

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

Volumen: 5 Número: 1 Año: 2017



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

Instituto Humboldt
Universidade de São Paulo
Universidad Nacional de La Plata

COMITÉ CIENTÍFICO

Alejandra Vasco
Alejandro Berrío
Alejandro Rico-Guevara
Ana Caicedo
Andrés Cárdenas-Rozo
Andrés J. Cortés
Andrés Cuervo
Andrew J. Crawford
Bibiana Rojas
Camilo Salazar Clavijo
Carlos F. Arias
Carlos A. Botero
Carlos E. Guarnizo
Carlos Jaramillo
Carlos Machado
Carlos A. Navas
Carolina Pardo-Díaz
Catalina Pimiento
Cristina López-Gallego
Daniel Cadena
Daniel R. Matute
Daniel Rafael Miranda-Esquível
Daniel Ortiz-Barrientos
Eugenio Andrade
Federico Brown
Felipe Zapata
Fernando Díaz
Fernando Vargas-Salinas
Gabriel Bedoya
Gustavo A. Bravo
Héctor E. Ramírez-Chaves
Hernán Burbano
Hugo Mantilla-Meluk
Iván Darío Soto-Calderón

Botanical Research Institute of Texas
Duke University
University of Connecticut
University of Massachusetts Amherst
Universidad EAFIT
Uppsala Universitet
Instituto Humboldt
Universidad de los Andes
University of Jyväskylä
Universidad del Rosario
Smithsonian Tropical Research Institute
Washington University in Saint Louis
Universidad de los Andes
Smithsonian Tropical Research Institute
University of Maryland
Universidade de São Paulo
Universidad del Rosario
Universität Zürich
Universidad de Antioquia
Universidad de los Andes
University of North Carolina at Chapel Hill
Universidad Industrial de Santander
University of Queensland
Universidad Nacional de Colombia
Universidade de São Paulo
San Francisco State University
University of Arizona
Universidad del Quindío
Universidad de Antioquia
Universidade de São Paulo
Universidad de Caldas
Max Planck Institute for Developmental Biology
Universidad del Quindío
Universidad de Antioquia



Ivania Cerón-Souza	CORPOICA
Javier A. Maldonado-Ocampo	Pontificia Universidad Javeriana
Jeffrey A. Wilson	University of Michigan
José Julián Tavera	Universidad del Valle
Juan Camilo Chacón-Duque	University College London
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
Julián Aguirre-Santoro	Instituto Humboldt
Mailyn A. Gonzalez	Instituto Humboldt
Margarita Womack	Princeton University
Margarita M. López-Uribe	Pennsylvania State University
María Ángela Echeverry-Galvis	Pontificia Universidad Javeriana
María del Rosario Castañeda	Universidad del Valle
María José Sanín	Universidad CES
Mario Vargas-Ramírez	Universidad Nacional de Colombia
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 Norden	Instituto Humboldt
Natalia Pabón Mora	Universidad de Antioquia
Natasha I. Bloch	University College London
Rafael F. Guerrero	Indiana University
Raúl Sedano	Universidad del Valle
Ricardo Betancur-R	Universidad de Puerto Rico
Ricardo Mallarino	Harvard University
Roxana Yockteng	CORPOICA
Santiago Herrera	University of Toronto
Santiago Ramírez	University of California at Davis
Sergio A. Muñoz-Gómez	Dalhousie University
Sergio Solari	Universidad de Antioquia
Simón Uribe-Convers	University of Michigan
Tatiana Arias	Corporación para Investigaciones Biológicas
Víctor Hugo García Merchan	Universidad del Quindío
Ximena Bernal	Purdue University
Yherson F. Molina Henao	Harvard University

EDICIÓN GRÁFICA

Andrea Manrique-Rincón
Universidade Estadual de Campinas

Portada

Maeota ibargueni , 2016
PNN Los Nevados
Juan Ignacio Muñoz M.
 juancho_nature_photos

CONTENIDO

EDITORIAL NACIONAL	6
Pacto por la ciencia	
Henry Arenas-Castro, Juan Pablo Narváez-Gómez & Kevin Jiménez-Lara	
EDITORIAL INTERNACIONAL	8
Science as usual is not enough	
Karen R. Lips	
RECONOCIMIENTOS	10
Tatiana Arias	
Gabriela Doria	
Héctor Ramírez-Chaves	
Sebastián Duchêne	
Alejandro Rico-Guevara	
César Marín	
INVESTIGAR EN COLOMBIA	12
El tiempo no perdona	
Juan Luis Parra	
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	14
VESPA	
ROTL	
Niche	
COMENTARIO CIENTÍFICO	15
Las bases genéticas del comportamiento animal	
Alejandro Berrio	
CIENCIA CRIOLLA	17
Evolución del oído medio de mamíferos	
Héctor E. Ramírez-Chaves	
Biogeografía histórica de cinco especies de peces del género Characidium	
Daniel Poveda-Martínez	
El rol de las isoformas en la evolución de la coloración críptica en ratones del género Peromyscus	
Ricardo Mallarino	
INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	20
Retos para caracterizar la estructura genética de las poblaciones	
Juan Camilo Chacón-Duque	

BIODIVERSIDAD	21
Rana nombrada en honor a Rigoberto Urán	
Tiburón mesozoico de Colombia	
Tapaculo de la Cordillera Occidental	
Helechos acuáticos del Paleógeno de Colombia	
EVENTOS ACADÉMICOS	23
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	24
Evolución humana	
Evolución del comportamiento	
Ecología Evolutiva	
Evo-Devo	
Evolución molecular	
Genética evolutiva	
Morfología y fisiología evolutiva	
Paleontología evolutiva	
Sistemática y filogenética	
Teoría evolutiva	
NODOS	30
Hernán A. Burbano	
MESAS DE TRABAJO REGIONAL	32
Antioquia	
Bogotá	
Boyacá	
Caldas	
Cauca	
Quindío	
Santander	
Sucre	
Tolima	
Valle del Cauca	
AVISOS COLEVOL	36
Premio Francisco José de Caldas	
camBio: caja de herramientas de la evolución	

EDITORIAL NACIONAL

Pacto por la ciencia

Henry Arenas-Castro

Instituto Humboldt

Juan Pablo Narváez-Gómez

Universidade de São Paulo

Kevin Jiménez-Lara

Universidad Nacional de La Plata

El conocimiento científico es fuente de bienestar para la humanidad, pues constituye la herramienta más poderosa que tenemos para entender cómo funciona la naturaleza. Actualmente, la investigación en temas tan diversos como la biología molecular y la teoría de la información nos ha permitido mejorar la calidad de los alimentos mediante técnicas de modificación genética, así como acceder rápidamente a fuentes de información mundial. La biología evolutiva también ha mejorado las condiciones de vida del ser humano en las últimas décadas. Por ejemplo, el estudio de las tasas de evolución molecular en bacterias y virus ha guiado la estructuración de programas epidemiológicos para controlar enfermedades infecciosas, mientras que la estimación de la diversidad filogenética de una región ha informado el diseño de estrategias de conservación más efectivas que consideran no solo la composición de especies sino también los procesos evolutivos que han generado la biodiversidad.

Todos estos beneficios hacen parte de la retribución de la ciencia a los ciudadanos, pues la mayoría de las investigaciones en ciencia básica que derivan en aplicaciones útiles para las áreas de la salud, conservación, ingeniería, agricultura, entre otras, son financiadas con

recursos públicos. Estos recursos son asignados por los tomadores de decisiones, quienes a su vez tienen el poder de transferir los beneficios de la ciencia a la comunidad informando sus decisiones políticas y administrativas con conocimiento científico.

La interrelación entre ciudadanía, tomadores de decisiones y ciencia debe ser entendida por todos los implicados en la ecuación. Los ciudadanos deben conocer los principios básicos y beneficios de la ciencia para valorarla como un factor determinante de la equidad social y, en este sentido, exigirles a los gobernantes que inviertan en ella con sus impuestos. Los tomadores de decisiones deben comprender cómo las decisiones informadas por la ciencia pueden optimizar los recursos públicos y maximizar el bien común. Los científicos deben interiorizar que la disponibilidad de recursos para desarrollar su investigación está determinada por el apoyo de los gobernantes, elegidos por la ciudadanía, y que el impacto social de su investigación está supeditado al juicio de los tomadores de decisiones.

Como científicos, debemos divulgar los resultados de nuestras investigaciones a la comunidad y persuadir a los tomadores de

decisiones para que traduzcan estos hallazgos en decisiones que beneficien a la ciudadanía. A nivel individual, la publicación de reseñas de nuestras investigaciones en un lenguaje alejado de tecnicismos en blogs, diarios, boletines y revistas divulgativas, así como la presentación de charlas públicas, contribuye a la valoración de nuestra labor por un público más amplio que la comunidad científica especializada en el tema. A nivel institucional, la participación en iniciativas que promuevan el diálogo entre la ciencia y la política, como la Plataforma Intergubernamental de Biodiversidad y Servicios Ecosistémicos, la Plataforma

Intergubernamental sobre el Cambio Climático o Future Earth, redunda en el fortalecimiento de la financiación de la ciencia y la integración del conocimiento científico en las políticas públicas.

¡Comprométamonos con promover la comprensión y la conciencia pública del papel que la ciencia desempeña como motor de transformación social en Colombia! La biología evolutiva tiene mucho que aportar en un país megadiverso y en proceso de recuperación tras una larga guerra.



Thamnophilus doliatus, 2014
Armero, Tolima
Oriana Llanos

EDITORIAL INTERNACIONAL

Science as usual is not enough

Karen R. Lips

 @kwren88

University of Maryland - Embassy Science Fellow, Colombia

I am writing this essay while I sit in a Bogota café using their free WiFi. Periodically, I check my Twitter feed for news and updates on the ASIH Herpetology conference going on in Texas ( [#JMIH17](#)), or watch parts of the video livestream from the Congress on Parámos y Ecosistemas de Montaña ( [#CongresoPáramosyMontañas](#)) happening just a few blocks away. Next week scientists from around the world will descend on Cartagena for the International Conference for Conservation Biology ( [#ICCB2017](#)). Thanks to technology and social media I can listen to talks from all these conferences, identify interesting research, and connect with new colleagues. I can send info to my colleagues with WhatsApp, describe results of our field trips by posting photos to Facebook, and post PDFs of my talks to FigShare so new friends can review material, download links, and access resources we discussed.

If you think about it, it is incredible that it is so easy to share science in so many forms, with so many people around the world, many of whom I have never met in person. This level of connectivity allows us to work collaboratively across the world and across disciplines on issues that transcend geopolitical boundaries such as infectious diseases, invasive species, and climate change. This level of international, multidisciplinary, multi-platform, distributed collaboration will become more and more common because science as usual is not enough. By that I mean that our governments and other institutions are increasing their

demands and expectations for scientists to step out of the ivory tower and translate the results of our studies into language that can be used to inform policy or influence decisions.

This is happening for several reasons. First, our local actions have global impact. We live in a closely-connected world, and what we do has a direct impact on our neighbors and on communities living on the other side of the globe. Second, we are all in this together. If want to reduce plastic pollution in the oceans, slow the spread of infectious diseases, or reduce carbon dioxide in the atmosphere, then we are going to have to coordinate and collaborate globally. Third, science has a role to play; not only do issues of science and technology underlie many of the world's biggest problems, but science, technology, and innovation may also provide solutions to those problems. Creativity, innovation, and entrepreneurship will be needed to see the solutions in our science.

Are you ready?

Because today's problems are often complex, involving many disciplines, operating synergistically, and requiring creative approaches, our solutions will necessarily require smart, multidisciplinary, creative scientists who can communicate with the media, community groups, and policymakers at the local, national, and maybe even international levels. How will we do that?

Today scientists can no longer expect to work alone on a project, give a seminar, write the paper, and then move on to the next project. We cannot afford to leave science on the shelf like this, instead, we must take more of a leadership role in communicating our science to the world, to have an impact. We cannot expect government decision makers to read scientific journals and figure out what the implications are, how confident we are in those results, or how we might apply those results to real world problems. Yes, we need to write the paper for our scientific audience, but we are also going to have to take the initiative and translate our science into a policy-relevant format –maybe it is an op-ed in our local newspaper, maybe we invite a reporter to visit our field site or lab, or maybe we organize a briefing on the topic for our government representatives.

We now have a whole portfolio of technological tools (Skype, Twitter, Facebook, WhatsApp) that allow us to communicate frequently and broadly. But how many of us have had training in science communication, science policy, or public engagement? In the US we have a variety of training programs (AAAS Fellowships, Leopold Leadership Program, Alan Alda Science Communication Workshops) and websites (Compass Message Box, Trellis Science) that provide guidance and instruction on how to use those technological tools more effectively, to frame our science in ways of interest to our audience, to present the facts wrapped up in a story and with clear visuals, and finally, to demonstrate the impact of our science on people's lives.

For Colombian scientists to be able to contribute to developing new policies, researchers will need access to training in science communication and policy. These kinds of programs are rare in Latin America, and

opportunities for training in science communication are not easy to find. In Colombia, *Parque Explora* has a wealth of public science programs, but few programs exist in other cities, and training opportunities for Colombian scientists in science communication or science policy seem to be non-existent.

To be successful in this huge undertaking, Colombian scientists will need to invest as much in developing capacity in science communication and science policy as they do in collecting and analyzing the scientific data. This is obvious if we think of science communication as a way to provide capacity to citizens and elected officials to make informed decisions, rather than learning facts. For example, the new Colombian "bio-economy" explicitly depends on natural resources, invests in sustainable livelihoods, and relies on science, discovery, and exploration in the name of improving people's lives. To obtain public support for these new initiatives, scientists will need share their knowledge of the natural world and its relevance with the policymakers who write the legislation, with the citizens who vote on those laws, and with the organizations that bring the groups together.

It is a special time for Colombia, full of promise and opportunity. It has been an honor and a great pleasure to be able to study in Colombia during this exciting transition, working with the brilliant people of the *Instituto Humboldt*, talking with professors and students at the many universities, and seeing first-hand the beauty, diversity, and warmth of Colombia and its people. Thanks to social media, I will be able to stay connected with new friends and colleagues long after I have to return to my home, and will be watching with excitement as Colombian scientists rise to the challenges of this new world.

RECONOCIMIENTOS

Tatiana Arias

Corporación para Investigaciones Biológicas



La Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales y la *World Academy of Science* otorgaron a Tatiana Arias el premio TWAS 2017 al Joven Científico Colombiano por su trayectoria investigativa. Ella se ha dedicado a estudiar la evolución de plantas a través de un enfoque filogenético para contribuir con la solución a algunos problemas asociados a la agricultura y a la pérdida de biodiversidad.

Gabriela Doria

University of Cambridge



Por @NewPhyt

Héctor Ramírez-Chaves

Universidad de Caldas



Héctor Ramírez-Chaves fue galardonado con el premio William T. Hornaday 2016 de la *American Society of Mammalogists* por su contribución a la conservación de los mamíferos del norte de Sudamérica.

Sebastián Duchêne

University of Melbourne



La Genetics Society of Australasia otorgó a Sebastián Duchêne el premio D.G. Catcheside 2016 por su contribución al desarrollo de enfoques computacionales y estadísticos para estimar tasas evolutivas de patógenos infecciosos.

Alejandro Rico-Guevara

University of Connecticut



Alejandro Rico-Guevara recibió el premio Pitelka de excelencia en investigación otorgado por la *International Society for Behavioral Ecology* por su publicación sobre rasgos sexuales secundarios del colibrí *Phaethornis longirostris* y su influencia sobre el éxito reproductivo y dimorfismo sexual de la especie.

César Marín

Universidad Austral de Chile

El trabajo de César Marín sobre la diversidad de ensamblajes de micorrizas y meteorización biogénica en Chile fue reconocido como el segundo mejor cartel del curso *Metagenomics Bioinformatics* ofrecido por el *European Bioinformatics Institute*.



Diana Lucía Buitrago
Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul

INVESTIGAR EN COLOMBIA

El tiempo no perdona

Juan Luis Parra

Universidad de Antioquia

Como muy bien lo expresó el Dr. Futuyma en una editorial anterior de este boletín, los investigadores colombianos estamos ahora en una posición donde tenemos la capacidad de avanzar en las ciencias básicas de la biodiversidad –biología evolutiva, ecología y sistemática. Sin embargo, aún necesitamos superar varios obstáculos, siendo la limitación de tiempo para investigar uno de los más importantes.

El tiempo no es solo importante para trabajar. La necesidad de tiempo libre para pensar sobre asuntos sin una meta predeterminada hace parte del proceso creativo que muchas veces es clave en investigación. Llevar a cabo nuestras ideas de investigación usualmente requiere de recursos y el primer paso para poder realizar un proyecto de investigación es conseguir fuentes de financiación. Sin embargo, presentar una buena propuesta significa tener tiempo para pensar, analizar datos preliminares y escribir. Una vez financiado, el lapso para generar datos, analizarlos, escribir y lograr someter uno o más artículos a revistas internacionales de alta calidad (y que sean aceptados) suele ser de uno o dos años, muchas veces más. Además, el investigador debe tramitar todos los permisos necesarios (recolección, secuenciación y exportación) y obtener la aprobación de sus métodos por un comité de ética. Todos estos pasos toman tiempo y con frecuencia los más demorados son los de menor trascendencia para el proyecto de investigación (permisos, cartas de aval, certificados).

La formulación de propuestas es uno de los aspectos más complejos dentro del plan de trabajo de la mayoría de académicos. Con frecuencia, los investigadores están abrumados preparando clases e informes y participando en comités administrativos, incluso en las instituciones de investigación en Colombia. Los planes de trabajo de la mayoría de profesores no incluyen tiempo para la elaboración de propuestas y manuscritos, y la justificación es que la cantidad de tiempo empleada en estas actividades no puede ser predicha con anticipación, ni validada posteriormente. Finalmente, el tiempo requerido para formular y ejecutar proyectos de investigación es tan valioso como la financiación de los mismos.

¿Cómo es posible entonces solucionar este dilema? Por un lado, es indispensable, pero no suficiente, contar con un buen grupo de trabajo con miembros organizados y eficientes en la generación de datos, análisis y escritura de manuscritos científicos. En otro nivel del proceso, las instituciones también pueden colaborar facilitando el trámite de documentos necesarios y ofreciendo todos los respaldos para presentarse a convocatorias nacionales e internacionales, y los entes finanziadores ofreciendo una mejor organización en sus convocatorias, por ejemplo, dejando muy claro cuáles son los criterios de evaluación. Por otro lado, es importante formar a las nuevas generaciones en la formulación de proyectos, reconociendo que esto es un arte práctica que muchas veces solo con su ejercicio se mejora.

La responsabilidad de un proyecto de investigación es grande, pero no existe mejor sensación que trabajar en lo que a uno le apasiona. Los investigadores colombianos tenemos toda la capacidad de realizar proyectos en biología evolutiva de alta calidad, pero necesitamos mucho más apoyo, no solo de parte de las entidades financieras, sino también de las entidades empleadoras. Fomentar redes de interacción a nivel nacional e internacional que permitan la colaboración y la comunicación entre laboratorios con

expertos complementarios es una acción estratégica más que urgente y amplía la gama de fuentes de financiación a las cuales podríamos presentarnos.

Por último, es necesario una gestión comprometida y constante que supere los proyectos efímeros y la visión cortoplacista para dar paso a una investigación rigurosa y continua que responda preguntas complejas de los fenómenos naturales, donde cada actor en la cadena de la investigación cumpla su rol.

Hyloscirtus larinopygion, 2015

Salento, Quindío

Ana M. Ospina-L



DESARROLLOS COMPUTACIONALES

VESPA

Realizar análisis de selección positiva sobre un conjunto de genes requiere identificar familias de genes y reconstruir filogenias, lo cual puede ser desafiante cuando el conjunto de genes es grande. VESPA (*Very Large-scale Evolutionary and Selective Pressure Analyses*) es capaz de automatizar estos pasos y conducir análisis de selección positiva entre sitios en un alineamiento y entre sitios sobre una rama determinada en una filogenia. Este programa utiliza el método codeML implementado en el

paquete PAML para comparar la proporción de sustituciones no sinónimas por sitio no sinónimo (dN) contra la proporción de sustituciones sinónimas por sitio sinónimo (dS) sobre cada gen.

Webb AE, Walsh TA, O'Connell MJ. 2016. VESPA: Very large-scale Evolutionary and Selective Pressure Analyses. PeerJ Preprints. DOI: 10.7287/peerj.preprints.1895v2

ROTL

Los estudios que involucran análisis filogenético han aumentado considerablemente en la última década. Sin embargo, las reconstrucciones filogenéticas han sido publicadas en forma de imagen, impidiendo su fácil extracción. Roth es un paquete de R que sintetiza el árbol de la vida en forma digital a partir de la compilación de información taxonómica y análisis filogenéticos publicados previamente. Este paquete permite extraer una rama de un grupo taxonómico

específico, manipularla y descargar los datos iniciales con los cuales fue reconstruida. También permite integrar otros paquetes para análisis comparativos, estadísticos, ecológicos y biogeográficos.

Michonneau F, Brown JW, Winter D. 2016. rotl: an R package to interact with the Open Tree of Life data. Methods in Ecology and Evolution. DOI: 10.1111/2041-210X.12593

Niche

Explicar de manera agradable los mecanismos evolutivos es un desafío para la enseñanza de la teoría evolutiva. Niche es un juego de estrategia sobre genética, herencia y evolución donde los jugadores crean una especie y la establecen en un hábitat determinado para luego enfrentarla a eventos naturales, como competidores, depredadores, cambios ambientales y enfermedades. Para asegurar su supervivencia, la especie debe adaptarse desarrollando camuflaje, toxicidad, cuernos y garras, entre muchas otras adaptaciones. Estos rasgos pueden aparecer bajo un contexto genético de dominancia, recesividad,

codominancia, entre otros. Además, el jugador debe estar atento a la diversidad genética de la especie, pues es la base de la supervivencia y adaptaciones futuras, lo que le permite a la especie expandir su territorio y dejar más descendencia.

Página web: <http://niche-game.com>

Leidy Viviana Romero
Universidad Industrial de Santander

Santiago Herrera
Universidad de los Andes

COMENTARIO CIENTÍFICO

Las bases genéticas del comportamiento animal

Alejandro Berrío

Duke University

Uno de los retos más grandes para avanzar en el conocimiento de los procesos genéticos que regulan la diversidad de comportamientos sociales desde el contexto evolutivo y ecológico es integrar las experiencias de la ecología cognitiva y las neurociencias (Hofmann et al. 2014). Es fascinante que entre todas las secuencias genéticas de los animales con sistemas neuronales existan instrucciones por las cuales diferentes grupos evolucionaron comportamientos que les permitieron adaptarse a cualquier tipo de ambiente. De hecho, todos los animales con sistemas neuronales exhiben algún tipo de conducta y la mayoría de ellos aprenden y responden a estímulos ambientales y sociales. Esto hace que describir los principios genéticos que regulan el comportamiento animal parezca muy complicado. Tanto así, que muchos ecólogos cognitivos negaron la necesidad de estudiar los mecanismos genéticos del comportamiento —idea que fue popularizada como el 'gambito fenotípico'. El gálibo fenotípico es un supuesto por el cual los etólogos decidieron ignorar las bases genéticas del comportamiento para entender las trayectorias evolutivas del comportamiento de manera más fácil (Grafen 1984). Lamentablemente, esta idea ha ocasionado que no existan muchas investigaciones que se enfoquen en entender las bases genéticas y cognitivas del comportamiento animal, a pesar de los grandes desarrollos en genética y genómica.

La ausencia de estudios en genética del comportamiento animal es pasmosa, pese a

que Niko Tinbergen revolucionó la ciencia del comportamiento animal al desarrollar los objetivos y los métodos que se deben tener en cuenta para estudiar el comportamiento de los animales (Tinbergen 1963). Esta estrategia, conocida como los niveles de análisis o las cuatro preguntas de Tinbergen, busca explicar las bases del comportamiento por medio de dos preguntas distales y dos proximales, que integran así a la biología evolutiva, la fisiología y la ontogenia. Para clarificar, tomemos un caso familiar de un comportamiento social: ¿por qué los barranqueros, *Momotus momota*, menean pendularmente su cola? Podríamos proponer las siguientes hipótesis. Distalmente: i) en términos de valor adaptativo, estas aves mueven su cola como un mecanismo para evadir predadores y ii) en términos de la historia evolutiva, el movimiento de cola evolucionó en el ancestro común de todas las especies de barranqueros de América. Proximalmente: iii) en términos de causación, las novedades ambientales causan cambios hormonales en la fisiología del ave que inicia el movimiento de la cola como una reacción innata a la novedad y iv) en términos de desarrollo, estas aves mueven su cola porque lo aprendieron de sus padres y vecinos. En apariencia, estas explicaciones son mutualmente excluyentes, pero en realidad se complementan entre sí. Estas cuatro preguntas se podrían investigar desde la biología y genómica molecular, pasando por el análisis genómicos de asociación (GWAS), hasta muestreos de selección natural a lo largo del genoma. El poder y la accesibilidad a métodos



de análisis genómico ofrecen una perspectiva unificadora en investigaciones del comportamiento animal.

Si consideramos que la evolución y ecología de las interacciones sociales de la mayoría de animales están influenciadas por rasgos comportamentales determinados por procesos genéticos y neuronales que afectan la cognición, percepción, aprendizaje, memoria y toma de decisiones, podemos investigar las bases genéticas del comportamiento como si éste fuera cualquier otro rasgo fisiológico o morfológico (Dukas 2004, Rittschof et al. 2014). Afortunadamente, algunos laboratorios ya han comenzado a investigar el vínculo que existe entre el comportamiento y el genoma, e incluso el epigenoma, en organismos provenientes de poblaciones naturales. Los topillos de la pradera, *Microtus ochrogaster*, se han convertido en un excelente modelo para estudiar las bases genéticas de la monogamia. Se ha encontrado que la fidelidad sexual y el uso del espacio están asociados a polimorfismos en un potenciador de la expresión del gen del receptor de vasopresina, Avpr1a. Además, la variación genética en este regulador genético está influenciada por selección balanceadora (Okhovat et al. 2015). También se han investigado las secuencias genéticas, circuitos neuronales y comportamiento en el ratón venado, *Peromyscus*, encontrando importantes asociaciones entre regiones genómicas y la formación de madrigueras (Hu & Hoekstra 2016). El estudio de las bases genéticas del comportamiento social no se ha limitado a roedores, también podemos encontrar estudios realizados en aves, peces e insectos (Whitfield et al. 2003, Cummings et al. 2008, Hofmeister & Rubenstein 2016).

El avance en los estudios de biodiversidad y ecología cognitiva tienen ahora a su favor los

nuevos desarrollos técnicos, la reducción de costos en los métodos de secuenciación a gran escala y la facilidad en la ejecución de procesos bioinformáticos. Este aspecto es de crucial importancia para nuestro país, donde sabemos poco de la diversidad de comportamientos de nuestra fauna. Siempre que encontramos un comportamiento que ha evolucionado naturalmente, tendremos enormes oportunidades para unificar los mecanismos proximales y distales de la evolución cognitiva y comportamental.

Referencias

- Cummings ME, Larkins-Ford J, Reilly CRL, et al. 2008. Sexual and social stimuli elicit rapid and contrasting genomic responses. *Proceedings of the Royal Society B*. DOI: 10.1098/rspb.2007.1454.
- Dukas R. 2004. Evolutionary biology of animal cognition. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*. DOI: 10.1146/annurev.ento.53.103106.093343.
- Grafen A. 1984. Natural selection, kin selection and group selection. En: Krebs JR, Davies NB (Eds). *Behavioural ecology: an evolutionary approach*. Wiley-Blackwell.
- Hofmann HA, Beery AK, Blumstein DT, et al. 2014. An evolutionary framework for studying mechanisms of social behavior. *Trends in Ecology and Evolution*. DOI: 10.1016/j.tree.2014.07.008.
- Hofmeister NR, Rubenstein DR. 2016. Environmental variability and the evolution of the glucocorticoid receptor (Nr3c1) in African starlings. *Ecology Letters*. DOI: 10.1111/ele.12656.
- Hu CK, Hoekstra HE. 2016. *Peromyscus* burrowing: a model system for behavioral evolution. *Seminars in Cell & Developmental Biology*. DOI: 10.1016/j.semcdb.2016.08.001.
- Okhovat M, Berrio A, Wallace G, et al. 2015. Sexual fidelity trade-offs promote regulatory variation in the prairie vole brain. *Science*. DOI: 10.1126/science.aac5791.
- Rittschof CC, Bukhari SA, Sloofman LG, et al. 2014. Neuromolecular responses to social challenge: common mechanisms across mouse, stickleback fish, and honey bee. *PNAS*. DOI: 10.1073/pnas.1420369111.
- Tinbergen N. 1963. On aims and methods of ethology. *Ethology*. DOI: 10.1111/j.1439-0310.1963.tb01161.x.
- Whitfield CW, Cziko A-M, Robinson GE. 2003. Gene expression profiles in the brain predict behavior in individual honey bees. *Science*. DOI: 10.1126/science.1086807



CIENCIA CRIOLLA

Evolución del oído medio de mamíferos

Héctor E. Ramírez-Chaves

Universidad de Caldas

La evolución de los huesos del oído medio de los mamíferos ha sido estudiada ampliamente desde que se señaló que el martillo y el yunque son homólogos a los huesos articular y cuadrado de otros vertebrados. Estos huesos estaban asociados a la mandíbula en los ancestros de los mamíferos actuales y posteriormente sufrieron un cambio de función, reduciendo su tamaño y migrando a su posición actual. Algunos análisis de parsimonia han establecido que la migración de los huesos del oído medio en mamíferos a su posición actual ocurrió hasta cinco veces en la evolución de este grupo, mientras que otros afirman que esta migración ocurrió solo una vez.

Nosotros reanalizamos matrices morfológicas de mamíferos fósiles mediante análisis bayesianos y proponemos un escenario más simple, donde el primer paso en el desacople de los huesos del oído medio ocurrió en dos eventos independientes en los mamíferos del hemisferio norte y sur, hace aproximadamente 163 millones de años. Sin embargo, luego de este desacople, los huesos del oído medio continuaron conectados a la mandíbula a través de un precursor del hueso dentario y del martillo, denominado cartílago de Meckel. El paso final fue la desaparición del cartílago de Meckel, hecho que conllevó a una desconexión total de los huesos del oído medio y la

mandíbula. Nuestros resultados sugieren que la desaparición de la conexión mediada por el cartílago de Meckel ha ocurrido muchas veces durante la evolución de los mamíferos.

Evidencia de la aparición de este fenómeno ha sido observada en diversos linajes del Jurásico tardío hasta el Cretáceo tardío. En algunos linajes, el desprendimiento mediado por la desaparición del cartílago de Meckel fue rápido, pero se extendió temporalmente en otros linajes, lo que concuerda con el patrón de diversificación explosiva experimentada por los mamíferos en este período. Sólo la desaparición del cartílago de Meckel, y no el desacople de los huesos del oído medio, es recapitulada durante el desarrollo embrionario de los mamíferos recientes. Se requieren más investigaciones en diferentes mamíferos fósiles para aclarar si el desprendimiento de los huesos del oído medio de los mamíferos ocurrió por presiones selectivas o por efectos alternos en el desarrollo de otras partes del cráneo.

Ramírez-Chaves HE, Weisbecker V, Wroe S, Phillips MJ. 2016. Resolving the evolution of the mammalian middle ear using Bayesian inference. *Frontiers in Zoology*. DOI 10.1186/s12983-016-0171-z

Biogeografía histórica de cinco especies de peces del género *Characidium*

Daniel Poveda-Martínez

Universidad del Quindío

La complejidad de la historia hidrográfica de Suramérica representa un reto para comprender la historia biogeográfica de los peces de agua dulce en esta región, pero a la vez ofrece la oportunidad de explorar los patrones y procesos evolutivos que generaron la gran diversidad de este grupo en las cuencas suramericanas. Como estos peces han evolucionado confinados en las cuencas hidrográficas del continente, su distribución actual refleja los reordenamientos de estas cuencas a lo largo de su historia geológica, haciendo posible estudiar la dinámica evolutiva de las especies de agua dulce a través de la historia de los ríos.

Characidium (Crenuchidae) es un género de peces abundante en arroyos, ríos y drenajes costeros en el Neotrópico, desde Panamá hasta Argentina, y en ambas vertientes de los Andes, donde ocupa un gradiente altitudinal y ambiental amplio. Para identificar los procesos evolutivos que dieron lugar a la distribución geográfica actual de cinco especies de este género en las principales cuencas de

Suramérica, reconstruimos su historia biogeográfica al explorar las relaciones de parentesco, tiempos de divergencia y distribución ancestral del género.

Hallamos que estas cinco especies divergieron en el Eoceno, hace aproximadamente 50.2 millones de años, en un área drenada por la paleocuenca amazónica. Diversos eventos de dispersión y vicarianza contribuyeron a su distribución actual en cuencas del sureste del continente. El origen del grupo coincide con la edad de la ictiofauna suramericana, cuya diversificación y distribución han sido afectadas por el levantamiento de los Andes, fluctuaciones del nivel del mar, entre otros eventos geológicos de la región.

Poveda-Martínez D, Sosa CC, Chacón Vargas K, García-Merchán VH. 2016. Historical biogeography of five *Characidium* fish species: dispersal from the Amazon paleobasin to southeastern South America. PLOS ONE. DOI: doi:10.1371/journal.pone.0164902

El rol de las isoformas en la evolución de la coloración críptica en ratones del género *Peromyscus*

Ricardo Mallarino

Harvard University

Por muchos años, gran parte del debate para entender los mecanismos moleculares que originan la biodiversidad se ha centrado en establecer la importancia relativa que tienen las

mutaciones que ocurren en las regiones codificantes de un gen y las que ocurren en regiones regulatorias. Sin embargo, otros mecanismos moleculares, como la producción

de secuencias alternativas de ARN mensajero (ARNm) o isoformas a partir de un mismo gen, no han sido estudiadas con el mismo detalle.

En este estudio nos enfocamos en Agouti, un gen que produce ARNm alternativos y que modula la transición entre la producción de los pigmentos eumelanina (negro/marrón) y feomelanina (amarillo/rojo). Una expresión elevada de Agouti implica mayor producción de feomelanina y, por tanto, un pelaje más claro. Analizamos individuos de una población de ratones *Peromyscus* que habita las dunas de arena blanca de Nebraska (Estados Unidos) y que como adaptación para eludir depredadores aéreos han evolucionado un pelaje más claro que sus ancestros que habitan los bosques aledaños de sustrato oscuro. Tras caracterizar las diferentes isoformas de Agouti en *Peromyscus*, encontramos que el alelo originado en Nebraska tiene una expresión más elevada de una de las isoformas, denominada 1C, que el alelo de la población ancestral. Usando cultivos celulares, demostramos que a pesar de que las células transfectadas con las diferentes isoformas producen cantidades de ARNm similares, las que contienen 1C generan una mayor cantidad de proteína.

Adicionalmente, recolectamos muestras de una población mixta (individuos que habitan las dunas de arena y el bosque denso) y realizamos asociaciones entre expresión genética y color del pelaje. Encontramos que las diferencias en la expresión de Agouti son explicadas por diferencias en los nucleótidos de una región cercana al exón 1C y que esta región ha estado sujeta a selección positiva. De acuerdo a esto, ha habido una presión selectiva fuerte para que la isoforma 1C sea la que predomine y genere los cambios relacionados con la colonización a sustratos claros, posiblemente porque esta secuencia posee la mayor eficiencia en la producción de proteína.

Finalmente, analizamos dos poblaciones de otra especie de *Peromyscus* en las que también han ocurrido eventos de colonización a sustratos claros a partir de sustratos oscuros, en este caso en las playas de la Florida. Encontramos que, de forma similar a lo encontrado en Nebraska, la mayor parte de las diferencias entre los alelos provenientes de ambas poblaciones son explicadas por un incremento en la expresión de la isoforma 1C.

De esta manera, nuestro estudio representa un ejemplo de cómo la producción alternativa de diferentes ARNm a partir de un mismo gen puede generar diversidad fenotípica y constituye un ejemplo de convergencia molecular a nivel de regulación de isoformas.

Mallarino R, Linden TA, Linnen CR, Hoekstra HE. 2016. The role of isoforms in the evolution of cryptic coloration in *Peromyscus* mice. *Molecular Ecology*. DOI: 10.1111/mec.13663

Oxypogon guerinii, 2016

SFF Iguaque, Boyacá
Wilmer Gutiérrez



INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

Retos para caracterizar la estructura genética de las poblaciones

Juan Camilo Chacón-Duque

University College London

Las poblaciones suelen encontrarse estratificadas por la ausencia de apareamiento aleatorio entre sus individuos y la interrupción de migración con otras poblaciones, entre otras causas. Esta estratificación genera gradientes a través de la inducción de cambios en las frecuencias de diferentes variantes genéticas. La cantidad y la distribución de esta variación en una población configuran su estructura genética. Entender esta estructuración nos permite inferir historias demográficas, informar las decisiones de conservación de la biodiversidad e identificar genes asociados a rasgos, entre otras aplicaciones.

La mayoría de modelos estadísticos desarrollados para estimar estructura genética hacen uso de frecuencias alélicas para inferir posibles historias comunes y divergencias, como es el caso de STRUCTURE. Sin embargo, estos modelos no permiten caracterizar explícitamente el efecto de las diferentes fuerzas evolutivas. Esto sesga la interpretación de las inferencias, en especial cuando el número de marcadores genéticos es limitado, pues aumenta la posibilidad de que una proporción considerable de las frecuencias alélicas haya sido alterada por estas fuerzas.

El uso de la teoría de coalescencia y el crecimiento de las capacidades computacionales han permitido la implementación de modelos estadísticos más complejos. Este es el caso del modelo incorporado en FineSTRUCTURE, que permite modelar variables como la mutación y el desequilibrio de ligamiento. Esto, implementado con datos de barridos genómicos, ha evidenciado muchas de las limitaciones de las inferencias basadas sólo en frecuencias alélicas y ha aumentado la resolución para diferenciar poblaciones.

El principal reto que enfrenta este tipo de estudios radica en que las poblaciones ancestrales ya no existen y todas las inferencias se hacen basadas en poblaciones que pueden o no representarlas adecuadamente. Es probable que estas poblaciones hayan divergido drásticamente debido a diferentes procesos evolutivos o que hayan coexistido con poblaciones extintas o no caracterizadas. Sólo a medida que se obtenga información genética más detallada y aumente la cobertura de los muestreos, se podrán inferir historias evolutivas y demográficas más cercanas a la realidad. Por el momento, se hace necesario una posición crítica y una valoración adecuada de las demás evidencias que se puedan obtener.



Campylorhynchus griseus, 2016
Cacerío Los Andes, Magdalena
Gustavo Pisso Florez

BIODIVERSIDAD

Rana nombrada en honor a Rigoberto Urán

Pristimantis urani fue descubierta por Mauricio Rivera Correa y Juan Manuel Daza, investigadores de la Universidad de Antioquia, en las montañas del norte de la Cordillera Occidental, en el municipio de Urrao, de donde también es originario Rigoberto Urán, ciclista colombiano que le ha brindado alegrías al país. Habita el bosque altoandino sobre los 2300 msnm y es de hábitos arborícolas. Se caracteriza por una coloración amarilla en el dorso, con manchas verdes y líneas marrones que forman un patrón ligeramente reticulado.



Por Felipe Duarte-Cubides

Rivera-Correa M & Daza JM. 2016. Molecular phylogenetics of the *Pristimantis lacrimosus* species group (Anura: Craugastoridae) with the description of a new species from Colombia. Acta Herpetologica. DOI: 10.13128/Acta_Herpetol-16434

Tiburón mesozoico de Colombia



Por Jorge Blanco

El registro fósil de los condrichtios del Mesozoico en el norte de Sudamérica es escaso y poco conocido. Carrillo-Briceño y colaboradores descubrieron dos espinas de la aleta dorsal de un tiburón Hyodontidae del Cretácico Inferior de Colombia en la Formación Rosablanca, Zapatoca, Santander. La presencia de ammonitas, tortugas, plesiosaurios e ictiosaurios asociados a este condrichtio sugieren que dicha zona se encontraba sumergida bajo el mar en ese entonces. Aunque la fragmentación de ambas

espinas no permite la identificación a nivel genérico, su hallazgo representa el primer reporte de este grupo de tiburones en el extremo norte de Sudamérica y el margen noroeste de Gondwana para el Cretácico inferior.

Carrillo-Briceño JD, Cadena EA, Dececchi AT, Larson HCE, Du TY. 2016. First record of a hybodont shark (Chondrichthyes: Hyodontiformes) from the Lower Cretaceous of Colombia. Neotropical Biodiversity. DOI: 10.1080/23766808.2016.1191749

Tapaculo de la Cordillera Occidental



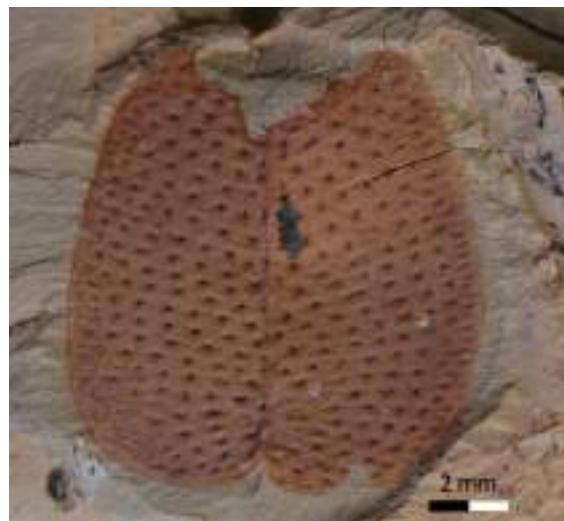
Scytalopus alvarezlopezi es una nueva especie de ave descrita por Gary Stiles de la Universidad Nacional de Colombia, Óscar Laverde de la Pontificia Universidad Javeriana y Daniel Cadena de la Universidad de los Andes. Esta especie habita en el sotobosque entre 1300 a 2100 msnm en la vertiente pacífica de la Cordillera Occidental. Los machos difieren de otros del mismo género por su coloración negra oscura en el plumaje del dorso y gris oscura en el vientre.

Por Julian Heavyside

Stiles FG, Laverde-R O, Cadena CD. 2017. A new species of tapaculo (Rhinocryptidae: *Scytalopus*) from the Western Andes of Colombia. The Auk. DOI: 10.1642/AUK-16-205.1

Helechos acuáticos del Paleógeno de Colombia

Salvinia es un género de helechos acuáticos cuya mayor diversidad se halla en el Neotrópico. En contraste con su distribución pantropical moderna, se han encontrado fósiles de estos helechos en todo el mundo. Pérez-Consuegra y colaboradores describen dos nuevas especies de *Salvinia* para el Paleógeno de Colombia: *S. magdalenensis* y *S. bogotensis*. Estos registros indican que el género ha habitado Sudamérica al menos desde el Paleoceno tardío (~60 millones de años). También sugieren que *Salvinia* se distribuyó en todo el mundo durante la mayor parte del Cenozoico y su distribución pantropical moderna está asociada a la reducción de la temperatura en las regiones templadas desde el Pleistoceno.



Por Aura Cuervo, *Salvinia bogotensis*

Pérez-Consuegra N, Cuervo-Gómez A, Martínez C, Montes C, Herrera F, Madriñán S, Jaramillo C. 2017. Paleogene *Salvinia* (Salviniales) from Colombia and their paleobiogeographic implications. Review of Palaeobotany and Palynology. DOI: 10.1016/j.revpalbo.2017.06.003

Carlos Jiménez-Rivillas
Universidad de los Andes

Alejandra Rodríguez-Abaunza
Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia

EVENTOS ACADÉMICOS

XIX International Conference on Entomology

19-20 de octubre, 2017

París, Francia

<https://www.waset.org/conference/2017/10/paris/ICE>



Leptodeira sp., 2014

Armenia, Quindío

Ana M. Ospina-L

Curso de Posgrado en Análisis Filogenético

20-24 de noviembre de 2017

Tucumán, Argentina

<http://lillo.org.ar/uel/2017/09/13/curso-de-posgrado-analisis-filogenetico/>

VIII Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional

26-29 de noviembre, 2017

Posadas, Argentina

<http://ufq.unq.edu.ar/8cab2c/index.php>

XII Taller de Genética para la Conservación

14-28 de enero, 2018

Sucre, Bolivia

<http://regenec.org/taller/ene2018/>

VIII International Conference on Bioinformatics Models, Methods & Algorithms

19-21 de enero, 2018

Madeira, Portugal

<http://www.bioinformatics.biostec.org/>

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Slon V, Hopfe C, Weiβ CL, et al. 2017. Neandertal and Denisovan DNA from Pleistocene sediments. *Science*. DOI: 10.1126/science.aam9695

Los sedimentos de sitios pueden revelar la presencia pasada de especies a pesar de no contar con fósiles. Slon y colaboradores obtuvieron ADN mitocondrial antiguo de muestras de sedimentos de cuevas en Eurasia y detectaron secuencias correspondientes a homínidos neandertales y de Denísova, indicando la presencia de ambos grupos en la región. Esta aproximación abre la puerta para explorar la afiliación genética de los ocupantes pasados de los sitios arqueológicos donde no se han hallado restos fósiles.

Adhikari K, Chacón-Duque JC, Mendoza-Revilla J, Fuentes-Guajardo M, Ruiz-Linares A. 2017. Genetic diversity of the Americas. *Annual Review of Genomic and Human Genetics*. DOI: 10.1146/annurev-genom-083115-022331

La diversidad genética actual de América representa la diversidad genética mundial por el encuentro de nativos americanos, europeos y africanos. Adhikari y colaboradores revisaron la historia demográfica de la región y analizaron los factores sociales que contribuyeron a los patrones de mezcla genética actualmente observados y sus efectos, como la inequidad social, susceptibilidad a enfermedades y la dominancia de los componentes genéticos ancestrales por zonas, al igual que sus implicaciones evolutivas, antropológicas y biomédicas.

Evolución del comportamiento

Betancourth-Cundar M, Lima AP, Hödl W, Amézquita A. 2016. Decoupled evolution between senders and receivers in the Neotropical *Allobates femoralis* frog complex. *PLOS ONE*. DOI: 10.1371/journal.pone.0155929

La comunicación acústica ocurre cuando se transmite un mensaje entre emisor y receptor y se genera un cambio comportamental posterior. Las poblaciones del complejo de especies *Allobates femorallis* exhiben una amplia variación morfológica, acústica y genética, lo que permite evaluar si la variación geográfica en sus señales acústicas está relacionada con cambios geográficos en el reconocimiento macho-macho. Betancourth-Cundar y colaboradores cuantificaron el reconocimiento de llamados de machos por medio de respuestas fonotácticas utilizando playback. Análisis filogenéticos comparativos permitieron confirmar que existe evolución desacoplada entre emisores y receptores en el sistema de comunicación entre machos del complejo *A. femoralis*, donde el reconocimiento de señales parece evolucionar más lento que las emisiones de llamados.

Rojas B. 2017. Behavioural, ecological, and evolutionary aspects of diversity in frog colour patterns. *Biological Reviews*. DOI: 10.1111/brv.12269

Aunque el papel del color y los patrones de coloración en la ecología de la conducta han sido estudiados ampliamente en diferentes grupos, en anuros la mayoría de investigaciones interesadas en describir y entender los canales de comunicación han fijado su atención en las señales acústicas y no



tanto en las señales visuales. Rojas compila la información disponibles sobre cómo la coloración de los anuros está ligada a aspectos conductuales, ecológicos y evolutivos. Se resaltan tres contextos en los que la coloración ha sido estudiada recientemente: las interacciones depredador-presa, la comunicación intraespecífica y el uso de hábitat, proponiendo a los anfibios como un buen modelo biológico para examinar el rol del color en la evolución de estrategias antidepredadoras y los sistemas de comunicación.

Ecología Evolutiva

Gutiérrez-Valencia J, Chomicki G, Renner S. 2017. Recurrent breakdowns of mutualisms with ants in the Neotropical ant-plant genus *Cecropia* (Urticaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. DOI: 10.1016/j.ympev.2017.04.009

Los mutualismos pueden ser evolutivamente inestables ante cambios en la abundancia de los socios o cuando el contexto espacial de las interacciones promueve su disolución. Gutiérrez-Valencia y colaboradores estudiaron los mutualismos entre los géneros de yarumos *Cecropia* y hormigas Azteca. La reconstrucción filogenética señaló un único origen para la simbiosis especializada entre las hormigas y los yarumos, mientras que la modelización de nicho sugirió que las pérdidas de las relaciones de mutualismo están concentradas hacia las latitudes altas y las islas del Caribe, quizás debido al bajo grado de especificidad en la interacción.

Valencia-Montoya W, Tuberquia D, Guzmán PA, Cardona-Duque J. 2017. Pollination of the cycad *Zamia incognita* A. Lindstr. & Idárraga by *Pharaxonotha* beetles in the Magdalena Medio Valley, Colombia: a mutualism dependent on a specific pollinator and its

significance for conservation. *Arthropod Plant-Interactions*. DOI 10.1007/s11829-017-9511-y

Las zamias hacen parte de las cícadas, el linaje más antiguo de plantas con semilla. Valencia-Montoya y colaboradores describieron el proceso de polinización de *Zamia incognita* por escarabajos a partir de experimentos de exclusión, de dispersión de polen, registros de temperatura y observaciones sistemáticas. El mutualismo zamia-polinizador es altamente especializado, involucrando termogénesis, sincronía de los ciclos de vida y recompensas diferenciales de las plantas femeninas y masculinas. Se discute el mutualismo en un marco filogenético, los rasgos de la interacción como posibles coadaptaciones y la importancia de la polinización para la conservación de las zamias colombianas.

Evo-Devo

Nadeau NJ, Pardo-Díaz C, Whibley A, et al. 2016. The gene cortex controls mimicry and crypsis in butterflies and moths. *Nature*. DOI: 10.1038/nature17961

Las mariposas neotropicales no tóxicas del género *Heliconius* pueden mimetizar a las tóxicas como producto de la selección. Nadeau y colaboradores localizaron las variantes genéticas asociadas a la regulación de los patrones de pigmentación de las bandas en las alas de estas mariposas. El gen *cortex*, de una familia de reguladores del ciclo celular, parece ser el responsable de los patrones de pigmentación en múltiples especies de mariposas y polillas, regulando el desarrollo de las células de las escamas en diferentes estadios de su ciclo de vida. Sorprendentemente, las variantes genéticas ocurren en intrones y los productos del *splicing* alternativo podrían explicar las diferencias incluso a nivel de raza. El gen *cortex* ha



evolucionado rápidamente y muestra poca similitud con sus ortólogos en *Drosophila melanogaster*, pero se mantiene altamente conservado en cuanto a su función en lepidópteros.

Malagon JN. 2016. Dinámicas complejas en el desarrollo del primer segmento tarsal de *Drosophila melanogaster*. Acta Biológica Colombiana. DOI: 10.15446/abc.v21n3.53778

Un sistema complejo está compuesto por varias partes con diferentes grados de interacción. En sistemas biológicos, la formación de tejidos y órganos podría regirse por comportamientos complejos cuyas partes serían los grupos de células. Bajo esta premisa, Malagón utilizó como sistema los procesos celulares que ocurren durante la rotación de los peines sexuales en la mosca *Drosophila melanogaster*, encontrando que dichos procesos siguen dinámicas semejantes a las descritas en otros sistemas complejos como el triángulo de Sierpinski, donde a través de distintos procesos aleatorios se converge a un resultado similar. La investigación plantea un punto de encuentro entre la EvoDevo y las ciencias de la complejidad.

Evolución molecular

Hetherington-Rauth MC, Ramírez SR. 2016. Evolution and diversity of floral scent chemistry in the euglossine bee-pollinated orchid genus *Gongora*. Annals of Botany. DOI: 10.1093/aob/mcw072

Los machos de la tribu de abejas Euglossini almacenan las esencias florales de las orquídeas del género *Gongora*, las cuales son utilizadas después durante el cortejo; así, el polinizador es recompensado. En general, las esencias florales son una de las principales barreras reproductivas entre lineajes y se considera que pueden ser específicas entre

especies. Hetherington-Rauth y Ramírez estudiaron las esencias florales de 76 individuos de 28 especies de *Gongora*, detectando 83 compuestos volátiles diferentes, de distribución filogenética y funcional amplia, y sin especificidad taxonómica ni geográfica. La variación de las esencias fue mayor dentro de especies que entre especies, lo que señala niveles altos de diversidad crítica. Además, se observó una asociación altamente especializada entre los polinizadores y los quimiotipos de las flores.

Twyman H, Valenzuela N, Literman R, et al. 2016. Seeing red to being red: conserved genetic mechanism for red cone oil droplets and co-option for red coloration in birds and turtles. Proceedings of The Royal Society B. DOI: 10.1098/rspb.2016.1208

Los conos oculares de las aves y algunos reptiles poseen una gota de aceite detrás del pigmento visual. Dentro de los tetrápodos, sólo las tortugas y las aves los tienen rojos, posiblemente por acción de los ketocarotenoides. En aves se ha relacionado el gen CYP2J19 con la conversión de las xantofilas dietarias a ketocarotenoides, pero en tortugas aún no se conoce si cuentan con los mecanismos para esta conversión. Twyman y colaboradores encontraron que las tortugas poseen un gen ortólogo a CYP2J19 adquirido por duplicación antes de la divergencia entre tortugas y arcosaurios, pero que se perdió en los cocodrilos. Este gen inicialmente pudo cumplir un rol en la visión y coloración del plumaje en aves.

Genética evolutiva

Cridland JM, Tsuitsui ND, Ramirez SR. 2017. The complex demographic history and evolutionary origin of the western honey bee, *Apis mellifera*. Genome Biology and Evolution. DOI: 10.1093/gbe/evx009



Las abejas melíferas *Apis mellifera* son polinizadores importantes a nivel global. Sin embargo, se conoce poco sobre su evolución temprana. Se ha sugerido que se originaron en Asia o África. Cridland y colaboradores usaron genomas de *A. mellifera* para estudiar los patrones de ancestría y mezcla en poblaciones nativas de estas abejas de Europa, África y el Medio Oeste, encontrando que el origen de *A. mellifera* se sitúa en el Medio Oeste o África noroccidental. Este hallazgo permite integrar mejor las relaciones genéticas, la proximidad geográfica y el contacto secundario para producir una visión más exacta de los orígenes de *A. mellifera*. Se discute el papel del muestreo incompleto de poblaciones en el estudio de los procesos evolutivos.

Roda F, Mendes FK, Hahn MW, Hopkins R. 2017. Genomic evidence of gene flow during reinforcement in Texas *Phlox*. Molecular Ecology. DOI: 10.1111/mec.14041

El reforzamiento es el proceso por el cual el aislamiento reproductivo precigótico evoluciona en simpatría debido al costo de la hibridación. Roda y colaboradores analizaron datos genómicos para inferir el flujo entre especies cercanas y simpátricas del género de plantas *Phlox*, hallando discordancia extensiva entre las topologías de los árboles de genes y evidencia de introgresión. El flujo genético asimétrico y una selección fuerte entre estas especies puede explicar por qué el reforzamiento causa divergencia en solo una de las especies simpátricas.

Morfología y fisiología evolutiva

Outomuro D, Ángel-Giraldo P, Corral-Lopez A, Realpe E. 2016. Multitrait aposematic signal in Batesian mimicry. Evolution. DOI: 10.1111/evo.12963

La similitud entre especies comestibles y tóxicas para disminuir la depredación es una forma de mimetismo batesiano. Generalmente, el estudio de este fenómeno se ha centrado en la imitación de patrones de coloración conspicuos, aunque la imitación de comportamientos y de señales más complejas podría reforzar el mimetismo. Outomuro y colaboradores estudiaron la forma y color de las alas y el estilo de vuelo en caballitos del diablo no tóxicos de la familia Polythoridae en contraste con los mismos atributos de especies tóxicas de la tribu de mariposas Ithomiini. La reflectancia de las alas es similar en las manchas de color blanco, pero no en las manchas negras. La forma de las alas y el estilo del vuelo de las libélulas fue más similar al de mariposas que al de otras especies no miméticas. Esto indica que la selección por depredación puede moldear tanto señales locomotoras como morfológicas para reforzar la efectividad de la señal mimética en el mimetismo bayesiano.

Hadj-Moussa H, Mogridge JA, Luu BE, et al. 2016. The hibernating South American marsupial, *Dromiciops gliroides*, displays torpor-sensitive microRNA expression patterns. Scientific Reports. DOI: 10.1038/srep24627

Hibernar es un fenómeno que permite sobrevivir en ambientes hostiles gracias a la coordinación de varias funciones biológicas. A nivel molecular, la disminución del gasto energético implica priorizar el uso del ATP en funciones celulares, cuya supresión y disminución está mediada por miRNA. Hadj-Moussa y colaboradores cuantificaron los niveles de 85 ARNmi en hígado y músculo esquelético en el único mamífero suramericano que hiberna, el marsupial *Dromiciops gliroides*, observando que 35 ARNmi disminuyen su expresión y sólo cuatro la aumentan. Estos ARNmi están implicados en la expresión de

genes que permiten el hipometabolismo, evitando la atrofia de los órganos. Estos resultados dan indicios de la evolución de la hibernación en mamíferos y del rol central de los ARNmi en la regulación de las respuestas fisiológicas al estrés.

Paleontología evolutiva

Bloch JI, Woodruff ED, Wood AR, et al. 2016. First North American fossil monkey and early Miocene tropical biotic interchange. *Nature*. DOI: 10.1038/nature17415

A pesar de la diversidad de monos del Nuevo Mundo en ecosistemas tropicales modernos, su registro fósil es escaso en América Central y se desconoce su historia evolutiva temprana. Bloch y colaboradores describen siete dientes fósiles de *Panamacebus transitus*, provenientes de la formación Las Cascadas (Mioceno Temprano), Canal de Panamá. Este descubrimiento sugiere que la diversificación a nivel de familia en monos del Nuevo Mundo se produjo en los trópicos y proporciona la evidencia fósil más antigua de los mamíferos para el Gran Intercambio Biótico Americano con 21 millones de años de antigüedad.

Bacon CD, Molnar P, Antonelli A, et al. 2016. Quaternary glaciation and the Great American Biotic Interchange. *Geology*. DOI: 10.1130/G37624.1

Estudios geológicos recientes demuestran que el Istmo de Panamá emergió unos 10 millones de años antes de lo que se reportaba previamente. Durante el último glacial máximo, el clima en Panamá era más árido y se desarrollaron ambientes de sabana. Bacon y colaboradores investigaron la congruencia entre la migración intercontinental de los mamíferos y el cambio climático a través del análisis de datos fósiles y filogenias

moleculares. La evidencia fósile y molecular sugiere que los eventos de migración de los mamíferos durante el Gran Intercambio Biótico Americano iniciaron como consecuencia de los cambios climáticos de la primera glaciación del Cuaternario.

Sistemática y filogenética

Rojas D, Warsi OM, Dávalos LM. 2016. Bats (Chiroptera: Noctilionoidea) challenge a recent origin of extant Neotropical diversity. *Systematic Biology*. DOI: 10.1093/sysbio/syw011

Las especies neotropicales de la superfamilia Noctilionoidea representan cerca del 20% de la riqueza mundial de murciélagos. Rojas y colaboradores infirieron las relaciones filogenéticas de esta superfamilia, presentando información detallada sobre la historia evolutiva de dicho clado. Sus análisis biogeográficos mostraron que la dispersión ha sido al menos cinco veces más importante que los eventos de vicarianza en la conformación de la historia evolutiva de este grupo.

Avendaño JE, Barker FK, Cadena CD. 2016. The Yellow-green Bush-tanager is neither a bush-tanager nor a sparrow: molecular phylogenetics reveals that *Chlorospingus flavovirens* is a tanager (Aves: Passeriformes; Thraupidae). *Zootaxa*. DOI: 10.11646/zootaxa.4136.2.7

A partir del análisis de tres genes mitocondriales, Avendaño y colaboradores presentaron una nueva hipótesis sobre las relaciones filogenéticas de aves del género *Chlorospingus* (familia Emberizidae), mostrando que es parafilético debido a que una de las especies presentes en Colombia (*Chlorospingus flavovirens*) está más cercanamente emparentada con representantes del género *Bangsia* (familia



Thraupidae). Las asignaciones previas de *C. flavovirens* en otras familias se deben a similitudes morfológicas. Este caso representa un ejemplo de convergencia en plumaje, morfología y comportamiento entre linajes de diferentes familias.

Teoría evolutiva

Velásquez D, Mejía JA. 2016. Hacia una epistemología evolutiva extendida: la retroalimentación entre variación y selección. *Acta Biológica Colombiana*. DOI: 10.15446/abc.v21n3.55630

Velásquez y Mejía abordan la naturalización del conocimiento científico para caracterizar y describir la evolución del conocimiento con nociones de la biología, buscando probar si la evolución del conocimiento científico es similar a la evolución orgánica. Se ofrece una descripción del estado de la epistemología evolutiva, señalando por qué la síntesis evolutiva moderna no es suficiente para fundamentar la epistemología evolutiva y finaliza proponiendo que es pertinente una modificación que puede describirse como epistemología evolutiva extendida.

Alejandra Rodríguez-Abaunza, 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, Diego Londoño Correa
Universidad de Antioquia

Valeria Ramírez
Universidad de los Andes

Héctor E. Ramírez-Chaves
Universidad de Caldas



Espadaranina prosoblepon, 2015
Armenia, Quindío
Sebastián Vera

NODOS

Hernán A. Burbano

Max Planck Institute for Developmental Biology

En los últimos años he recibido con entusiasmo las entregas del Boletín Colombiano de Biología Evolutiva. En este número quiero compartir con los lectores algunos de los aspectos que son de mi interés y en los cuales trabajamos en mi grupo de investigación *Ancient Genomics and Evolution*, en el Instituto Max Planck de Biología del Desarrollo, en Tübingen, Alemania.

Los estudios en genética evolutiva, que son en esencia históricos, buscan inferir el pasado a partir de la variación genética que existe en la actualidad. Aunque gracias a los experimentos de evolución experimental es posible monitorear poblaciones en tiempo real y, en consecuencia, introducir una flecha del tiempo, estos estudios están limitados a organismos con tiempos de generación cortos, como bacterias y levaduras. La otra alternativa para introducir una dimensión temporal directa en los estudios evolutivos es la extracción de ADN de muestras históricas de hace miles o cientos de miles de años, la cual ha sufrido una revolución en los últimos diez años con los desarrollos de la secuenciación de alto rendimiento. De este modo, ha sido posible caracterizar genéticamente organismos que vivieron hace cientos y miles de años, incluso organismos extintos, y algunas veces, hasta obtener genomas completos de calidad comparable a los provenientes de muestras del presente. De este modo, es posible monitorear cambios en frecuencias alélicas a través del tiempo y calibrar tasas de evolución mediante la comparación entre genomas modernos e históricos.



En Tübingen, uso muestras del presente e históricas para entender la evolución de plantas, sus patógenos y su microbioma. Las muestras históricas provienen de herbarios o de hallazgos arqueológicos. En la parte técnica desarrollamos protocolos de laboratorio y herramientas bioinformáticas que permiten extraer, secuenciar, autenticar y analizar ADN antiguo, ya que normalmente está muy fragmentado y acumula modificaciones químicas a través del tiempo. En el grupo nos centramos principalmente en tres líneas de investigación biológica.

La primer línea busca estudiar la evolución de las plantas y los patógenos en sistemas de producción agrícola, donde existe una clara presión selectiva para el patógeno por parte de las prácticas de mejoramiento genético y uso de pesticidas. Investigamos, principalmente, el repertorio de genes importantes para la infección y los patrones de variación genética y de estructura genómica en el espacio y tiempo del oomiceto *Phytophthora infestans*, el cual desató la gran hambruna irlandesa en el siglo XIX.

La segunda línea se centra en el seguimiento a través del tiempo de especies invasoras. Las poblaciones de estas especies suelen presentar una estructura genética menos compleja que

en su ámbito nativo, lo cual facilita la inferencia evolutiva. En este contexto, hemos analizado la colonización de Norteamérica por parte de la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. En este estudio calculamos también las tasas de sustitución a largo plazo y realizamos inferencias de las fuerzas evolutivas que han moldeado la variación genética en estos colonizadores recientes.

La tercer línea aborda la domesticación y posterior mejoramiento de plantas, para lo cual usamos muestras arqueológicas de maíz. Gracias a la obtención de genomas completos de individuos de hace miles de años, la gran diversidad de muestras de maíz actuales secuenciadas y del uso de herramientas de genética evolutiva y cuantitativa, podemos predecir fenotipos complejos en muestras arqueológicas. Recientemente, realizamos predicciones del tiempo de floración en muestras arqueológicas de maíz en Norteamérica para evaluar la adaptación del maíz, originario de zonas tropicales, a las zonas temperadas.

Si alguna de las áreas de investigación descritas aquí es de su interés, no duden en contactarme.

Página web: <http://phd.eb.tuebingen.mpg.de/edge-track/burbano-lab.html>

Artículos recientes

Swarts K, Gutaker RM, Benz B, et al. 2017. Genomic estimation of complex traits reveals ancient maize adaptation to temperate North America. *Science*. DOI: 10.1126/science.aam9425

Gutaker RM, Reiter E, Furtwangler A, Schuenemann VJ, Burbano HA. 2017. Extraction of ultrashort DNA molecules from herbarium specimens. *Biotechniques*. DOI: 10.2144/000114517

Exposito-Alonso M, Becker C, Schuenemann VJ, et al. 2016. The rate and effect of de novo mutations in *Arabidopsis thaliana* natural populations. *BioRxiv*. DOI: <http://dx.doi.org/10.1101/050203>

Weiss CL, Schuenemann VJ, Devos J, et al. 2016. Temporal patterns of damage and decay kinetics of DNA retrieved from plant herbarium specimens. *Royal Society Open Science*. DOI: 10.1098/rsos.160239

Weiss CL, Dannemann M, Prüfer K, Burbano HA. 2015. Contesting the presence of wheat in the British Isles 8,000 years ago by assessing ancient DNA authenticity from low-coverage data. *eLIFE*. DOI: 10.7554/eLife.10005

Yoshida K, Burbano HA, Krause J, et al. 2014. Mining herbaria for plant pathogen genomes: back to the future. *PLOS Pathogens*. DOI: 10.1371/journal.ppat.1004028

Yoshida K, Schuenemann VJ, Cano LM, et al. 2013. The rise and fall of the *Phytophthora infestans* lineage that triggered the Irish potato famine. *eLIFE*. DOI: 10.7554/eLife.00731

Phytolacca rivinoides, 2016
Gachalá, Cundinamarca
Julio Andres Sierra Giraldo

MESAS DE TRABAJO REGIONAL

Antioquia

Contacto: colevol.antioquia@gmail.com – Héctor Manuel Arango



Continuamos ofreciendo los encuentros semanales del Grupo de Estudio de Biología Evolutiva los jueves a las 6:30 pm en el Planetario de Medellín. Este año discutimos las diferentes fuerzas evolutivas como antesala del I Encuentro de Enseñanza y Didáctica de la Biología Evolutiva en Colombia, realizado el 6 y 7 de julio en el Parque Explora con el apoyo de la *European Society for Evolutionary Biology*, *Society for the study of Evolution* e Instituto Humboldt. En este encuentro discutimos los retos y oportunidades de la enseñanza de la biología evolutiva en Colombia con nuestros invitados: Mauricio Ramírez, diseñador y divulgador científico del Instituto Humboldt; Andrés Ruiz, divulgador del Parque Explora; y Gonzalo Peñaloza y Luis Ramírez, funcionarios del Planetario de Bogotá. Cada uno de ellos compartió sus experiencias y saberes en la enseñanza de las ciencias, proponiendo la didáctica del juego como un método útil y de alta recordación. También, durante este encuentro lanzamos un juego que desarrollamos para enseñar las fuerzas evolutivas, el cual fue distribuido gratuitamente entre todas las MTRs del país.



Bogotá

Contacto: colevol.bta@gmail.com – Fabián Salgado-Roa

Pretendemos ofrecer a la comunidad bogotana los beneficios de contar con la mayor cantidad de programas universitarios de biología en el país, compartiendo las visiones diversas de sus investigadores y estudiantes sobre un espectro amplio de temas de biología evolutiva. Próximamente ofreceremos espacios de discusión en el Plantario de Bogotá y diferentes cafés y librerías de la ciudad. Los invitamos a estar atentos a nuestras invitaciones por las redes sociales de COLEVOL.

Boyacá

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



La MTR Boyacá, grupo de estudio en Biología Evolutiva y Epistemológica BIEVEP de la UPTC, se reúne semanalmente para discutir conceptos, investigaciones y aplicaciones de la teoría evolutiva. En la segunda versión del Simposio Nacional de Evolución Ecológica y Medio Ambiente, enmarcado en la XX Jornada de la Investigación de la UPTC, discutimos el concepto de adaptación y construcción de

nichos con Gustavo Caponi; darwinismo cuántico con Eugenio Andrade; distribución, migración e invasión de gramíneas con Diego Giraldo; estructura genética de la población colombiana con Humberto Ossa; el origen y fauna temprana de mamíferos en Sudamerica con Guillermo Rougier; detalles de las mariposas Ithomiini con Carlos Giraldo; estabilidad en ecosistemas acuáticos y su significado evolutivo con Nelson Aranguren; diversificación de historias de vida de aves con Gustavo Londoño; evolución e innovación para la sostenibilidad con Juan Pablo González; y adaptación biológica a nivel molecular con Andrew Crawford. Invitamos a toda la comunidad para que nos acompañe en las actividades que realizamos y a estudiantes e investigadores de la región para que hagan parte de nuestro grupo.

Día de Darwin. También realizamos talleres para familiarizarnos con herramientas bioinformáticas para estudios evolutivos de la mano de investigadoras del Centro de Bioinformática y Biología Computacional (BIOS). En nuestras reuniones hemos discutido algunos capítulos del libro "La sexta extinción" de Elizabeth Kolbert y otros temas definidos al inicio del semestre, como el nuevo árbol de la vida y el concepto de especie. Planeamos desarrollar un diagnóstico sobre enseñanza de la biología evolutiva en los colegios de Manizales y celebrar el Día de Wallace en noviembre. Nuestra principal labor es integrar a la comunidad en un espacio de discusión crítica que permita el aprendizaje y la comprensión de la biología evolutiva. Todos están invitados a ser parte de nuestra mesa, no duden en contactarnos para estar al tanto de nuestros nuevos horarios y sitios de reunión.

Caldas

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



En noviembre del 2016 realizamos la III Jornada de Biología Evolutiva en la Universidad de Caldas, en la cual se abarcaron temas tan diversos como adaptaciones de los huevos de aves en gradientes altitudinales, filogeografía de arañas y metagenómica de hongos del suelo. Recientemente se integraron a la mesa estudiantes de la Universidad de Santa Rosa de Cabal (UNISARC) con quienes celebramos el

Cauca

Contacto: colevol.cauca@gmail.com – Karen A. Meneses-Córdoba



Estamos desarrollando un proyecto para evaluar el estado actual y conservación de la ranita endémica y amenazada *Atelopus eusebianus* en Tororó y el PNN Puracé, financiado por la Stiftung Artenschutz y el Amphibian Conservation Fund. Para determinar la presencia del hongo quítrido, recolectamos muestras de ADN ambiental y

frotis cutáneos. A través de análisis morfológicos y de códigos de barras de ADN, hemos detectado otras especies endémicas asociadas al hábitat de *A. eusebianus*, tales como *Hyloxalus pinguis* y *Pristimantis leptolophus*. Estas especies están amenazadas por la presencia de la trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), el uso intensivo de agroquímicos y la expansión de la frontera agropecuaria. Invitamos a toda la comunidad del Cauca a unirse a nuestra mesa y participar en iniciativas como esta.

Quindío

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



La MTR Quindío, con el apoyo del Programa de Biología de la Universidad del Quindío, ofreció un curso de profundización en genética de poblaciones durante el primer semestre de 2017, donde se realizaron trabajos de aula, algunos de los cuales se presentaron en el VI Simposio de Colombiano de Biología Evolutiva en Cali. También promovimos la participación masiva de estudiantes de la Universidad del Quindío en este evento para estimularlos a realizar sus investigaciones en alguna de las áreas de la biología evolutiva.

Espadarana prosoblepon, 2015
Armenia, Quindío
Sebastián Vera

Santander

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

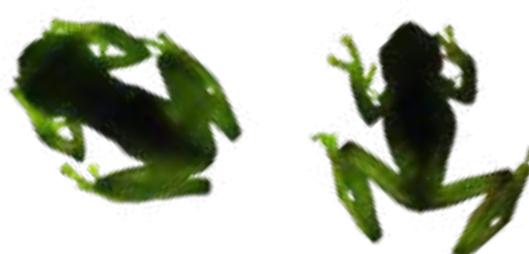
Invitamos a toda la comunidad académica a unirse y fortalecer la red de cooperación santandereana de estudios en evolución a través de la participación en nuestra mesa. Ofreceremos reuniones mensuales para discutir artículos académicos sobre biología evolutiva y celebraremos el Día de Owen, Darwin y Wallace.

Sucre

Contacto: colevol.sucre@gmail.com – Humberto Quintana



Estamos interesados diagnosticar el estado del conocimiento de la biología evolutiva en Sucre y promover su enseñanza entre estudiantes de bachillerato. Para ello, iniciamos una serie de charlas divulgativas en la Institución Educativa Mariscal Sucre (Sampués), discutiendo en un ambiente de respeto. Invitamos a toda la comunidad de Sucre a acompañarnos en estas actividades.



Tolima

Contacto: colevoltolima@gmail.com – Mariana Cortés



Durante este semestre hemos realizado reuniones semanales en donde discutimos artículos científicos y capítulos de libros sobre temas como análisis filogenético, evolución del comportamiento, bioacustica y ecología evolutiva. También realizamos talleres sobre el uso de herramientas para el análisis de datos estadísticos y geográficos en R. En marzo organizamos el IV Ciclo de Conferencias de Biología Evolutiva con la compañía de los investigadores David Ocampo, Paola Montoya, Johana Goyes Vallejos, Oscar Laverde, Santiago David Rivera y Simón Quintero, quienes presentaron los resultados de sus trabajos en diferentes campos de la biología evolutiva. Los invitamos a ser parte de nuestras actividades.



Valle del Cauca

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



Estamos comprometidos con el aporte académico y social que COLEVOL está haciendo a Colombia, por lo que organizamos del VI Simposio Colombiano de Biología Evolutiva con la participación de Liliana M. Dávalos, Rosemary Gillespie, Chris D. Jiggins, Natalia Pabón-Mora, Liam J. Revell y John J. Wiens como invitados magistrales. Además, el profesor Liam J. Revell dictó el curso teórico-práctico introductorio a los métodos comparativos filogenéticos en R. Para esta actividad contamos con el apoyo de la Society for Molecular Biology and Evolution, American Genetic Association, American Society of Naturalists, Society for the Study of Evolution, Corpocica y Universidad del Valle. También, durante este tiempo hemos trabajado en las bases legales de la asociación con el fin de contribuir a sus objetivos misionales. Cada dos semanas nos reunimos para discutir artículos científicos o interactuar con investigadores invitados. Te invitamos a participar en nuestras actividades.

AVISOS COLEVOL

Premio Francisco José de Caldas

Yesenia Madrigal (Universidad de Antioquia) fue la primera ganadora del Premio Francisco José de Caldas a una tesis destacada en biología evolutiva de estudiantes de pregrado de Colombia, otorgado por la Asociación Colombiana de Biología Evolutiva – COLEVOL. Como parte del premio, Yesenia presentó su trabajo sobre evolución de genes del desarrollo de plantas en la reunión *Evolution 2017* en Portland, USA, gracias al apoyo de la *Society for the Study of Evolution*.



camBio: caja de herramientas de la evolución

La enseñanza de la biología evolutiva es fundamental para valorar y proteger los procesos que producen la biodiversidad. A pesar de habitar uno de los lugares más biodiversos del mundo, los colombianos no cuentan con recursos para enseñar conceptos de biología evolutiva exaltando la biodiversidad autóctona. Por esto, COLEVOL, con el apoyo de la European Society for Evolutionary Biology, Society for the study of Evolution e Instituto Humboldt, desarrolló una herramienta para enseñar las fuerzas evolutivas a la comunidad hispanohablante a través de juegos de simulación de fenómenos naturales con especies y ecosistemas neotropicales.



¡Descarga gratuita!

<http://repository.humboldt.org.co/handle/20.500.11761/32591>

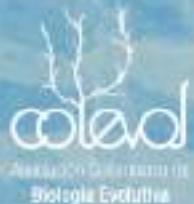


camBio

Caja de herramientas de la evolución



CONEXIÓN
vital.



eSb

SSE
SOCIETY FOR SYSTEMATIC EVOLUTION