez-Abauza
Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia

EVENTOS ACADÉMICOS

Society for Molecular Biology and Evolution Conference 2016

Fecha: 3-7 de julio

Lugar: Gold Coast, Australia

Enlace: <http://smbe2016.org/>

The Allied Genetics Conference 2016

Fecha: 13-17 de julio

Lugar: Orlando, Estados Unidos

Enlace: <http://www.genetics2016.org/>

American Genetic Association Annual Symposium

Fecha: 20-22 de julio

Lugar: Ithaca, Estados Unidos

Enlace: <https://app.certain.com/profile/web/index.cfm?PKwebID=0x44728099a8&varPage=hotel>

XLIII Congreso de la Sociedad Colombiana de Entomología

Fecha: 27-29 de julio

Lugar: Manizales, Colombia

Enlace: <http://www.socolen.org.co/congreso/>

VIII World Congress of Herpetology

Fecha: 15-21 de agosto

Lugar: Hangzhou, China

Enlace: <http://www.worldcongressofherpetology.org/>

VI Reunión Binacional de Ecología

Fecha: 18-22 de septiembre

Lugar: Puerto Iguazú, Argentina

Enlace: <http://www.binacionalecologia2016.com/>

IX Congreso Latinoamericano de Paleontología

Fecha: 20-24 de septiembre

Lugar: Lima, Perú

Enlace: <http://ixcongresopaleo.com/inicio/>

V Congreso Colombiano de Ornitología

Fecha: 8-11 de noviembre

Lugar: Medellín, Colombia

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

LVIII Phylogenetic Symposium: evolution meets ecology

Fecha: 18-20 de noviembre

Lugar: Leipzig, Alemania

Enlace: <https://conference.uni-leipzig.de/phylosym2016/>

I Congreso Colombiano de Herpetología

Fecha: 20-24 de noviembre

Lugar: Medellín, Colombia

Enlace: <http://www.acherpetologia.org/1cch>

I Congreso Colombiano de Ecología

Fecha: 29 de noviembre-2 de diciembre

Lugar: Bogotá, Colombia

Enlace: <http://www.arasari-ci.com/#!congreso-ecologia/uffrk>

Leidy Viviana Romero

Universidad Industrial de Santander



Eudocima sp. 2014

PNN Tayrona,

Oriana Llanos

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Rishishwar L, Tellez Villa CE, Jordan IK. 2016. Transposable element polymorphisms recapitulate human evolution. Mobile DNA. DOI: 10.1186/s13100-015-0052-6

El genoma humano contiene varias familias activas de elementos transponibles, cuya transposición en la línea germinal puede producir polimorfismos. Rishishwar y colaboradores estudiaron la distribución de estos elementos móviles polimórficos a nivel genómico y encontraron que rescatan el patrón de evolución humana, siendo útiles en análisis de ancestría y mezcla genética.

Ansari-Pour N, Moñino Y, Duque C, Gallego N, Bedoya G, Thomas MG, Bradman N. 2016. Palenque de San Basilio in Colombia: genetic data support an oral history of a paternal ancestry in Congo. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb. 2015.2980.

Palenque de San Basilio fue fundada por esclavos africanos fugitivos de una localidad cerca a Cartagena en el siglo XVII. Los lingüistas han identificado cerca de 200 palabras que provienen de lenguas habladas principalmente en la región del Congo. Ansari-Pour y colaboradores analizaron si hay mayor similitud genética entre los miembros actuales del Palenque y Yombe, población del Congo, que entre el Palenque y otros 42 grupos africanos. La región no recombinante del cromosoma Y soporta un origen Yombe de sus fundadores, mientras que el ADN mitocondrial no. La estructuración genética de la población sugiere orígenes diferentes de dos villas que conforman el Palenque.

Adhikari K, Fontanil T, Cal S, Mendoza-Revilla J, Fuentes-Guajardo M, Chacón-Duque JC, et al. 2016. A genome-wide association scan in admixed Latin Americans identifies loci influencing facial and scalp hair features. Nature Communications. DOI: 10.1038/ncomms10815

Hay una gran diversidad en la apariencia y distribución del pelo en primates, habiéndose perdido en gran parte del cuerpo de los humanos. Adhikari y colegas escanearon el genoma de miles de latinoamericanos y asociaron 18 regiones a características del pelo. Algunas de ellas son novedosas y se relacionan con las canas y calvicie. Algunas variantes en estas regiones involucran cambios de aminoácidos en proteínas expresadas en los folículos. Estas regiones genómicas están además enriquecidas en señales de selección, favoreciendo algunas hipótesis adaptativas sobre la pérdida del cabello corporal en humanos.

Evolución del comportamiento

Okhovat M, Berrio A, Wallace G, Ophir AG, Phelps SM. 2015. Sexual fidelity trade-offs promote regulatory variation in the prairie vole brain. Science. DOI: 10.1126/science.aac5791

A pesar de reconocer la existencia de variación individual en el comportamiento social en múltiples grupos, aún es poco conocido su vínculo con la diversidad cerebral. Okhovat y colegas identificaron que la variación en la fidelidad en machos del roedor *Microtus ochrogaster* refleja diferencias en la expresión, regulación y estado epigenético del receptor de vasopresina que regula la memoria espacial. La disyuntiva que enfrentan los machos entre la fidelidad e infidelidad respecto a sus consecuencias en el comportamiento social puede promover variación heredable que genera diversidad neuronal y molecular.

Ecología evolutiva

Gómez C, Tenorio EA, Montoya P, Cadena CD. 2016. Niche tracking migrants and niche-switching residents: evolution of



climatic niches in New World warblers (Parulidae). Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2015.2458

La evolución del nicho climático de aves residentes y migratorias y su importancia en el origen de la migración ha sido poco explorada desde una perspectiva filogenética. Gómez y colaboradores evalúan el sobreposicionamiento de los nichos climáticos y la evolución del comportamiento migratorio de especies de reinitas de la familia Parulidae mediante técnicas de ordenamiento y filogenética comparada y encontraron que las aves migratorias persiguen sus condiciones climáticas más que las residentes. Las reinitas migratorias tienen nichos climáticos más amplios que las especies residentes, lo que soporta la hipótesis de un origen en el norte de la migración y la noción de que las especies tropicales tienen nichos más estrechos.

Medina I, Langmore NE. 2015. Coevolution is linked with phenotypic diversification but not speciation in avian brood parasites. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2015.2056.

El parasitismo de nidos es una interacción competitiva que debería promover el incremento de las tasas de especiación y evolución fenotípica de los participantes. Medina y Langmore probaron esta hipótesis en los tres grupos más diversos de aves parásitas y encontraron que la tasa de especiación no difiere de la de aquellas especies no parásitas. Sin embargo, hallaron que la evolución del comportamiento parásito afecta las tasas de evolución de rasgos asociados al parasitismo, como el tamaño de los huevos y el patrón de coloración del plumaje, los cuales han evolucionado hasta nueve veces más rápido que en aves no-parásitas.

EvoDevo

Pabón-Mora N, Suárez-Baron H, Ambrose BA, González F. 2015. Flower development and perianth identity candidate genes in the basal angiosperm *Aristolochia fimbriata* (Piperales: Aristolochiaceae). Frontiers in Plant Science. DOI: 10.3389/fpls.2015.01095

Las flores de la familia Aristolochiaceae tienen varias partes del perianto fusionadas en diferentes grados y formas. Pabón-Mora y colaboradores estudiaron la morfología y el desarrollo floral de la especie *Aristolochia fimbriata* evaluando si la expresión de los genes reguladores MADs-box del modelo ABCE de desarrollo floral, implicados en la determinación de la identidad de los órganos florales, y encontraron que no se expresan solamente en estructuras florales, sino también en estructuras vegetativas, sugiriendo un rol pleiotrópico para algunos de estos genes. Estos resultados ayudan a comprender mejor la evolución de los genes de identidad y morfología floral desde antes de la duplicación génica que ha sido reportada en estos genes tanto para monocotiledóneas como eudicotiledóneas.

Ramírez-Chaves HE, Wroe S, Selwood L, Hinds L, Leigh C, Koyabu D, Kardjilov N, Weisbecker V. 2016. Mammalian development does not recapitulate suspected key transformations in the evolution of the mammalian middle ear. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2015.2606

La migración de los huesos del oído medio de mamíferos, que ancestralmente estaban conectados a la mandíbula, ha sido asociada a la expansión del cerebro, la cual impactaría las trayectorias de crecimiento y desplazamiento de los huesos del oído medio con respecto al dentario. Ramírez-Chaves y colaboradores evaluaron la supuesta recapitulación de estos eventos evolutivos en el desarrollo de mamíferos (marsupiales y monotremas) y concluyeron que varias de aquellas transformaciones no son observadas en la ontogenia. Esto permite descartar el papel único de la expansión del cerebro en el desprendimiento de los huesos del oído medio, provee soporte a hipótesis alternativas asociadas a factores biomecánicos y limita la correlación entre filogenia y ontogenia para dichos eventos.

Evolución molecular

Mosquera-Rendón J, Rada-Bravo AM, Cárdenas-Brito S, Corredor M, Restrepo-Pineda E, Benítez-Páez A. 2016.



Pangenome-wide and molecular evolution analyses of the *Pseudomonas aeruginosa* species. BMC genomics. DOI: 10.1186/s12864-016-2364-4

Pseudomonas aeruginosa es un patógeno oportunista de importancia médica contra el que las vacunas y tratamientos no han sido muy efectivos, quizás por su variabilidad genética entre cepas. Mosquera-Rendón y colaboradores ensamblaron el pangenoma de esta especie a partir del genoma de 181 cepas y encontraron que el 60% del genoma es variable entre cepas. Al calcular las tasas de mutación, encontraron señales de selección positiva en genes involucrados en sistemas de secreción, virulencia, patogenicidad y transportadores y receptores de membranas. Conociendo estos mecanismos de evasión del sistema inmune es posible el desarrollo de nuevos tratamientos más efectivos contra *P. aeruginosa*.

Wallbank RWR, Baxter SW, Pardo-Díaz C, Hanly JJ, Martin SH, Mallet J, Dasmahapatra KK, Salazar C, Joron M, Nadeau N, McMillan WO, Jiggins CD. 2016. Evolutionary novelty in a butterfly wing pattern through enhancer shuffling. PLoS Biology. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002353

La variedad de patrones de coloración de las alas de mariposas es distintiva en la mayoría de especies. Dentro del género *Heliconius*, el gen *optix* está asociado con regiones rojas en las alas en todas las especies y su secuencia no varía entre ellas. Wallbank y colaboradores encontraron dos asociaciones genotipo-fenotipo claras dentro de una región no codificante adyacente al gen *optix*, las cuales posiblemente regulan la expresión de este gen. Algunos análisis filogenéticos revelaron que la evolución del patrón de coloración de las alas asociado a este gen es altamente compleja, involucrando diversos eventos de introgresión.

Genética evolutiva

Winger BM, Hosner PA, Bravo GA, Cuervo AM, Aristizábal N, Cueto LE, Bates JM. 2015. Inferring speciation history in the Andes with reduced-representation sequence data: an example in the bay-

backed antpittas (Aves; Grallariidae; *Grallaria hypoleuca* s.l.). Molecular Ecology. DOI: 10.1111/mec.13477

En los Andes, los organismos de bosques húmedos normalmente exhiben una pronunciada estructura genética y variación geográfica en el fenotipo que suele coincidir con barreras físicas para la dispersión. Sin embargo, estudiar sus causas evolutivas ha sido difícil porque muchas relaciones filogenéticas no están resueltas debido a internodos cortos. Winger y colaboradores estudiaron la historia geográfica de especiación del complejo de tororoí *Grallaria hypoleuca* usando técnicas de genotipificación por secuenciación. Sus resultados favorecen un escenario de especiación vicariante donde el ámbito de distribución amplio de un ancestro fue fragmentado como resultado de un cambio geológico o climático, en vez de una serie de eventos de dispersión a través de barreras preexistentes.

Dueñas LF, Tracey DM, Crawford AJ, Wilke T, Alderslade P, Sánchez JA. 2016. The Antarctic Circumpolar Current as a diversification trigger for deep-sea octocorals. BMC Evolutionary Biology. DOI: 10.1186/s12862-015-0574-z

La Corriente Circumpolar Antártica (CCA) es la más grande y fuerte de todo el mundo. A pesar de su potencial para moldear la distribución y conectividad de las poblaciones del fondo marino, sus efectos biogeográficos permanecen pobemente comprendidos. Dueñas y colaboradores estudiaron los patrones filogeográficos de octocorales del fondo marino del sur del Océano Pacífico y el Océano Antártico hallando que la CCA constituye una barrera semipermeable para los octocorales del fondo marino capaz de separar y estructurar poblaciones, mientras permite períodos cortos de flujo genético.

Ortiz-Barrientos D, Engelstädter J, Rieseberg LH. 2016. Recombination rate evolution and the origin of species. Trends in Ecology & Evolution. DOI: 10.1016/j.tree.2015.12.016

La recombinación puede disolver las especies incipientes en un continuo de fenotipos. Por eso hay un gran interés en comprender los mecanismos que reducen la recombinación

entre linajes recién separados y adaptados localmente entre quienes pretenden comprender el proceso de especiación. Ortiz-Barrientos y colaboradores revisan los mecanismos moleculares que pueden reducir las tasas de recombinación para facilitar la divergencia bajo escenarios de flujo genético.

Morfología y fisiología evolutiva

Moreno-Arias RA, Calderón-Espinosa ML. 2016. Patterns of morphological diversification of mainland *Anolis* lizards from northwestern South America. Zoological Journal of the Linnean Society. DOI: 10.1111/zoj.12325

Anolis es uno de los géneros más diversos de vertebrados y se distribuye desde México hasta Suramérica, incluyendo las islas del Caribe. Algunas especies de *Anolis* del Caribe que viven en un mismo micro hábitat han convergido morfológicamente, sin embargo, se sospecha que este mismo fenómeno pudo haber ocurrido en las especies continentales donde hay mayor diversidad de ecomorfotipos. Moreno-Arias & Calderón-Espinosa estudiaron el 30% de las especies de *Anolis* de Colombia e identificaron diez ecomorfotipos, al menos dos de ellos diferentes a los insulares. Los ecomorfotipos continentales están definidos principalmente por el tamaño y la forma de cuerpo y su distribución: alta montaña y tierras bajas. Al comparar los ecomorfotipos continentales con los insulares, encontraron convergencias evolutivas que parecen corresponder a picos en un paisaje adaptativo.

Davis AM, Unmack PJ, Vari RP, Betancur-R R. 2016. Herbivory promotes dental disparification and macroevolutionary dynamics in gruners (Teleostei: Terapontidae), a freshwater adaptive radiation. The American Naturalist. DOI: 10.1086/684747

En mamíferos y algunos peces se han documentado diferencias fenotípicas promovidas por cambios de nicho trófico, de carnívoros a herbívoros, sin embargo, en peces no se ha estudiado el patrón macroevolutivo de este cambio de dieta. Davis

y colaboradores evaluaron si el cambio de dieta está asociado con la diversificación de la familia de peces Terapontidae, la cual presenta gran variedad de nichos tróficos. Demostraron que el cambio a una dieta herbívora se correlaciona con un aumento en la tasa de diversificación, como ha sucedido en otras radiaciones adaptativas. No obstante, este aumento en la tasa no se relaciona con las diferencias entre la mandíbula y dientes de los diferentes tipos de dieta.

Paleontología evolutiva

Suarez C, Forasiepi AM, Goin FJ, Jaramillo C. 2015. Insights into the Neotropics prior to Great American Biotic Interchange: new evidence of mammalian predators from the Miocene of Northern Colombia. Journal of Vertebrate Paleontology. DOI: 10.1080/02724634.2015.1029581

Las investigaciones paleontológicas recientes en la península de la Guajira ofrecen una oportunidad única para incrementar nuestro conocimiento de la fauna neotropical del Neógeno, reconocer aspectos evolutivos de la biota nativa y la dinámica del Gran Intercambio de Biota Americano. Gracias al descubrimiento de un fragmento de mandíbula, Suarez y colaboradores describieron a *Lycopsis padillai*, una nueva especie de mamífero Sparassodonta, siendo el registro fósil más al norte de un metaterio sudamericano. El fósil data del Mioceno temprano al Mioceno medio y proviene de la Formación Castillejos. Este registro extiende la distribución geográfica de este género a toda Sudamérica y lo convierte en el esparasodonte con la distribución latitudinal más amplia.

Luque J, Hourdez S, Vinn O. 2015. A new fossil bristle worm (Annelida: Polychaeta: Aphroditiformia) from the late Cretaceous of tropical America. Journal of Paleontology. DOI: 10.1017/jpa.2014.22

Los poliquetos son uno de los grupos marinos más abundantes y han jugado un papel importante en los ecosistemas marinos desde el Fanerozoico hasta la actualidad. No obstante, los poliquetos de cuerpo blando se preservan raramente como fósiles, por lo que

sólo es posible examinar sus estructuras bajo condiciones de preservación excepcional en el registro fósil. Luque y colaboradores describieron *Protopholoe colombiana*, una nueva especie de poliqueto fósil de mediados del Cretácico superior de Boyacá. Este fósil constituye el primer registro de un poliqueto de cuerpo blando del neotrópico y extiende el ámbito geográfico y geológico de gusanos aphroditiformes hasta el Cretácico superior.

Sistemática

Uribe-Convers S, Settles ML, Tank DC. 2016. A phylogenomic approach based on PCR target enrichment and high throughput sequencing: resolving the diversity within the South American species of *Bartsia* L. (Orobanchaceae). PLoS ONE. DOI: 10.1371/journal.pone.0148203

Las tecnologías de secuenciación de alto rendimiento permiten obtener rápida y económicamente grandes cantidades de información genética. Uribe-Convers y colaboradores desarrollaron un método que acopla la PCR de microfluidos a la secuenciación de alto rendimiento para generar datos adecuados para análisis filogenéticos. También desarrollaron una línea de trabajo bioinformático para procesar las lecturas de secuenciación con el fin de generar secuencias consenso de cada locus y recuperar alelos por separado a partir de regiones heterocigotas, así permite recuperar información alélica apropiada para los análisis filogenéticos basados en coalescencia. Este método fue puesto a prueba mediante la secuenciación de muestras del género *Bartsia* L. (Orobanchaceae), obteniendo múltiples loci apropiados para los métodos de inferencia filogenética. Este método también ofrece una oportunidad para estimar niveles de ploidía a niveles taxonómicos inferiores.

Guang A, Zapata F, Howison M, Lawrence CE, Dunn CW. 2016. An integrated perspective on phylogenetic workflows. Trends in Ecology and Evolution. DOI: 10.1016/j.tree.2015.12.007

Los estudios de filogenética molecular requieren el alineamiento e identificación de

secuencias homólogas y la inferencia de árboles de genes y el árbol de especies. Actualmente, cada componente constituye pasos independientes. Esta estrategia lineal y de mínima comunicación entre los pasos supone que el orden de los pasos está biológicamente justificado, que existe una estructura de dependencia Markoviana y que los resultados exhiben una entropía relativa baja en cada paso. Existe evidencia de que estos supuestos, y en particular la entropía relativa baja, son violados frecuentemente con efectos perjudiciales para los análisis filogenéticos. Guang y colaboradores delinearon un modelo generativo y un marco estadístico que provee una perspectiva unificada para evaluar los costos y los beneficios de relajar estos supuestos.

Teoría evolutiva

Marín C. 2016. Selección multinivel: historia, modelos, debates, y principalmente, evidencias empíricas. eVOLUCIÓN, 10(2): 51-70.

Marín muestra una visión general sobre la historia y modelos de selección multinivel, expone algunos puntos de encuentro y desencuentro que explican el comportamiento social y la cooperación, muestra herramientas para detectar la selección multinivel en la naturaleza y enfatiza en las evidencias empíricas producto del uso de éstas herramientas. La evidencia empírica de la acción simultánea de la selección en al menos dos niveles de la jerarquía biológica proviene principalmente de la genética cuantitativa, y por ende, tiene un enfoque genético del cambio evolutivo. Esta evidencia empírica ha sido ignorada en el debate sobre niveles de selección en biología, pero al incorporarse clarifica la discusión: la selección natural sucede en la naturaleza en múltiples niveles de la jerarquía biológica.

Andrade E. 2015. Contexto, estado actual y replanteo del debate internalismo vs. externalismo en las teorías de la evolución biológica. Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia, 15 (30): 39-79.

Andrade muestra el resurgir del internalismo en el siglo XX con la termodinámica de



sistemas lejos del equilibrio y la formulación de teorías epigenéticas compatibles con la idea de autoorganización, dentro del cual la selección orgánica de Baldwin y la selección interna de Whyte explican la reconfiguración de relaciones internas y externas. La selección natural queda enmarcada dentro de un proceso más general de autoorganización donde convergen las explicaciones genéticas y de construcción de nicho. La autoorganización estimula la emergencia de novedades que son sometidas al escrutinio de la selección natural y esta potencia la evolución favoreciendo las formas suficientemente plásticas como para explorar nuevas configuraciones por autoorganización. Concebir los organismos como sistemas organizados a múltiples niveles en el que cada uno está permanentemente ajustándose supera la dicotomía entre internalismo/externalismo.

Metallura tyrianthina, 2016

SFF Iguaque, Boyacá

Wilmer Gutiérrez

Javier Sierra, Alejandra Rodríguez-Abauza,

José Luis Cómbita-Ch

Universidad Pedagógica y Tecnológica de
Colombia

Fabián Salgado-Roa, Mariana Cortés

Universidad del Tolima

Wendy A. Valencia-Montoya

Universidad CES

Melissa Uribe-Acosta

Universidad de Antioquia

Valeria Ramírez

Universidad de los Andes

Héctor E. Ramírez-Chaves

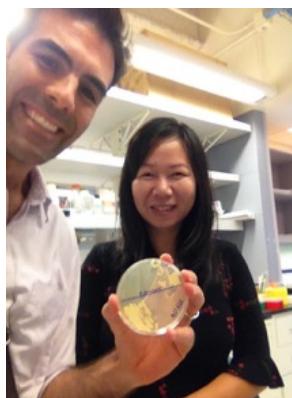
University of Queensland



NODOS

Carlos A. Botero

Washington University in Saint Louis



¡Saludos a todos los biólogos evolutivos colombianos desde Washington University in Saint Louis! Una gran variedad de estudios de campo a largo plazo en diferentes organismos y poblaciones naturales indican que la intensidad y dirección de la selección natural pueden variar a través del tiempo. Aun así, muchos de nuestros modelos y teorías biológicas tienden a ignorar dichas fluctuaciones, y al hacerlo nos ofrecen una comprensión incompleta y potencialmente equivoca de los procesos ecológicos y evolutivos que nos rodean.

Mi grupo de investigación utiliza modelos teóricos, evolución experimental en el laboratorio y análisis filogenéticos comparativos para estudiar cómo los organismos se adaptan (evolución) y enfrentan (ecología) a diferentes tipos de variación ambiental que resultan en selección natural fluctuante. A través de estos proyectos hemos demostrado que a pesar de que el proceso de adaptación a la selección fluctuante es altamente estocástico, su resultado es sumamente predecible. Igualmente, hemos demostrado que la capacidad de adaptación a alteraciones en la tasa de cambio y previsibilidad de los ciclos ambientales está sujeta a puntos de inflexión (*tipping points*), donde una resistencia inicial a grandes cambios ambientales es sustituida súbitamente por el colapso poblacional y la extinción tan pronto las poblaciones cruzan umbrales ambientales que antes hubieran parecido inconsecuentes. A través de análisis comparativos en aves y mamíferos mi grupo ha explorado los vínculos entre procesos macroevolutivos, la evolución de estrategias comportamentales como la nidación cooperativa, la flexibilidad en apareo (i.e.

divorcio e infidelidad) y la explotación de hábitats más difíciles e impredecibles.

Nuestros proyectos actuales investigan los efectos de la complejidad genética en el proceso de adaptación a la selección fluctuante (evolución experimental en levaduras), la relación entre la variación ambiental y la evolución de la capacidad cognitiva en aves, los efectos de las oscilaciones climáticas en las tasas de diversificación de mamíferos y aves y la ecología evolutiva del lenguaje humano. Invito cordialmente a todos los interesados a que visiten nuestra página web (<https://pages.wustl.edu/botero>) y me escriban para explorar la posibilidad de trabajar juntos o realizar sus estudios de doctorado en mi laboratorio en Washington University in Saint Louis.

Algunos de nuestros artículos recientes:

Sheehan MJ, CA Botero, TA Hendry, BE Sedio, JM Jandt, S Weiner, Toth AL, Tibbetts EA. 2015. Different axes of environmental variation explain the presence vs. extent of cooperative nest founding associations in *Polistes* paper wasps.

Ecology Letters. DOI: 10.1111/ele.12488

Botero CA, Weissing FJ, Wright J, Rubenstein DR. 2015. Evolutionary tipping points in the capacity to adapt to environmental change. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.1408589111

Botero CA, Gardner B, Kirby KR, Bulbulia J, Gavin MC, R Gray. 2014. The ecology of religious beliefs. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.1408701111

Botero CA, Dor R, McCain C, Safran RJ. 2014. Environmental harshness is positively correlated with intraspecific divergence in mammals and birds. Molecular Ecology. DOI: 10.1111/mec.12572

Seddon N, Botero CA, Tobias JA, Dunn PO, Macgregor HE, Rubenstein DR, Uy JA, Weir JT, Whittingham LA, Safran RJ. 2013. Sexual selection accelerates signal evolution during speciation in birds. Proceedings of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2013.1065

MESAS DE TRABAJO REGIONAL

Antioquia

En febrero celebramos el Día de Darwin en Medellín con miembros del comité científico de este boletín como invitados. Natalia Pabón-Mora compartió con los asistentes una charla sobre biología del desarrollo en plantas y Mauricio Rivera sobre la evolución de la taxonomía. Posteriormente, los ponentes, acompañados de Iván Darío Soto-Calderón y Cristina López-Gallego, discutieron con los asistentes las aplicaciones de la biología evolutiva en la industria, agricultura, conservación, medicina y ciencias sociales. Actualmente estamos trabajando en la producción de un conjunto de juegos para la enseñanza de la biología evolutiva gracias al apoyo de la European Society of Evolutionary Biology, Society for the Study of Evolution e Instituto Humboldt. En los próximos meses compartiremos nuestros resultados con las demás mesas de trabajo regional y distribuiremos los juegos gratuitamente en bibliotecas e instituciones educativas de Colombia. Próximamente reiniciaremos las reuniones del Grupo de Estudios en Biología Evolutiva y el Coloquio de Evolución con apoyo del Parque Explora en el Planetario de Medellín. Algunos de los temas que discutiremos son la evolución de los sistemas nervioso e inmunológico, la comunicación animal, el origen y beneficios de la reproducción sexual y ofreceremos talleres sobre el uso de herramientas bioinformáticas.



Contacto: colevol.antioquia@gmail.com –
Wendy A. Valencia-Montoya

Bogotá

La MTR Bogotá reinició sus actividades con la celebración del Día de Darwin en el Planetario de Bogotá. Las investigadoras Camila Gómez y Mailyn A. Gonzalez acercaron a los asistentes a la biología evolutiva a través de sus experiencias de investigación de la evolución de nicho climático de aves migratorias y el uso de herramientas genéticas para aplicar la biología evolutiva a la conservación de la biodiversidad, respectivamente. En conjunto con los asistentes, definimos las actividades que realizará el grupo durante los próximos meses, integrando eventos de divulgación con encuentros de capacitación científica en diferentes herramientas de biología evolutiva. ¡Invitamos a la diversa comunidad de interesados en biología evolutiva en Bogotá a contactarnos y unirse a nuestras actividades!



Fotos: Felipe Villegas

Contacto: colevol.bta@gmail.com –
Henry Arenas-Castro

Boyacá

Somos un grupo interdisciplinario que realiza reuniones semanales en donde se socializan y discuten conceptos, investigaciones y aplicaciones de la teoría evolutiva. En octubre realizamos el I Simposio Nacional de Evolución, Ecología y Medio Ambiente en el marco de la IX Jornada de la Investigación de la UPTC. En este espacio intercambiamos

ideas alrededor de la idea de autoorganización en Lamarck con Eugenio Andrade, estudios evolutivos y biogeográficos de mamíferos con Eliercer Gutierrez, orquídeas y sus polinizadores con Rodrigo Singer, evolución de bosques tropicales con Carlos Jaramillo, evolución del aparato mandibular de las avispas sociales con Carlos Sarmiento, apropiación del conocimiento sobre biodiversidad a través del juego con Catalina Palacios, orquídeas neotropicales en un contexto filogenético con Rafael Arévalo, registros de deposición eólica y fluvial y sus implicaciones paleoambientales con Javier Briceño, suelos y paleosuelos en la Cordillera Central de Colombia con William Posada y epistemología y evolución de la educación ambiental con Néstor Pachón. Cordialmente invitamos a toda la comunidad para que asistan a nuestras discusiones, talleres, cursos y eventos que realizamos, especialmente a estudiantes e investigadores para que comparten sus ideas, preguntas y propuestas.



Contacto: colevol.boyaca@gmail.com –
Viviana Delgado

Caldas

Con una asistencia sin precedentes, celebramos el Día de Darwin en la Universidad de Caldas. Los biólogos David Ocampo y Wendy Valencia mostraron, a través de sus investigaciones, cómo la biología evolutiva se integra con los procesos ecológicos y las relaciones simbióticas de diversas especies. La MTR Caldas se encuentra, luego de un largo receso, en proceso de reorganización, convocando nuevos miembros y construyendo un plan de trabajo para este año. En los próximos meses desarrollaremos un proyecto para evaluar el estado de la enseñanza de la biología evolutiva en las instituciones de educación media en Manizales, para luego extenderlo al

resto del país. Invitamos a toda la comunidad de Caldas para conformar un colectivo multidisciplinario y dinámico que propicie el pensamiento crítico desde múltiples enfoques, promoviendo la biología evolutiva como eje central de las ciencias de la vida.

Contacto: colevol.caldas@gmail.com –
Camila Jaramillo

Caribe

Invitamos a todos los apasionados por la biología evolutiva en la región Caribe a conformar la mesa de trabajo regional Caribe. Deseamos extender las actividades que antes desarrollaba la MTR Córdoba a todo el Caribe. Si estás interesado en compartir con una comunidad diversa y colaborativa de aficionados, estudiantes e investigadores sobre biología evolutiva, ¡contáctanos!

Contacto: redcolevol@gmail.com

Cauca

La recién creada MTR Cauca pretende ser un grupo multidisciplinario alrededor de la biología evolutiva. Entre nuestras actividades para los próximos meses se encuentran foros de discusión de literatura científica, charlas y espacios de colaboración para el desarrollo de investigaciones. Actualmente contamos con 22 miembros que son estudiantes y egresados de diferentes instituciones académicas. Nuestro primer encuentro lo realizamos en las instalaciones de la Institución Universitaria Colegio Mayor del Cauca, donde ofrecemos una charla sobre modelos de distribución de murciélagos insectívoros. A partir de esa reunión se propuso el desarrollo de dos tipos de encuentros: reuniones para discutir artículos y propuestas de investigación y divulgación y reuniones donde se ofrezcan charlas por parte de los integrantes o investigadores invitados. Cada reunión se realizará de forma intercalada cada 15 días. Invitamos a todos los interesados en ser parte de la MTR Cauca y apoyar nuestras actividades.



Contacto: colevol.cauca@gmail.com –
Héctor E. Ramírez-Chaves

Quindío

Actualmente estamos desarrollando un proyecto de investigación para evaluar el grado de conocimiento y aceptación de la teoría evolutiva entre estudiantes de colegios públicos y privados de corte religioso y laíco, al igual que entre estudiantes universitarios que no toman cursos de evolución. Cuando contemos con este diagnóstico, pretendemos diseñar y realizar actividades de enseñanza de la biología evolutiva que aclaren los malentendidos y fortalezcan la base pedagógica de las instituciones educativas que lo requieran. Invitamos a toda la comunidad interesada en biología evolutiva en Armenia y alrededores a que nos contacten y participen en nuestras actividades.



Contacto: colevol.quindio@gmail.com –
Víctor Hugo García-Merchán

Santander

Llevamos un par de meses compartiendo y seleccionando propuestas de actividades de divulgación científica y capacitación en

diversos temas de biología evolutiva para realizar en Santander. Invitamos a toda la comunidad regional a que nos contacten para que conjuntamente desarrollemos estas ideas.

Contacto: colevol.santander@gmail.com –
Leidy Viviana Romero

Tolima

En marzo realizamos el III Ciclo de Conferencias en Biología Evolutiva con el apoyo de la Universidad del Tolima y Universidad Cooperativa de Colombia. Los investigadores Carlos Guarnizo, Andrés Cuervo, Alejandro Rico, Carlos Prada y Ana María González compartieron con los asistentes sus experiencias de investigación en biología evolutiva. A pesar del paro de estudiantes en la Universidad del Tolima, continuaremos con nuestras actividades, ampliando la convocatoria a todos los interesados en biología evolutiva en Ibagué y alrededores. Si estás interesado, no dudes en contactarnos, siempre tenemos nuestras puertas abiertas, ¡te esperamos!



Contacto: colevoltolima@gmail.com –
Fabián Salgado-Roa

Valle del Cauca

Somos un grupo nutrido por estudiantes de pregrado y posgrado orientado a la discusión de múltiples temas de biología evolutiva. En febrero celebramos el Día de Darwin en compañía de investigadores de la Universidad

del Quindío, Universidad del Pacífico y Universidad del Valle que compartieron con más de 500 asistentes teorías y resultados de sus investigaciones en biología evolutiva. Durante esta jornada ofrecimos a la sociedad vallecaucana una exposición didáctica sobre la vida y obra de Charles Darwin. Durante los próximos meses adelantaremos la organización del VI Simposio Colombiano de Biología Evolutiva y la I Escuela Colombiana de Biología Evolutiva en Cali a mediados 2017. También pretendemos integrar a una comunidad más diversa a nuestras actividades y acercarnos a estudiantes de todas las universidades de la región interesados en la biología evolutiva. Cada 15 días nos reunimos para discutir artículos científicos o interactuar con investigadores invitados. Si te gusta la biología evolutiva, te invitamos a participar en nuestras actividades, ¡contáctanos!

Contacto: mtr.colevol.valle@gmail.com –
Diego A. Hernández-Contreras



Oxybelis brevirostris, 2011
Buenaventura, Valle del Cauca
Fernando Vargas-Salinas

AVISOS Y AGRADECIMIENTOS

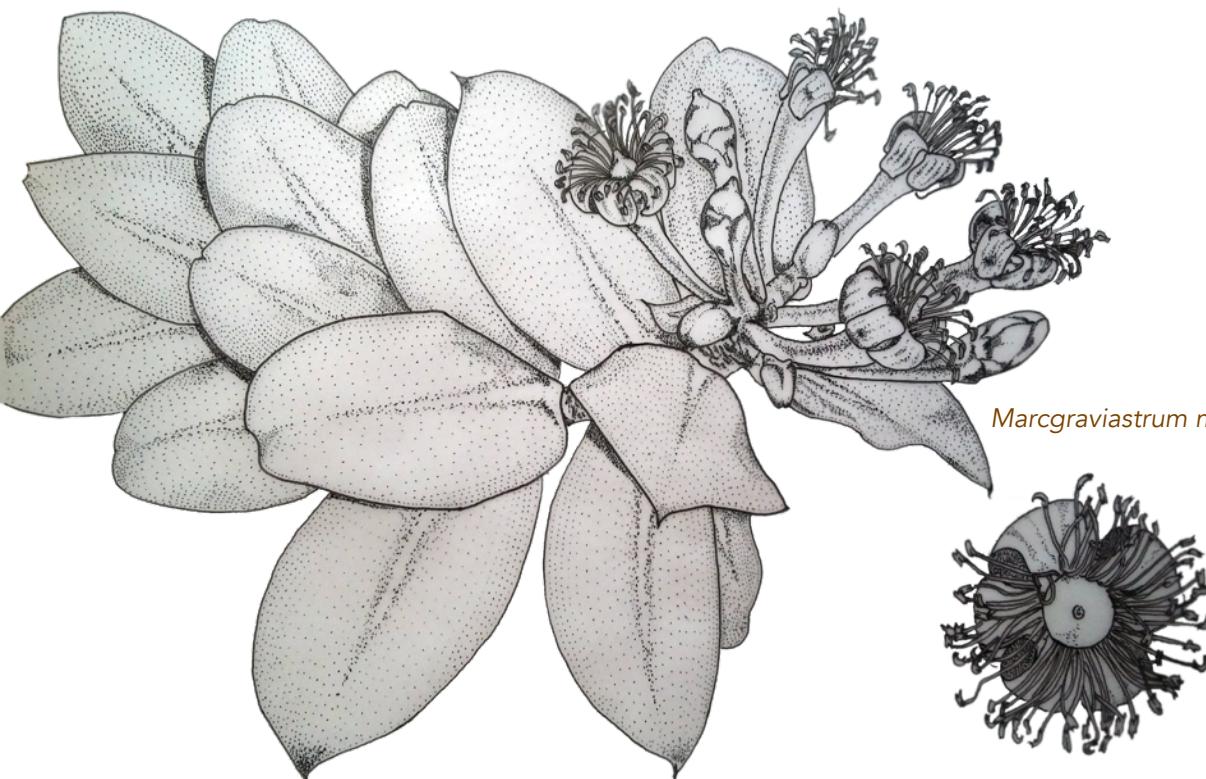
Agradecemos a todas las personas e instituciones que constantemente apoyan las actividades de la Red Colombiana de Biología Evolutiva y sus mesas de trabajo regional, a Julián Ríos-Soto, Oriana Llanos, Jeisson Castro Salamanca, Fernando Vargas-Salinas, la Oficina de Comunicaciones de la Universidad de los Andes, Cristian González Acosta, Juan Ignacio Muñoz Manco, Laura Bravo, Andrés Acosta, Jorge Blanco, Wilmer Gutierrez, Felipe Villegas y Hugo A. Cusba por ofrecernos sus fotografías e ilustraciones y a Jessica Arenas Castro por editarlas.

Próximamente lanzaremos el premio Francisco José de Caldas para homenajear la mejor tesis de pregrado de estudiantes de universidades colombianas en cualquiera de las disciplinas de la biología evolutiva.

La MTR Antioquia celebrará en Medellín un encuentro para compartir y discutir iniciativas de divulgación de la biología evolutiva en Colombia con el apoyo de la Society for the Study of Evolution.

Los invitamos a seguirnos en **Facebook** y **Twitter** para recibir información oportuna de nuestros eventos.

Si deseas contribuir al boletín con notas, fotografías o ilustraciones o iniciativas para las mesas de trabajo regional, puedes contactarnos en **redcolevol@gmail.com**.



Marcgraviastrum macrocarpum, 2016
Puntillismo
Hugo A. Cusba

