

BOLETÍN COLOMBIANO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EDITORES

Henry Arenas-Castro

Juan Pablo Narváez-Gómez

Kevin Jiménez-Lara

University of Queensland Universidade de São Paulo Universidad Nacional de La Plata

COMITÉ CIENTÍFICO

Alejandra Vasco

Alejandro Berrío

Ana L. Caicedo

Andrés L. Cárdenas-Rozo

Andrés J. Cortés Andrew J. Crawford

Bibiana Rojas

Camilo Salazar Clavijo

Carlos F. Arias Mejía

Carlos Daniel Cadena

Carlos E. Guarnizo

Carlos A. Machado

Carlos A. Navas

Carolina Pardo-Díaz

Catalina Pimiento

Daniel R. Matute

Daniel Rafael Miranda-Esquivel

Daniel Ortiz-Barrientos

Federico D. Brown

Felipe Zapata

Fernando Díaz

Gustavo A. Bravo

Héctor E. Ramírez-Chaves

Hernán Burbano

Iván Darío Soto-Calderón

Ivania Cerón Souza

Javier Alejandro Maldonado-Ocampo

Jeffrey Wilson Mantilla

José Tavera

Juan C. Chacón-Duque

Juan Diego Gaitán-Espitia

Juan M. Daza

Juan Nicolás Malagón

Juan Sebastián Escobar

Julián Aguirre-Santoro

Botanical Research Institute of Texas

Duke University

University of Massachusetts Amherst

Universidad EAFIT

Göteborgs Universitet

Universidad de los Andes

University of Jyväskylä

Universidad del Rosario

Smithsonian Tropical Research Institute

Universidad de los Andes

Universidad de los Andes

University of Maryland

Universidade de São Paulo

Universidad del Rosario

Museum für Naturkunde Berlin

University of North Carolina, Chapel Hill

Universidad Industrial de Santander

University of Queensland

Universidade de São Paulo

University of California, Los Angeles

University of Arizona

Harvard University

Universidad de Caldas

Max Planck Institute for Developmental Biology

Universidad de Antioquia

CORPOICA

Pontificia Universidad Javeriana

University of Michigan

Universidad del Valle

University College London

University of Hong Kong

Universidad de Antioquia

University of Toronto

Centro de Investigación Vidarium

Universidad Nacional de Colombia

Mailyn A. Gonzalez Instituto Humboldt

Margarita M. López-Uribe Pennsylvania State University María Ángela Echeverry-Galvis Pontificia Universidad Javeriana

María del Rosario Castañeda Universidad del Valle

Maryam Chaib De Mares Rijksuniversiteit Groningen Mauricio Rivera-Correa Universidad de Antioquia Mónica Medina Pennsylvania State University Natalia Pabón Mora Universidad de Antioquia Natasha I. Bloch University College London

Rafael F. Guerrero Indiana University Raul Sedano Universidad del Valle Ricardo Mallarino University of Princeton Santiago Herrera Lehigh University

University of California, Davis Santiago Ramírez

Sergio A. Muñoz-Gómez Dalhousie University Simón Uribe-Convers University of Michigan

Tatiana Arias Corporación para Investigaciones Biológicas

Víctor Hugo García Merchan Universidad del Quindío Y. Franchesco Molina Henao Harvard University

EDICIÓN GRÁFICA

Andrea Marique-Rincón Universidade Estadual de Campinas

ASOCIACIÓN COLOMBIANA DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA JUNTA DIRECTIVA 2016-2018

Presidente José Tavera Universidad del Valle Secretario Henry Arenas-Castro University of Queensland Tesorera María del Rosario Castañeda Universidad del Valle Vocales Carlos Jiménez-Rivillas Universidad de los Andes Diego A. Hernández Universidad del Valle

Universidad de los Andes Fabián Salgado-Roa Héctor E. Ramírez-Chaves Universidad de Caldas Liliana Sonalo Flórez Universidad de Sucre María Camila Jaramillo Universidad de Caldas Miguel González Universidad de Cartagena Víctor Hugo García Merchan Universidad del Quindío Wendy A. Valencia-Montoya Rijksuniversiteit Groningen

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Viviana Delgado

Colombia

Portada: Copaxa sapatoza

Erika Torres, 2017 Lápices de colores



CONTENIDO

EDITORIAL NACIONAL	6
Asociación Colombiana de Biología Evolutiva	
Jose Tavera	
EDITORIAL INTERNACIONAL	7
Conservation challenges in the new Colombia	
Chris Jiggins	
RECONOCIMIENTOS	9
Elkin Alexi Noguera Urbano	
Camilo H. Parada Rojas	
Nicolás Peláez Restrepo	
Lina Quesada Ocampo	
Pablo Palacios Rodríguez	
INVESTIGAR EN COLOMBIA	11
Sobre la exploración biológica en Colombia	
Dino Jesús Tuberquia Muñoz	
DESARROLLOS COMPUTACIONALES	13
TreeSimGM	
Shiny	
COMENTARIO CIENTÍFICO	14
Hacia un estudio integral del papel de los patrones de coloración en	
las interacciones entre depredadores y presas	
Bibiana Rojas	
CIENCIA CRIOLLA	16
Preadaptaciones en la evolución de las sociedades de insectos	
Andrés E. Quiñones Paredes	
Evolución del tamaño de puesta en víctimas de aves parásitas de nido	
Iliana Medina	
INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN	19
¿Evolución de las áreas?	
Amparo Echeverry G	



BIODIVERSIDAD	20
Ranita de cristal de los Andes colombianos	
Pez del Cretácico de Colombia	
EVENTOS ACADÉMICOS	22
ARTÍCULOS RECOMENDADOS	23
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	28
lavier Aleiandro Maldonado-Ocampo	



Zonotrichia capensisNatalia Uribe, 2017

Acuarela



EDITORIAL NACIONAL

Asociación Colombiana de Biología Evolutiva

Jose Tavera

Universidad del Valle

Con la intención de ser un espacio abierto de discusión, actualización e intercambio de ideas en el área de biología evolutiva, la Red Colombiana de Biología Evolutiva - COLEVOL nació en el 2004 con el impulso de Cristina Lopez-Gallego, Daniel Ortiz-Barrientos y Margarita Ramos-Womack. Posteriormente, en el 2008 se realizó el primer simposio de la red en Bogotá con la participación de Peter y Rosemary Grant. Después de dos exitosos simposios, en el 2013 se crearon las mesas de trabajo regional dirigidas por estudiantes, quienes se reúnen y organizan sus propias activadas en torno a la biología evolutiva. Actualmente, se encuentran activas 11 mesas regionales. También, en el 2013 se lanzó el Boletín Colombiano de Biología Evolutiva, cuyo contenido en línea es de libre acceso e incluye artículos divulgativos cortos, noticias de reconocimientos y desarrollos computacionales, artículos recomendados, entre otros. Con ese mismo espíritu de colaboración e intercambio científico, se han organizado varios cursos y talleres de evolución en diferentes áreas de la biología evolutiva, dictados por instructores de la más alta calidad.

Todo este crecimiento e impulso de la red llevó a que en el 2017 se tomara la decisión de consolidarnos formalmente como la Asociación Colombiana de Biología Evolutiva – COLEVOL. Uno de los grandes beneficios de este paso es la posibilidad de acceder a mejores oportunidades para la financiación de las actividades de COLEVOL. En la actualidad, esta asociación sin ánimo de lucro continúa la

misión original de la red: impulsar la discusión, actualización e intercambio de ideas alrededor de la biología evolutiva en Colombia. Adicionalmente, la asociación busca incentivar aún más la investigación en biología evolutiva a través de becas de asistencia a sus simposios y escuelas de evolución, becas de investigación para tesis de pregrado y maestría y el premio "José Francisco de Caldas" a una tesis de pregrado destacada en cualquier área relacionada con la biología evolutiva desarrollada en el país.

Para mí es un honor y un privilegio ser el primer presidente de esta asociación. Esta breve reseña sin duda se queda corta para exaltar una gran idea que ha crecido gracias al esfuerzo de muchas personas que a través de su calidad humana e investigativa han hecho de ella una realidad. Entre esas personas quiero agradecer de manera muy especial a mis colegas Henry Arenas, María del Rosario Castañeda, Diego Hernández, Yherson Molina y Cristian Román, quienes han puesto todo su empeño en la creación de la Asociación, además de la organización y desarrollo del VI Simposio de Biología Evolutiva que se llevó a cabo en la Universidad del Valle, Cali, durante agosto de 2017. Finalmente, quiero recalcar que la solidez de COLEVOL depende del ambiente de comunicación abierta y respeto entre sus participantes. Espero que manteniendo este comportamiento colaborativo, la asociación siga su crecimiento fiel a la idea de mantener este espacio abierto, ecuánime y con la participación estudiantil que tanto se necesita.



EDITORIAL INTERNACIONAL

Conservation challenges in the new Colombia

Chris Jiggins y @mel_rosina

University of Cambridge

Looking across the Atlantic from the political chaos of Brexit Britain, Colombia seems a rare beacon of light. The signing of the Colombian peace agreement was one of the few political good news stories of 2016, despite referendum-related hiccups along the way. In early 2017, I managed to take advantage of these political changes to visit the Putumayo, and specifically the mountains above Mocoa, an area that would not have been accessible before the peace agreement. We flew to Villa Garzón, and stayed in Mocoa, travelling around the region in a splendid red bus hired for the trip. Along with my collaborators Mauricio Linares, Carolina Pardo, and Camilo Salazar, we were very excited to discover healthy populations of the butterfly Heliconius timareta tristero, a species originally described in 1996 but only collected perhaps once since then. These were abundant in multiple locations in the mountains around Mocoa, but so similar phenotypically to their close relative, Heliconius melpomene bellula that we are still not completely sure whether there are reliable morphological characters to distinguish the two species. We have already obtained whole genome sequences for these individuals and will be analyzing their adaptations to living at altitude in the Andes. We also collected chemical samples from their wings and genitalia and will be analyzing their composition to understand better their use of pheromones in sexual selection and species recognition. Peace in Colombia is already

helping us to study and document the amazing biodiversity of this beautiful country.

However, along with many Colombian biologists, I am both excited and concerned about the implications for biodiversity of these political changes. Peace obviously brings greater access for biologists, but also for colonists, mining companies and all the other myriad threats to the forest. In addition, there are thousands of displaced people looking for new homes and eyeing up tracts of countryside previously abandoned during the conflict. In particular, we have been looking at the vast corridor of forest that connects the Andes to the Amazon in eastern Colombia, from Sierra de la Macarena across to the Serranía de Chiribiquete, which we are calling the 'Biodiversity Bridge'. There is still an almost continuous stretch of forest connecting the Andes to the Amazon across this region, but it is on a knife-edge - about to be sliced through by colonization and deforestation. As evolutionary biologists, we are acutely aware of the importance of gene flow among populations in maintaining genetic diversity and in the viability and evolutionary resilience of species - especially important in an era of climate change and unprecedented human intervention. In addition, historical analyses of many plants and animals have demonstrated the importance of movement between the Andes and the Amazon in the origins of neotropical biodiversity. The picture is complicated - some groups tend to speciate in



the Andes and subsequently colonise the Amazon, others show the reverse pattern, or some mixture of the two. Whatever the pattern however, breaking this link between these two biogeographic regions would stop this process of connectivity and movement that has played such an important role during the evolutionary history of the region.

This is therefore a critical moment for the Colombian Amazon, and for the evolutionary

heritage of our planet. There are new opportunities afforded by the peace process, but also threats. As a community of evolutionary biologists, we can play an important role in highlighting these threats and their biological importance, as well as working to develop solutions. At the end of the day we all want to see a prosperous, peaceful, stable and mega-biodiverse Colombia!



RECONOCIMIENTOS

Elkin Alexi Noguera Urbano

Universidad Nacional Autónoma de México



Elkin A. Noguera-Urbano fue galardonado con el premio Taylor & Francis 2016 de la revista Systematics and Biodiversity por la originalidad de su trabajo titulado Areas of endemism: travelling through space and the unexplored dimension, el cual contribuye al desarrollo de modelos conceptuales de áreas de endemismo.

Camilo H. Parada Rojas

North Carolina State University

El trabajo de Camilo H. Parada-Rojas sobre la biología poblacional de *Phytophthora capsici*, agente fitopatógeno que afecta diversas especies de interés comercial, fue reconocido como el segundo mejor trabajo doctoral presentado en la 56th *National Sweet Potato Convention* 2017.



Nicolás Peláez Restrepo

California Institute of Technology



Nicolás Peláez fue uno de los ganadores de la beca Hanna H. Gray 2017 del *Howard Hughes Medical Institute* por su trayectoria estudiando los mecanismos de señalización que controlan la especialización celular embrionaria.

Foto: Chicago Biomedical Consortium



Lina Quesada Ocampo

North Carolina State University

La American Phytopathological Society otorgó el premio Hewitt 2017 a la fitopatóloga Lina Quesada-Ocampo por su contribución al manejo de enfermedades en cultivos de curcubitáceas y camote integrando herramientas genómicas y moleculares.



Pablo Palacios Rodríguez

Universidad de los Andes



Pablo Palacios Rodríguez fue reconocido por El Espectador y la Fundación Color como uno de los Afrocolombianos del Año 2017 por su trayectoria investigando los patrones de coloración de ranas, la incidencia y distribución del hongo quítrido y el descubrimiento de una nueva especie de rana colombiana: Andinobates victimatus.

Foto: GECOH - Universidad de los Andes.

Diana Lucía Buitrag Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sur



Anthurium antioquensis Openie proposobní p Lápices de colores



INVESTIGAR EN COLOMBIA

Sobre la exploración biológica en Colombia

Dino Jesús Tuberquia Muñoz

Universidad CES

Explorar diversos ecosistemas con enormes vacíos de información biológica en nuestro país, y que hasta hace poco eran vedados para los investigadores a raíz del conflicto armado, es en el momento una de las grandes apuestas del gobierno colombiano, de la cual han hecho eco numerosas instituciones académicas y toda una corriente de estudiosos y defensores de la biodiversidad existente en Colombia, que han identificado en el denominado "escenario de posconflicto" una coyuntura favorable para este propósito.

Un ejemplo son las denominadas expediciones Colombia BIO, iniciativa gubernamental que desde 2016 y hasta 2018 viene articulando la labor conjunta de casi 100 instituciones, con más de 800 investigadores nacionales y extranjeros para realizar 20 expediciones científicas a diferentes zonas inexploradas y áreas de posconflicto. Empresas como esta son solo comparables con aquella gesta que dio inicio a la ciencia en Colombia en 1783, conocida como la Real Expedición Científica del Nuevo Reino de Granada. Luego de más de dos siglos, la exploración biológica de Colombia aún se considera tarea inconclusa.

Sobre la relevancia de continuar con el inventario biológico de nuestro país, me permito invitar a la reflexión sobre dos aspectos implicados en el tema.

El primero tiene que ver con el papel que debería representar nuestra condición de país megadiverso como eje estructurante de un modelo de desarrollo social y ambientalmente sostenible, justo y equitativo, conocedor y respetuoso del patrimonio natural y cultural y, además, concordante con los procesos históricos, geológicos y evolutivos que hacen de Colombia un país único en el orbe. ¿Es Colombia un país pensado desde su diversidad biológica? ¿Existe una estrategia clara que apunte a convertirlo en referente de desarrollo sostenible a partir de un adecuado manejo y aprovechamiento de su biodiversidad? Y en el escenario de posconflicto, ¿existe una política que privilegie tanto la conservación de la biodiversidad ante potenciales nuevas amenazas, como su incorporación en propuestas ambiental y técnicamente sostenibles que favorezcan el desarrollo local, el bienestar social y la sana convivencia en esta nueva perspectiva de nación?

En un segundo punto de reflexión, me pregunto: ¿qué impacto debería tener cada nuevo descubrimiento producto de estas exploraciones en la sociedad colombiana? A escala individual, ¿cómo nos transforma el sabernos habitantes de una región privilegiada por el exquisito cincel de la evolución? ¿Podremos reconocernos algún día como una cultura de la biodiversidad?

Son preguntas abiertas en cuyas respuestas estamos fuertemente comprometidos quienes creemos comprender cómo actúan los procesos de evolución orgánica e inorgánica en



la modelación de la biodiversidad. El momento nos exige ir más allá del boom mediático de

los hallazgos. No se trata solo de posicionarnos en el top de los más megadiversos; se trata más bien de crear una identidad de país, un sentir colectivo construido a partir del privilegio de habitar este rincón del mundo, donde se conectaron dos continentes, se elevaron cordilleras, se desecaron mares y se generaron grandes bioregiones en las cuales afloran múltiples expresiones de vida; este es el reto de comprender el sentido de explorar un país megadiverso.



DESARROLLOS COMPUTACIONALES

TreeSimGM

Estudiar procesos macroevolutivos, tales como tasas de especiación y extinción, requiere frecuentemente la utilización de simulaciones para comparar los resultados observados y esperados bajo un marco estadístico. TreeSimGM es un paquete de R para simular árboles filogenéticos bajo una gran variedad de modelos, incluyendo el modelo Yule, modelo de especiación-extinción constante, modelos con cambios de tasa específica por clado, entre otros. El paquete es lo suficientemente versátil para permitir al usuario especificar las distribuciones de probabilidad para un evento de especiación o extinción y especificar diferentes modelos para diferentes porciones del árbol.

Hagen O, Stadler T. 2017. TreeSimGM: simulating phylogenetic trees under general Bellman-Harris models with lineage-specific shifts of speciation and extinction in R. Methods in Ecology and Evolution. DOI: 10.1111/2041-210X.12917

Shiny

Recientemente, Silas Tittes y Scott Taylor desarrollaron un paquete llamado Shiny para construir aplicaciones web interactivas. La mayor ventaja de estas aplicaciones es que funcionan en la plataforma R sin la necesidad de programar directamente. Aprovechando las bondades de Shiny, se creó un repositorio con aplicaciones enfocadas en diferentes temas estudiados en cursos de pregrado de genética de poblaciones, tales como coalescencia, deriva genética, genética cuantitativa, estructura poblacional y selección. Dentro del repositorio, cada aplicación tiene una pequeña explicación de qué es, así como un tutorial para correr las aplicaciones desde RStudio.

https://github.com/silastittes/shiny_popge

Leidy Viviana Romero Universidad Industrial de Santander

> Santiago Herrera Universidad de los Andes



Fulgoridae Natalia Uribe, 2009 Puntillismo



COMENTARIO CIENTÍFICO

Hacia un estudio integral del papel de los patrones de coloración en las interacciones entre depredadores y presas

Bibiana Rojas

@biobiiana

University of Jyväskylä

Como seres visuales, cada día notamos la gran cantidad de colores que hay a nuestro alrededor como una de las muchas manifestaciones de la diversidad de la naturaleza. Esto sucede porque, además de su belleza, como ya lo decía Alfred Russell Wallace en 1877, "...[los colores] tienen un propósito en la naturaleza... y tienen muchos secretos que revelarnos". Hoy sabemos que los colores tienen un efecto importantísimo sobre el éxito reproductivo de los seres vivos dada su función adaptativa. Además de su labor fisiológica, como la termorregulación, los colores desempeñan un papel central en la comunicación intraespecífica, ya sea como señales de estatus en contextos agonísticos o como señales para atraer pareja. Asimismo, siendo la depredación una de las fuerzas selectivas más poderosas, no es extraño que también esté involucrada estrechamente en la evolución de la coloración animal en un contexto interespecífico, como en las interacciones entre depredadores y presas.

La mayoría de los animales tienen una coloración que les impide ser detectados o reconocidos como presas, una estrategia que, en términos muy generales, se conoce como camuflaje (Nokelainen & Stevens 2016). Otros, generalmente protegidos de alguna manera, ya sea química (e.g. toxinas) o morfológica (e.g. espinas), suelen tener una coloración vistosa que los hace destacarse en su entorno y ser fácilmente reconocidos como presas

desagradables o incluso peligrosas por sus potenciales depredadores. Esta estrategia se conoce como aposematismo (Rojas et al. 2015). También existen los que combinan una coloración difícil de detectar con una coloración deimática, que sólo es revelada en el momento del ataque y que pretende desconcertar al depredador para escapar en medio de la confusión (Umbers et al. 2015).

Esta variación en la coloración y estrategias antidepredatorias asociadas han podido ser estudiadas de manera objetiva gracias a los avances de las técnicas de medición del color y al refinamiento de los métodos para analizar esos colores de una forma que permite interpretar cómo los perciben los potenciales depredadores (Endler 1978, Kemp et al. 2015). Sin embargo, los colores son sólo una parte de la historia. Cada vez se conocen más detalles sobre la función que cumplen las texturas, los patrones de coloración (e.g. manchas, líneas, bandas) y su geometría (Endler 2012). Por ejemplo, en la década de los 70 se propuso que las culebras con manchas o parches son más propensas a quedarse quietas para defenderse de sus depredadores, ya que así minimizan la probabilidad de ser detectadas (Jackson et al. 1976). En cambio, las culebras con rayas longitudinales utilizan con mayor frecuencia una estrategia de huida rápida, pues este patrón luce estático o con una velocidad reducida en movimiento, lo cual impide que el depredador haga una estimación precisa de



hacia dónde dirigir el ataque. Se cree que esta última estrategia, el "deslumbramiento en movimiento" (Stevens et al. 2008), funciona con patrones que tienen un alto contraste, como las rayas blancas y negras de las cebras. De otra parte, las culebras con bandas transversales pueden beneficiarse del "efecto de fusión de centelleo", por medio del cual colores adyacentes se funden entre sí ante los ojos de un potencial depredador, ocasionando un cambio en la apariencia de la presa en movimiento (Pough 1976). Por último, un patrón de coloración que parece críptico a la distancia, puede incluso cumplir una función aposemática cuando es visto de cerca. Tal es el caso de algunas víboras que, pese a tener una coloración aparentemente críptica como gris o café, presentan un patrón dorsal en forma de zig-zag que las aves rapaces aprenden a evadir (Valkonen et al. 2011).

Aunque la cuantificación de la geometría de los patrones de coloración ha estado rezagada en comparación con la cuantificación de las diferentes propiedades del color, recientemente han habido avances promisorios (e.g. Endler 2012). Esto, de la mano de un enfoque experimental que tenga en cuenta la importancia del ambiente lumínico, nos va a permitir investigar aún más a fondo si los patrones están ligados a funciones antidepredatorias. Ahora entendemos mejor que nunca cómo los sistemas visuales de ciertos animales procesan el color y cuáles son sus implicaciones en la evolución de la coloración de las presas. Sin embargo, no podemos ni debemos olvidar que, independientemente de que conozcamos en detalle las capacidades de un sistema visual, es el comportamiento de los depredadores —su decisión de atacar, o no, a una presa en particular— lo que en últimas determina qué características de las presas son favorecidas por selección y cuáles no (Endler & Mappes 2017).

Referencias

Wallace AR. 1877. The colours of animals and plants. American Naturalist. DOI: 10.1086/271996

Nokelainen O, Stevens M. 2016. Camouflage. Current Biology. DOI: 10.1016/j.cub.2016.03.044

Rojas B, Valkonen JK, Nokelainen O. 2015. Aposematism. Current Biology. DOI: 10.1016/j.cub.2015.02.015

Umbers KDL, Lehtonen J, Mappes J. 2015. Deimatic displays. Current Biology. DOI: 10.1016/j.cub.2014.11.011

Kemp DJ, Herberstein ME, Fleishman LJ, et al. 2015. An integrative framework for the appraisal of coloration in nature. The American Naturalist. DOI: 10.1086/681021

Endler JA. 1978. A predator's view of animal colour patterns. En: Hecht MK, Steere WC, Wallace B (eds). Evolutionary Biology. Springer.

Endler JA. 2012. A framework for analysing colour pattern geometry: adjacent colours. Biological Journal of the Linnean Society. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2012.01937.x

Jackson JF, Ingram W, Campbell HW. 1976. Dorsal pigmentation pattern of snakes as an anti-predator strategy multivariate approach. American Naturalist. DOI: 10.1086/283125

Stevens M, Yule DH, Ruxton GD. 2008. Dazzle coloration and prey movement. Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences. DOI: 10.1098/rspb.2008.0877

Pough FH. 1976. Multiple cryptic effects of crossbanded and ringed patterns of snakes. Copeia. DOI: 10.2307/1443481

Valkonen J, Niskanen M, Bjorklund M, Mappes, J. 2011. Disruption or aposematism? Significance of dorsal zigzag pattern of European vipers. Evolutionary Ecology. DOI: 10.1007/s10682-011-9463-0

Endler JA, Mappes J. 2017. The current and future state of animal coloration research. Philosophical Transactions of the Royal Society B. DOI: 10.1098/rstb.2016.0352



CIENCIA CRIOLLA

Preadaptaciones en la evolución de las sociedades de insectos

Andrés E. Quiñones Paredes

Université de Neuchâtel

La complejidad y organización de los insectos sociales, como las hormigas y termitas, han maravillado a los naturalistas desde tiempos inmemoriales. Un rasgo fascinante de estas sociedades es la forma aparentemente desinteresada con que los individuos que las componen trabajan por un objetivo común. Sin embargo, desde una perspectiva evolutiva, la gran pregunta que surge es: ¿cómo la selección natural favorece individuos que dedican su existencia a aumentar la reproducción de otros? En otras palabras, ¿cómo evoluciona el altruismo, rasgo fundamental de esas sociedades?

Las sociedades de insectos se encuentran mayoritariamente en el orden Hymenoptera (avispas, abejas y hormigas), por lo tanto, un buen inicio para responder la pregunta del altruismo es entender cuáles de sus rasgos favorecen la evolución de estas sociedades. Hemos propuesto que parte de la respuesta está en la existencia de una serie de preadaptaciones que facilitan la evolución del comportamiento social. Las preadaptaciones son rasgos que evolucionaron independientemente del comportamiento social, pero cuya presencia favorece su evolución. Utilizando un modelo matemático, mostramos que la presencia conjunta de monogamia, haplodiploidía (sistema de determinación del sexo), capacidad de cambiar la proporción de los sexos y producción de dos camadas al año facilitan la evolución del altruismo.

El modelo matemático fue desarrollado bajo el marco de la selección de parentesco (kin selection). Esta teoría propone que si los grupos sociales están formados por individuos emparentados, la evolución de comportamientos sociales se verá facilitada. Dado que individuos emparentados comparten material genético, favorecer la reproducción de parientes es una forma indirecta de promover la presencia de sus propios genes en futuras generaciones. La monogamia favorece al altruismo aumentando el grado de parentesco dentro del grupo. Así mismo, la haplodiploidía es un sistema de determinación del sexo bajo el cual las hijas de una pareja monógama comparten más genes entre ellas que con sus hermanos. Por lo tanto, camadas que tengan mayor proporción de hembras van a tener también mayor grado de parentesco. La producción de dos camadas en un año favorece sesgos en la proporción de los sexos. Si la segunda camada se compone mayoritariamente de hembras que provienen de un apareamiento monógamo, el nivel de parentesco es mucho más alto. Así, estas preadaptaciones, las cuales se encuentran en muchas especies de himenópteros, hacen que el altruismo evolucione notablemente más fácil que en ausencia de ellas. Este modelo, además, demuestra la importancia de considerar la interacción entre rasgos ecológicos y genéticos en el estudio de procesos evolutivos.

Quiñones AE, Pen I. 2017. A unified model of Hymenopteran preadaptations that trigger the evolutionary transition to eusociality. Nature Communications. DOI: 10.1038/ncomms15920



Evolución del tamaño de puesta en víctimas de aves parásitas de nido

Iliana Medina

University of Melbourne

Cerca del 10 % de las aves del mundo no construyen nidos, en vez de esto, ponen sus huevos en nidos de otras especies. Este tipo de aves son conocidas como parásitos de nido y los ejemplos más famosos son los cucos en Europa y los chamones en Suramérica. Las víctimas tienen que alimentar un polluelo gigante que ni siquiera es de ellos y muchos polluelos parásitos se deshacen de todos los huevos de sus víctimas. Los polluelos de los cucos empujan los huevos de sus víctimas tan pronto eclosionan.

La interacción entre aves parásitas y sus víctimas constituye uno de los mejores ejemplos de coevolución. Los parásitos de nido han desarrollado muchas estrategias para explotar a sus víctimas y sus víctimas han desarrollado mecanismos de defensa para evitar el parasitismo. Por ejemplo, un tipo de defensa es reconocer los huevos de los parásitos para poder sacarlos del nido antes de que eclosionen. Sin embargo, esta estrategia ha seleccionado para que los huevos de los parásitos se parezcan cada vez más a los de sus víctimas y sea imposible reconocerlos.

Recientemente, investigamos un tipo de defensa que propone que las víctimas de los parásitos de nido disminuyen su tamaño de puesta para que, en caso de parasitismo, la pérdida sea menor y puedan volver a construir un nido con nuevas oportunidades de supervivencia. Esta hipótesis no había sido probada antes y su lógica nunca había sido analizada en detalle. Nosotros diseñamos un modelo matemático para explorar en qué situaciones la reducción en el número de

huevos podría traer una ventaja evolutiva para las víctimas y recolectamos datos en ~800 especies de aves para probar si las víctimas de aves parásitas ponen menos huevos que las aves que no son parasitadas.

Contrario a lo que se pensaba, nuestro modelo matemático indicó que la reducción del número de huevos no es una estrategia ventajosa para víctimas de parásitos que destruyen toda la progenie de sus víctimas. Si las aves hacen más nidos con menos huevos, cada nido tiene la misma oportunidad de ser parasitado, así que no va a mejorar las oportunidades de la víctima, solo las va a dividir en el tiempo y espacio. Una mejor estrategia sería poner más huevos en el mismo nido, de este modo, si el nido no es parasitado, la victima podrá tener más polluelos. Sin embargo, poner más huevos puede ser una solución demasiado costosa, pues el número de huevos que pone cada especie posiblemente corresponde al máximo posible.

Nuestro análisis en distintas especies que son víctimas de parásitos de nido tampoco soporta la teoría de reducción en número de huevos por puesta (al menos en las especies víctimas de cucos). Por el contrario, encontramos que las especies que son parasitadas por aves más grandes (posiblemente polluelos más costosos) tienden a poner más huevos que especies que son parasitadas por aves más pequeñas. Estos resultados abren puertas para la investigación de defensas en esta interacción y para el estudio de la evolución del tamaño de puesta en distintas especies de aves. Idealmente, nuestros resultados teóricos podrán ser

confirmados o refutados con experimentos hechos en campo en un futuro.

Medina I, Langmore NE, Lanfear R, Kokko H. 2017. The evolution of clutch size in hosts of avian brood parasites. The American Naturalist. DOI: 10.1086/693778



Neomorphus radiolosus

Natalia Uribe, 2016

Acuarela



INTERPRETANDO LA EVOLUCIÓN

¿Evolución de las áreas?

Amparo Echeverry G

Universidad de Cartagena

Quién haya viajado por los bosques, montañas y sabanas de Colombia, notará que difícilmente dos bosques, dos montañas o dos sabanas localizados en el norte o el en sur del país tienen las mismas especies. No importa que la temperatura o la cantidad de lluvia que cae sean las mismas en los dos lugares, parece ser que las especies no se distribuyen en todos los lugares que ofrecen condiciones que facilitan su supervivencia. La biogeografía como disciplina asociada a la biología evolutiva estudia el por qué de esta observación considerando el patrón de distribución formado por varias especies.

Las condiciones ecológicas de un lugar no son suficientes para entender por qué dos áreas tienen especies diferentes a pesar de ser semejantes en su ambiente. Por ejemplo, ciertas zonas de África y América del Sur tienen la misma latitud, altitud y condiciones ambientales similares; sin embargo, no tenemos jirafas o leones en las sabanas de Suramérica. O algunas especies no están en lugares en que en teoría podrían estar por sus condiciones ecológicas similares. Por ejemplo, la continuidad geográfica que observamos hoy entre México y Centroamérica o entre Centroamérica y Colombia no existió en el

pasado; y así lo testifican la distribución actual de muchos organismos cuya distribución no es continua a pesar de que a nuestros ojos no haya una barrera obvia que impida su desplazamiento.

La respuesta a estos acertijos biogeográficos está en la historia geológica de las áreas; la cual determina tanto su geografía como sus particulares condiciones ecológicas. Cuando una montaña surge o se forma un río, la distribución de las especies puede ser fragmentada o desplazada. Así, especies que antes ocupaban de manera continua un área, ahora pueden ocupar ambos lados de una barrera que emergió. Este proceso puede repetirse con frecuencia en el espacio geográfico a lo largo del tiempo, creando así patrones de distribución distintivos para muchas especies. Un aspecto curioso es que muchas de las distribuciones que observamos en el presente son la respuesta a eventos geológicos que ocurrieron en el pasado.

Es por esto que los biogeógrafos piensan que la evolución biológica y la evolución geológica ocurren al mismo tiempo, y que una comprensión adecuada de la distribución de los organismos no puede prescindir de una comprensión profunda de la historia geológica de las áreas que habitan.



BIODIVERSIDAD

Ranita de cristal de los Andes colombianos

Recientemente, Marco Rada y colegas describieron una nueva especie de la familia de ranitas de cristal (Centrolenidae) a la que nombraron Sachatamia electrops. La nueva especie fue descubierta en los bosques andinos y subandinos entre los 930-1630 msnm de los municipios de San Roque y Alejandría en Antioquia. Esta especie se caracteriza por el dorso verde claro con puntos azules y amarillos abundantes, el labio superior blanco, manchas azules en el interior de los muslos y huesos verdes visibles en vida.



Foto: Juan David Loaiza

Rada M, Jeckel AM, Caorsi VZ, et al. 2017. A remarkable new White-Eyed Glassfrog species of *Sachatamia* from Colombia (Anura: Centrolenidae), with comments on the systematics of the genus. South American Journal of Herpetology. DOI: 10.2994/SAJH-D-16-00041.1

Pez del Cretácico de Colombia

Dercetidae es una familia extinta de peces neoteleósteos que incluye especies marinas de cuerpo

elongado y de mandíbula larga. Se conocen desde el Cretácico Superior hasta el Paleoceno en depósitos de Oriente Próximo, Europa, África del Norte, Inglaterra, México y Brasil. Un grupo de paleontólogos del que hicieron parte varios colombianos describieron recientemente a Candelarhynchus padillai, un nuevo género y nueva especie del Turoniano (Cretácico Tardío) de Boyacá. Este registro, representado por un espécimen articulado casi completo, constituye el segundo dercétido conocido para Sudamérica. Asimismo, proporciona nueva evidencia sobre las conexiones biogeográficas entre el

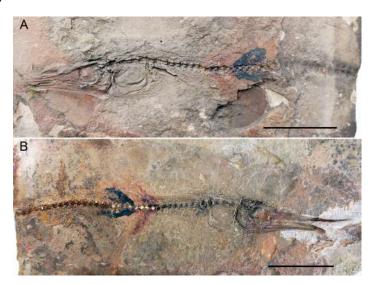


Foto: Oksana Vernygora

Tetis oriental y occidental hace 90 millones de años a la luz de sus relaciones filogenéticas estrechas con el dercétido *Hastichthys* de Israel.



Vernygora O, Murray AM, Luque J, et al. 2017. A new Cretaceous dercetid fish (Neoteleostei: Aulopiformes) from the Turonian of Colombia. Journal of Systematic Palaeontology. DOI: 10.1080/14772019.2017.1391884

Carlos Jiménez-Rivillas Universidad de los Andes

Alejandra Rodríguez-Abaunza Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia



Caiman yacare

Natalia Uribe, 2017

Acuarela



EVENTOS ACADÉMICOS

The Height, Breadth and Depth of Physiological Diversity: Variation across Latitudinal, Altitudinal and Depth Gradients

1 de junio de 2018 Florencia, Italia

http://www.sebiology.org/events/event/the-height-breadth-and-depth-of-physiological-

diversity

Plant Biology Europe 2018

18-21 de junio de 2018 Copenhagen, Dinamarca http://europlantbiology2018.org/

9th Models in Ecology and Evolution Seminar

31 de mayo – 1 de junio de 2018 Montpellier, Francia http://www.mee.univ-montp2.fr/fr/

North American Congress for Conservation Biology 2018

21-26 de julio de 2018 Toronto, Canadá http://scbnorthamerica.org/index.php/naccb2018/

Latin American and Caribbean Congress for Conservation Biology

25-27 de julio de 2018 San Agustín, Trinidad y Tobago https://lacccb2018.org/

International Union for the Study of Social Insects 2018

5-10 de agosto de 2018 Guarujá, Brasil http://www.iussi2018.com/

II Joint Congress on Evolutionary Biology - Evolution 2018

19-22 de agosto de 2018 Montpellier, Francia http://evolutionmontpellier2018.org/

> Kevin Varón Escobar Universidad del Cauca



Momotus aequatorialis Felipe Guevara, 2018 Medellín, Antioquia

ARTÍCULOS RECOMENDADOS

Evolución humana

Casas-Vargas A, Romero LM, Usaquén W, et al. 2017. Diversidad del ADN mitocondrial en restos óseos prehispánicos asociados al Templo del Sol en los Andes orientales colombianos. Biomédica. DOI: 10.7705/biomedica.v37i4.3377

A pesar de su gran diversidad arqueológica, los estudios paleogenéticos en comunidades prehispánicas son escasos en Colombia. Casas-Vargas y colaboradores analizaron muestras de ADN mitocondrial de restos óseos antiguos encontrados en los alrededores del Templo del Sol en Boyacá para determinar su diversidad genética, relación con otras comunidades colombianas y posible origen poblacional. La evidencia indica que los pobladores precolombinos de los Andes orientales provenían de Centroamérica y se establecieron en el Altiplano Cundiboyacense, compartiendo ancestría cercana con las poblaciones de la familia lingüística Chibcha.

Fortes-Lima C, Gessain A, Ruiz-Linares A, et al. 2017. Genome-wide ancestry and demographic history of African-descendant Maroon communities from French Guiana and Suriname. The American Journal of Human Genetics. DOI: 10.1016/j.ajhq. 2017.09.021

Entre 1526 y 1875, cerca de 7 millones de africanos fueron traídos a Suramérica. El alto porcentaje de mezcla genética de las poblaciona afrodescendientes con europeos, indígenas y otros grupos africanos sesga la inferencia genética de su origen. Fortes-Lima y colaboradores estudiaron más de 4.3 millones de SNPs en cuatro poblaciones de cimarrones, quienes poseen un porcentaje de mezcla genética muy bajo al ser descendientes de africanos que escaparon de la esclavitud y

formaron asentamientos independientes, hallando un 98 % de ancestría africana, el mayor porcentaje de ancestría conocido hasta la fecha en poblaciones afrodescendientes.

Evolución del comportamiento

Rönkä K, De Pasqual C, Mappes J, et al. 2018. Colours alone matters: no predator generalization among morphs of an aposematic moth. Animal Behaviour. DOI: 10.1016/j.anbehav.2017.11.015

Se espera que la coloración de advertencia no varíe mucho dentro de una población, pues suele ser un rasgo bajo selección para evitar la depredación. Sin embargo, algunas especies pueden presentar más de un tipo de coloración de advertencia en una localidad. Como explicación, se ha postulado que los depredadores pueden generalizar su aprendizaje de los diferentes tipos de coloración de advertencia si estos son similares entre ellos. Rönkä y colaboradores pusieron esta hipótesis a prueba con polillas y no encontraron soporte. En su lugar, hallaron que los tipos de polillas con colores más conspicuos fueron evitadas más por los depredadores.

Ecología Evolutiva

Contreras-Ortiz N, Watchinson G, Hughes CE, Madriñán S. 2018. Convergent evolution of high elevation plant growth forms and geographically structured variation in Andean Lupinus (Fabaceae). Botanical Journal of the Linnean Society. DOI: 10.1093/botlinnean/box095

La radiación del género de alta montaña Lupinus presenta una de las tasas de



diversificación más altas en plantas, además de una amplia variedad de formas de crecimiento. Contreras-Ortiz y colaboradores reconstruyeron una hipótesis filogenética de alta resolución usando datos de RAD-seq y encontraron orígenes independientes para el hábito de crecimiento en roseta y una estructura geográfica marcada en los Andes del Norte. Tanto procesos de especiación ecológica como de aislamiento geográfico han contribuido a la rápida diversificación y patrones macroevolutivos de este género.

Rodriguez J, Jones T, Sierwald P, et al. 2018. Stepwise evolution of complex chemical defenses in millipedes: a phylogenomic approach. Scientific Reports. DOI: 10.1038/s41598-018-19996-6

Los milpies son el grupo de animales más antiguo que presentan defensas químicas complejas contra depredadores. Rodriguez y colaboradores estudiaron la evolución de estas defensas químicas en un marco filogenómico. Se halló que la complejidad química exhibe un patrón de escalamiento a través del tiempo, coincidente con la visión de la evolución de la complejidad como un proceso que pasa por varios estados intermedios.

Evo-Devo

Vasco A, Smalls TL, Graham SW, et al. 2016. Challenging the paradigms of leaf evolution: class III HD-Zips in ferns and lycophytes. New Phytologist. DOI: 10.1111/nph.14075

Vasco y colaboradores proponen que el linaje de genes C3HDZ, expresados en el desarrollo de esporangios y esporas en licofitas y helechos y en los estambres y carpelos en angiospermas, juega un papel importante en la evolución de las hojas. Estos genes tienen un rol ancestral en la regulación del desarrollo de esporas y esporangios. La red génica de la que

participa fue cooptada independientemente en licofitas y eufilofitas para regular el desarrollo de las hojas. Además, estos genes representan una homología profunda entre las hojas de todas las plantas vasculares.

Zumajo-Cardona C, Ambrose BA, Pabón-Mora N. 2017. Evolution of the SPATULA/ALCATRAZ gene lineage and expression analyses in the basal eudicot, *Bocconia frutescens* L.(Papaveraceae). EvoDevo. DOI 10.1186/s13227-017-0068-8

Los genes paleo SPATULA/ALCATRAZ pertenecen a una familia de factores de transcripción. Zumajo-Cardona y colaboradores analizaron la evolución funcional de este linaje de genes comparando motivos proteícos entre grupos de plantas. Detectaron que estos genes se expresan en las yemas florales, el desarrollo temprano de sépalos, estambres y carpelos y, posteriormente, en la zona de dehiscencia del fruto. Se sugiere que el núcleo de eudicotiledoneas ha conservado los roles de la especificación del margen del carpelo y la zona de desistencia del fruto maduro y ha perdido los roles en la especificación temprana de los órganos florales.

Evolución molecular

Cornelisa G, Funk M, Vernocheta C, et al. 2017. An endogenous retroviral envelope syncytin and its cognate receptor identified in the viviparous placental *Mabuya* lizard. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.1714590114

Las estructuras placentarias no están restringidas solo a los mamíferos, algunos reptiles también las poseen, como lo que conforman el género *Mabuya*. La placenta de los mamíferos tiene una proteína capturada y exaptada a partir de la envoltura de un retrovirus. Cornelisa y colaboradores encontraron una proteína en la placenta de



Mabuya similar a aquella de los mamíferos, sugiriendo un rol imporante de esta proteína en la emergencia de las placentas.

Roger AJ, Muñoz-Gomez SA, Kamikawa R. 2017. The origin and diversification of mitochondria. Current Biology. DOI: 10.1016/j.cub.2017.09.015

La mitocondria es comúnmente reconocida como una fábrica de energía para la célula eucariótica. Sin embargo, muchas incógnitas persisten, por ejemplo, ¿cuál fue la célula dentro de la cual la mitocondria evolucionó?, ¿a partir de qué tipo de bacteria la mitocondria evolucionó? y ¿cuáles fueron los cambios que convirtieron a una bacteria en una organela productora de energía? Roger y colaboradores revisaron y sintetizaron la literatura alrededor del origen y la evolución temprana de la mitocondria, enfatizando la naturaleza gradual de los numerosos cambios que integraron a la protomitocondria con su célula hospedera. También se resumen y discuten temas como la naturaleza de la protomitocondria, la transformación (o domestiación) del proteoma del endosimbionte, la reducción del genoma mitocondrial y el rol último que la mitocondria jugó en el origen de la célula eucariotica hace aproximadamente 2.000 millones de años.

Genética evolutiva

Enciso-Romero J, Pardo-Díaz C, Martin SH, et al. 2017. Evolution of novel mimicry rings facilitated by adaptive introgression in tropical butterflies. Molecular Ecology. DOI: 10.1111/mec.14277

Las mariposas del género *Heliconius* radiaron mimetizando coloraciones alares de especies que pueden o no estar cercanamente relacionadas filogenéticamente. Enciso-Romero y colaboradores encontraron que el patrón alar de las razas de *Heliconius cydno* se debe a regiones no codificantes que regulan la

expresión del gen *cortex*, un controlador de pigmentación alar en mariposas. Estas regiones controladoras fueron adquiridas por *H. cydno* por eventos de introgresión con *H. melponene*, promoviendo el origen de nuevas razas. Este resultado soporta la premisa de que la introgresión facilita la adaptación y diversificación en la naturaleza.

Morales-Rozo A, Tenorio EA, Carling MD, Cadena CD. 2017. Origin and cross-century dynamics of an avian hybrid zone. BMC Evolutionary Biology. DOI: 10.1186/s12862-017-1096-7

Las zonas híbridas son áreas geográficas donde individuos genéticamente diferentes producen individuos con ancestría mixta. Morales-Rozo y colaboradores estudiaron una zona híbrida de dos subespecies de aves (*Ramphocelus flammigerus*) en el occidente de Colombia. Tras analizar datos genéticos, morfológicos y climáticos, encontraron que la hibridación se produjo por contacto secundario entre poblaciones que expandieron su ámbito de distribución durante el cuaternario, en respuesta a cambios climáticos. Además, hallaron que la zona híbrida se ha movido durante los últimos años, posiblemente en respuesta a selección sexual.

Morfología y fisiología evolutiva

Darragh K, Vanjari S, Mann F, et al. 2017. Male sex pheromone components in *Heliconius* butterflies released by the androconia affect female choice. PeerJ. DOI: 10.7717/peerj.3953

Las feromonas pueden tener un papel fundamental en la elección de pareja y en la identificación de especie en las mariposas *Heliconius*. Para entender el rol de estos compuestos, Darragh y colaboradores caracterizaron molecularmente las feromonas producidas por los machos y su efecto en las



hembras a través de experimentos de elección de pareja. Este trabajo demostró la importancia de la comunicación química en la reproducción de las mariposas *Heliconius*.

Paleontología evolutiva

Wilf P, Carvalho M, Gandolfo M, Cúneo NR. 2017. Eocene lantern fruits from Gondwanan Patagonia and the early origins of Solanaceae. Science. DOI: 10.1126/science.aag2737

Solanaceae es una de las familias de plantas mejor estudiadas, aunque hasta ahora se conoce muy poco acerca de su origen evolutivo debido al escaso registro fósil de la familia. Wilf y colaboradores describen dos fósiles de *Physalis infinemundi* de 52 millones de años de antigüedad provenientes de la Patagonia. Estos hallazgos fósiles del Eoceno Temprano son más antiguos que las correspondientes fechas de divergencia molecular, lo que sugiere un origen más temprano para el linaje de frutos linterna e indica que las solanáceas pueden haberse diversificado antes de la ruptura final del supercontinente Gondwana.

Sistemática y filogenética

Ješovnik A, Sosa-Calvo J, Lloyd MW, et al. 2017. Phylogenomic species delimitation and host-symbiont coevolution in the fungus-farming ant genus *Sericomyrmex* Mayr (Hymenoptera: Formicidae): ultraconserved elements (UCEs) resolve a recent radiation. Systematic Entomology. DOI: 10.1111/syen.12228

El estudio taxonómico del género de hormigas neotropicales *Sericomyrmex*, conocidas por cultivar hongos como alimentos, ha sido problamático por la poca variación morfológica y molecular entre sus especies. Ješovnik y colaboradores usaron elementos genéticos ultraconservados para reconstruir la historia evolutiva del género, identificando una radiación rápida temprana hace 4.3 millones de años, lo cual explica la poca variación observada entre las especies. También se analizaron datos genéticos de los hongos cultivados por el género para evaluar coevolución hongo-hormiga, sin hallar evidencia de coevolución ligada entre los dos organismos. Sin embargo, sus reconstrucciones filogenéticas indican un intercambio horizontal de hongos cultivados entre especies de Sericomyrmex y Trachymyrmex.

Cadena CD, Zapata F, Jiménez I. 2017. Issues and perspectives in species delimitation using phenotypic data: Atlantean evolution in Darwin's Finches. Systematic Biology. DOI: 10.1093/sysbio/syx071

Aunque en los últimos años se ha avanzado en el desarrollo y uso de métodos para delimitar especies basados en datos moleculares, muy pocos esfuerzos se han enfocado en el uso de datos fenotípicos a pesar de que este tipo de datos siguen siendo fundamentales para la sistemática moderna. A la luz del modelo evolutivo básico del cual surge la delimitación de especies con datos fenotípicos, Cadena y colaboradores señalan tres puntos que comúnmente afectan la delimitación de especies con morfología, los problemas que conlleva no considerar estos puntos y propuestas para solucionarlos. Las soluciones plateadas por los autores se centran en el desarrollo estadístico relacionado con modelos de mezcla de normales. Lo anterior es ejemplificado con el reanálisis de datos morfológicos reportados para los pinzones de Darwin.



Teoría evolutiva

Andrade E. 2017. El "darwinismo cuántico" de Zurek y su extrapolación a la evolución de los sistemas adaptativos. Ludus Vitalis, 25 (47): 1-53.

Andrade justifica un esquema de integración no reduccionista entre aproximaciones físicas y biológicas de la noción de información como interpretación, semiosis. A partir de la mediación de sistemas de interpretación equiparados a los agentes colectores y usuarios de información de Zurek, el esquema resultante permite aplicar el darwinismo cuántico a la evolución de sistemas complejos adaptativos. Se propone que el debate entre las escuelas neolamarckiana y neodarwiniana debe ser repensado en términos más acordes con la física cuántica. La semiosis justificaría la analogía profunda entre modelos físicos y biológicos de evolución adaptativa.

Alejandra Rodríguez-Abaunza, José Luis Cómbita-Ch Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia

> Mariana Cortés Universidad del Tolima

Wendy A. Valencia-Montoya Rijksuniversiteit Groningen

Diego Londoño, Lina Ruiz, Melissa Uribe-Acosta Universidad de Antioquia

Fabián Salgado-Roa, Valeria Ramírez, Valentina Muñoz Charry Universidad de los Andes

Buteogallus solitarius

Natalia Uribe, 2016

Acuarela





NODOS

Javier Alejandro Maldonado-Ocampo

Pontificia Universidad Javeriana

¿Qué factores históricos y ecológicos han influenciado la diversificación de la ictiofauna continental neotropical? Esta ha sido la pregunta base y eje central de mis investigaciones en el marco de la biogeografía evolutiva, donde integro información proveniente de diversas disciplinas, como la biología molecular, ecología, taxonomía, sistemática, geología y geografía.

Pero, ¿de qué nos sirve comprender el porqué de la expresión que vemos hoy en día en términos de la enorme riqueza de peces de agua dulce en Colombia y en la región neotropical? Esta pregunta me ha llevado a trabajar desde hace varios años con el objetivo de generar y fortalecer los vínculos entre academia y sociedad. Dada la gran riqueza de peces en Colombia, no es posible que cuando se le pregunta a un ciudadano desprevenido, incluyendo a biólogos y ecólogos, cuáles peces reconoce, la respuesta sea trucha, tilapia, carpa, bagre y bocachico.

El desconocimiento y desconexión entre nuestro quehacer científico y la sociedad es un factor que conlleva a tener que presenciar la degradación de nuestros ecosistemas acuáticos continentales, su biodiversidad asociada y los servicios ecosistémicos que nos brindan. por ello que, junto a colegas y estudiantes, desarrollo proyectos de investigación sobre filogeografía, sistemática, taxonomía, macroecología, ecología acuática e informática de la biodiversidad, para generar datos e información que promuevan la conservación y restauración de nuestros ecosistemas acuáticos y brinden visibilidad a los estrechos vínculos entre peces y cultura.

Durante los últimos tres años fui director del Departamento de Biología de la Pontificia Universidad Javeriana. Cuando mencionaba esto a colegas, la primera palabra que surgía era "chicharrón". Sin embargo, fue una experiencia positiva, de retos y aprendizajes que me llevaron a concebir que, como docentes investigadores, tenemos otras instancias para aportar en la construcción de comunidad académica. Ahora que he regresado de lleno a mis actividades de docencia e investigación, espero abrir nuevos espacios en el segundo semestre de 2018 para estudiantes de pregrado y posgrado que tengan interés en las iniciativas que desarrollamos en nuestro laboratorio de ictiología.

Es un privilegio compartir con ustedes mi interés por el estudio de los peces de agua dulce del neotrópico, mi trayectoria académica me ha impulsado a sostener una relación de constancia y compromiso en el campo de la ecología, la biología y la cultura anfibia de un territorio que por grata coincidencia alberga la segunda mayor riqueza de peces a nivel mundial: Colombia.





Sitio web: https://sites.google.com/site/javieramalonadoocampo/home

Artículos recientes

Anderson EP, Jenkins CN, Heilpern S, et al. 2018. Fragmentation of Andes-to-Amazon connectivity by hydropower dams. Science Advances. DOI: 10.1126/sciadv.aao1642 Urbano-Bonilla A, Ballen GA, Herrera-R GA, et al. 2018. Fishes of the Cusiana River (Meta River basin, Colombia), with an identification key to its species. ZooKeys. DOI: 10.3897/zookeys.733.20159

DoNascimiento C, Herrera EE, Herrera G, et al. 2017. Checklist of the freshwater fishes of Colombia: a Darwin Core alternative to the updating problem. ZooKeys. DOI: 10.3897/zookeys.708.13897

Carvajal-Quintero JD, Januchowski-Hartleyb SR, Maldonado-Ocampo JA, et al. 2017. Damming fragments species ranges and heightens extinction risk. Conservation Letters. DOI: 10.1111/conl.12336



