

V Reunión Argentina de Biología Evolutiva



LIBRO DE RESÚMENES

2 al 6 de Octubre
UNLP, La Plata, Argentina



UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE LA PLATA





V Reunión Argentina de Biología Evolutiva (RABE V)

Organizan:

Sociedad Argentina de Biología Evolutiva
(SABE)

y

Facultad de Ciencias Naturales y Museo
(FCNyM, UNLP)

2 al 6 de octubre de 2023
La Plata, Buenos Aires, Argentina

Comité Científico

Dra. Marta S. Fernández

Dr. Francisco Javier Goin

Dr. Eduardo Tonni

Dr. Eduardo J. Ricciardi

Dr. Eduardo Ortiz Jaureguizar

Dra. Susana Gisela Lamas

Dra. Florencia Cesani

Comité Organizador

Dra. Susana Gisela Lamas

Dra. Marina Micaela Strelin

Dra. María Alejandra Petino Zappala

Dr. Manuel Ignacio Stefanini

Agustina Manzo

Dr. Santiago Benítez-Vieyra

Lic. Martina Sol Pernigotti

Dra. Sofía Barbero

Dra. Alicia Sérsic

Lic. Martina Charnelli

Colaboradores a cargo de la edición del libro

Agustina Rojo Perez

Iara Aguirre

Laureano Carivali

Leandro Sudaro

Santiago Thome Andueza

Simón Gigli

Verónica Andrea Plá

Coordinación

Agustina Manzo

Dra. Sofía Barbero

Portada y diseño

Alfonso Sesma Talavera

Índice

Conferencias plenarias

Lecciones evolutivas desde fósiles y embriones de dinosaurios. Alexander Vargas Milne	6
Eco-Evolutionary Dynamics: Experiments in Nature. Andrew Hendry	6-7
Desde la orilla: desentrañando estrategias sexuales de arañas vanguardistas en las costas sudamericanas. Anita Aisenberg	8-9
Evolución de nuevas estrategias reproductivas por co-opción de habilidades regenerativas. Eduardo Zattara	9-10
Integrando Métodos en Biología Evolutiva: desde la morfología a los genes para comprender las adaptaciones animales. Hugo A. Benítez	10
La historia de la evolución y la enseñanza de la biología: algunas contribuciones. Lilian Al-Chueyr Pereira Martins	11-12
Estudios de evolución y desarrollo (evo-devo) de plantas en el trópico americano: oportunidades y retos de nuestra biodiversidad. Natalia Pabón-Mora y Favio González	12-13
Plant evo-devo, an organismal perspective. Pamela K. Diggle	13
Genómica poblacional: nuevos datos que responden viejas preguntas en ecología y evolución. Viviana Andrea Confalonieri	14-15

Simposios

Simposio extendido de evo-devo	17-32
Nuevos enfoques en filogenética	33-40
Etología y evolución en un tiempo de cambios: ¿coevolución más allá de la especie?	31-44
Enseñanza de la evolución: propuestas, experiencias y desafíos	45-49

Trabajos individuales

Didáctica y Divulgación de la Evolución	51-57
Ecología Evolutiva	58-85
Evolución del Comportamiento	86-89
Evolución Molecular y Genómica Comparada	90-108
Filogenia y Biogeografía	109-135
Filosofía e Historia del Pensamiento Evolutivo	136-141
Genética de Poblaciones y Adaptación	142-158
Macroevolución y Paleobiología	159-175

Conferencias plenarias

Lecciones evolutivas desde fósiles y embriones de dinosaurios

Alexander Vargas Milne¹

¹Laboratorio de Ontogenia y Filogenia y Red Paleontológica U. Chile. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las Aves son literalmente un subclado superviviente de dinosaurios terópodos. Desde Aristóteles, se han utilizado para estudios embriológicos por las numerosas ventajas de intervención y seguimiento in ovo; a esto podemos agregar un excelente registro fósil que documenta muchos detalles paso a paso de los cambios esqueléticos en la transición evolutiva desde formas ancestrales de dinosaurios no-aviares y aves Mesozoicas. Podemos contrastar esta abundancia de información sobre la evolución del esqueleto, con la manera en que el esqueleto se desarrolla en las aves, para sacar conclusiones sobre cómo evolucionan los mecanismos de desarrollo. Algunos de los casos más interesantes son aquellos en que ambas fuentes de información parecieran contradecirse, y que desde los años 1920's hasta los 1990's fueron obstáculos conceptuales importantes para aceptar que las aves son descendientes directos de los dinosaurios. El evo-devo de la transición dinosaurio-ave continua generando discusiones de alto interés en biología evolutiva, algunas de las cuales me propongo sintetizar en esta presentación, puntualmente: 1) La factibilidad de pérdida y luego re-aparición en la evolución de elementos esqueléticos completos (y otras reversiones, en el contexto de la "Ley de Dollo"); 2) Cambios evolutivos en el desarrollo embrionario sin efectos fenotípicos-adaptativos significativos (DSD ó "Developmental Systems Drift"); 3) Rol de la actividad muscular embrionaria y otras interacciones del desarrollo tardío (post-patterning) en el origen de novedades evolutivas (y su relación con el cambio genético); y 4) La conservación de procesos ancestrales de desarrollo, y su rol en facilitar el origen de novedades evolutivas.

Eco-Evolutionary Dynamics: Experiments in Nature

Andrew Hendry¹

¹Redpath Museum and Department of Biology, McGill University, 859 Sherbrooke Street West, Montréal, QC H3A 2K6, Canada.

Contacto: andrew.hendry@mcgill.ca

It has been argued that evolution is a strictly historical science accessible only indirectly by working backwards-in-time to infer process from pattern. Increasingly, however, researchers can employ forward-in-time experimental studies, where experimental treatments are applied to known populations and subsequent evolution is monitored. Such experiments are most common in controlled settings, especially laboratories, which allow for high replication and precise control. Yet the experimental elegance of these settings could be irrelevant in the natural world, where noise and confounding influences are important.

To increase relevance, we can conduct experiments in natural settings, typically by introducing individuals from an ancestral “source” population into new “recipient” environments. I have previously leveraged studies of experimental evolution in *Trinidadian guppies* (*Poecilia reticulata*) and threespine stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) to generate a series of inferences about how rapidly traits and major fitness components (e.g., survival, parasite resistance) can evolve. These experiments revealed that evolutionary trajectories are much less predictable than typically assumed; instead they are subject to various contingencies, some of which are (and others not) predictable.

I seek to increase the realism and inferential power of evolutionary experiments in nature by implementing several design modifications. First, the typical design introduces a single source population into replicate experimental sites, such as streams or islands. My design also replicates source populations, allowing insight into how different populations respond to a common challenge. Second, my experiments include treatments that mix source populations, facilitating inferences about assortative mating, hybrid fitness, and genotype-phenotype maps. Finally, I also examine eco-evolutionary dynamics; that is, how intra-specific variation and contemporary evolution shape ecological responses.

Two sets of experiments include the above design components. First, we are conducting intensive work on four Haida Gwaii (BC) stickleback populations introduced from two large source lakes into four very small ponds. Second, we started a massive new experimental introduction of stickleback in Alaska: “limnetic” source populations were mixed and introduced into four lakes, “benthic” source populations were mixed and introduced into three lakes, and all source populations were mixed and introduced into two lakes.

Our long-term objectives focus on three related questions. (1) What are the trajectories of evolution when populations colonize new habitats? Our experiments are useful here because the populations are permanent and can be monitored long into the future. (2) How repeatable is evolution in the new habitats? Our experiments work here owing to replication of source populations and recipient habitats. (3) How important are the ecological effects of intra-specific diversity and contemporary evolution? Our experiments help here through ecological data collected before, during, and after the introductions. Progress toward these long-term objectives can be made by framing several short-term questions. (1) How do rates of evolution depend on modifiers such as ecological contrasts, standing variation, and phenotypic/genomic “dimensionality”? (2) How does the repeatability of evolution depend on these modifiers, as well as repeatability of source populations (i.e., genetic similarity) and recipient environments (i.e., ecological similarity)? (3) How important is source population relative to recipient environment in structuring ecological change at the population, community, and ecosystem levels.

Desde la orilla: desentrañando estrategias sexuales de arañas vanguardistas en las costas sudamericanas

Anita Aisenberg^{1,2}

¹Departamento de Ecología y Biología Evolutiva, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Avenida Italia 3318, Montevideo, Uruguay.

²Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, IIBCE.

Contacto: anita.aisenberg@gmail.com

Dada su gran diversidad, tanto en especies como en estrategias comportamentales, las arañas se consideran modelos de investigación muy promisorios para poner a prueba hipótesis de selección sexual. En general en este grupo se considera que los machos son el sexo móvil y cortejante, y las hembras el sexo selectivo, presentando dimorfismo sexual de tamaño sesgado hacia hembras o ausente. Estudios en arañas lobo sudamericanas de la subfamilia Allocosinae cuestionan dichos patrones extendidos, brindando una gran oportunidad para poner a prueba hipótesis vinculadas con la evolución de las estrategias sexuales y los factores que las conducen. *Allocosa marindia* Simó, Lise, Pompozzi & Laborda, 2017 y *Allocosa senex* (Mello-Leitão, 1945) son arañas lobo nocturnas que construyen cuevas en costas arenosas fluviales, estuarinas y oceánicas en Argentina, Brasil y Uruguay. Los individuos construyen cuevas en la arena que recubren con seda. Allí permanecen durante el día y en los meses más fríos del año, volviéndose activas en la superficie en las noches de verano. A diferencia de lo extendido en arañas, en ambas especies las hembras son más móviles en la superficie e inician el cortejo y los machos son más grandes que las hembras. Tanto hembras como machos son selectivos al tomar decisiones reproductivas: las hembras prefieren aparearse con machos con cuevas más largas y los machos con hembras vírgenes de mayor condición corporal. Luego del apareamiento, el macho le dona su cueva a la hembra, quien realizará su puesta de huevos allí y emergerá al momento de la dispersión de las crías. Reportes en otros grupos animales sugieren que la evolución de rasgos no esperados para el grupo respecto a dimorfismo y comportamiento sexual puede estar asociada a ambientes rigurosos. Para conocer el origen y evolución de los rasgos sexuales atípicos en Allocosinae y la posible incidencia del ambiente moldeando los mismos, se estudió la movilidad de cada sexo y el dimorfismo sexual de tamaño en arañas de la subfamilia habitantes de ecosistemas costeros fluviales, estuarinos y oceánicos, costeros volcánicos y pastizales, entre otros, de Argentina, Brasil, Chile y Uruguay. Se revisaron colecciones científicas y se realizaron muestreos para coleccionar adultos y determinar la actividad nocturna de superficie que nos permita determinar el sexo móvil en cada especie o morfotipo. Se integró información genética, taxonómica, morfométrica, ambiental y comportamental de las especies y/o morfotipos encontrados. Se analizó un total de 1071 adultos de Allocosinae de 18 especies o morfotipos. Se citaron nuevas especies para el país, se describieron nuevos géneros y especies para la ciencia, y se sumaron nuevos casos de Allocosinae costeras con comportamientos atípicos y dimorfismo sexual de tamaño invertido. Sin embargo, no todas las especies costeras compartieron dichos rasgos. Se comprobó la plasticidad comportamental de *A. senex* en referencia a sus estrategias sexuales y de construcción de refugio a lo largo de su distribución. Para esta especie se constató una amplia distribución a lo largo de Sudamérica y se reportaron datos que sugieren

variaciones comportamentales y morfológicas en esta especie en diferentes localidades. Estudios futuros determinarán la diversidad genética, morfológica y comportamental y su relación con variables ambientales locales y regionales en *A. senex* y otras especies de Allocosinae sudamericanas, con el fin de aportar a la discusión sobre los factores preponderantes que modelan las estrategias sexuales en arañas.

Evolución de nuevas estrategias reproductivas por co-opción de habilidades regenerativas

Eduardo Zattara¹

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional del Comahue.

La biología de la evolución del desarrollo (o evo-devo) busca describir las causas y mecanismos de los cambios evolutivos a partir de modificaciones en el espacio y en el tiempo de los procesos de desarrollo de los organismos. Uno de sus principales aportes es proveer escenarios que explican el origen de las novedades evolutivas, sobre todo en contextos en los que los procesos de desarrollo ancestrales son demasiado fundamentales para permitir modificaciones bruscas. Uno de los principales mecanismos que aporta el evo-devo es la coopción de procesos ancestrales en contextos nuevos, permitiendo la aparición de innovaciones evolutivas sin interferir con las funcionalidades existentes. La coopción puede ocurrir desde el nivel de genes individuales hasta el de módulos completos de desarrollo. Un ejemplo de este último nivel es la incorporación de estrategias de reproducción asexuales en el ciclo de vida de organismos con reproducción sexual, tal como podemos ver en anélidos (gusanos segmentados) y nemerteos (gusanos cinta), entre otros grupos. En ambos grupos, una reconstrucción filogenética de caracteres ancestrales muestra que los linajes que evolucionan reproducción asexual por fragmentación o paratomía siempre emergen de ancestros dotados con un potencial elevado de regeneración. Este patrón sugiere que los mecanismos de desarrollo desplegados durante la reproducción asexual evolucionaron por coopción de los mecanismos que permiten la regeneración. A lo largo de esta charla, presento una serie de ejemplos desarrollando esta hipótesis. Tras definir distintos niveles de capacidad regenerativa y tipos de reproducción asexual, comparo la distribución filogenética de las capacidades regenerativas y de reproducción asexual entre Annelida y Nemertea, en la que se verifica que una capacidad regenerativa ancestral más elevada resulta en mayor cantidad de linajes que evolucionan reproducción asexual. Luego, pongo el foco en un ejemplo de estudio comparativo de trayectorias de desarrollo durante la regeneración y reproducción asexual en dos linajes de la familia Naididae (anélidos clitelados acuáticos) que muestra las similitudes, pero también las diferencias, entre ambos procesos. Finalmente, cierro con un ejemplo que muestra cómo las capacidades de desarrollo existentes pueden incluso facilitar eventos de “especiación instantánea”. Todos estos ejemplos muestran que una capacidad regenerativa elevada es condición necesaria para, pero además facilita, la evolución de reproducción asexual agamética. En términos más amplios, esto apoya una de las

principales hipótesis propuestas por los enfoques evo-devo, que propone que la arquitectura modular de los sistemas de desarrollo canaliza el potencial evolutivo de los organismos, facilitando cambios en algunas direcciones y vetando el cambio en otras. Entender adecuadamente los mecanismos que subyacen esta canalización del desarrollo permitirá, por un lado, mejorar nuestra capacidad de reconstrucción filogenética de escenarios evolutivos, y por el otro, caracterizar mejor la distribución de probabilidades futuras de la evolución de los linajes.

Integrando Métodos en Biología Evolutiva: Desde la morfología a los genes para comprender las adaptaciones animales

Hugo A. Benítez^{1,2,3}

¹Laboratorio de Ecología y Morfometría Evolutiva, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca 3466706, Chile.

²Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE).

³Cape Horn International Center (CHIC), Puerto Williams, Chile.

La adaptación es un concepto central de la biología evolutiva que explica por qué los organismos se adaptan a su entorno bajo selección natural. Una adaptación se podría definir como un carácter novedoso o comportamiento que aparece en un organismo y se mantiene por selección natural. Los límites a la adaptación son un aspecto crucial de las respuestas evolutivas a cualquier cambio natural o antropogénico. Aunque conceptualmente se entiende que los nuevos factores bióticos y abióticos pueden provocar una fuerte presión selectiva sobre los rasgos fenotípicos, sigue siendo difícil establecer vínculos empíricos entre los factores ecológicos que impulsan el cambio evolutivo a largo plazo. Los métodos morfométricos, genéticos y genómicos han sido ampliamente utilizados en los últimos años para visualizar tendencias macroevolutivas en datos multidimensionales. Uno de los patrones más importantes a calcular en evolución fenotípica, ha sido los niveles de señal filogenética el cual solo después de los últimos años de extensiva investigación se pueden cuantificar de manera confiable y además de caracterizar patrones de covariación, tanto dentro de fenotipos multivariados como entre fenotipos multivariados y otras variables. La conferencia busca mostrar el avance en estos estudios principalmente focalizado en el uso de herramientas para el estudio de la evolución y adaptación fenotípica y genética.

La historia de la evolución y la enseñanza de la biología: algunas contribuciones

Lilian Al-Chueyr Pereira Martins^{1,2,3}

¹Departamento de Biologia, FFCLRP-Universidade de São Paulo (USP), Brasil.

²Laboratório de História e Teoria da Biologia, FFCLRP.

³Grupo de História e Teoria da Biologia, USP.

Contacto: lacpm@ffclrp.usp.br

Varios estudios han indicado que la historia de la ciencia puede ser una herramienta útil en la enseñanza/aprendizaje de las ciencias, especialmente en lo que se refiere a una mejor comprensión de conceptos, modelos y teorías. En general, la historia de la ciencia aparece en algunos libros de texto acompañando contenidos relacionados con la ciencia (enfoque inclusivo), durante un curso en su conjunto, siguiendo la secuencia histórica en orden cronológico (enfoque integrado) o en el estudio de episodios históricos que revelan aspectos epistemológicos. En esta presentación discutiremos algunos enfoques posibles, así como los problemas, dificultades, desafíos y logros que esta tarea conlleva en la enseñanza de la evolución en los niveles superior y secundario. A continuación, daremos algunos ejemplos de la aplicación de la historia de la biología en relación con la enseñanza y el aprendizaje de la evolución en los niveles superior y secundario.

Hay autores que sugieren el uso de la historia de la ciencia en general, como Ruthford & Algreen (1990). Otros, como Allchin (2003) se preocupan principalmente por la calidad y adecuación de esta historia de la ciencia empleada en la enseñanza de las ciencias. Considera que el uso inadecuado de la historia de la ciencia en el aula puede consistir en una “pseudohistoria” de la ciencia que puede llevar a la formación de una visión romántica de los científicos; una visión simplificada sobre el proceso de construcción del pensamiento científico y la formación de ideas falsas. Desafortunadamente, todavía hay problemas con los libros de texto que tratan sobre la evolución, como descripciones erróneas de las hipótesis, teorías o ideas de un autor determinado; uso de términos que aparecieron mucho después y sugieren conocimientos que no existían en ese momento, pero que son aceptados actualmente; sin tener en cuenta el contexto de la época; valorar en el pasado sólo lo aceptado actualmente; narrativas simplificadas que omiten aspectos importantes; uso inadecuado de terminología meta-científica (hipótesis, teoría, “demostrar”). Todo esto lleva a la formación de una visión distorsionada de las ideas de los autores antiguos y a la dificultad para comprender los conceptos científicos actuales, por no comprender cómo surgieron.

A menudo se hacen críticas, pero ¿cómo se puede ayudar a los profesores que desean utilizar la historia de la ciencia en sus clases de ciencias? En este sentido, presentamos algunas sugerencias. Los textos históricos de los libros de texto deben escribirse en colaboración con historiadores de la ciencia especializados en los temas tratados. Orientar a los docentes sobre aspectos problemáticos en los textos históricos para que no los utilicen en sus clases. Por ejemplo, desconfiar de los informes que presentan investigadores que llegan a conclusiones sin ninguna dificultad. O científicos que sólo se presentan como si cometieran errores, especialmente si sus ideas no son aceptadas actualmente. Ojo con informes que no presenten información sobre el contexto científico y social de la época, o alternativas a la propuesta del autor; uso de terminología

exactamente igual a la que utilizamos actualmente cuando tratamos contribuciones del pasado, como la propuesta de Charles Darwin en el siglo XIX. Además, ofrecer cursos de educación continua más cursos de Historia de la Ciencia en carreras de pregrado en las universidades; lectura de artículos en revistas o libros especializados. A continuación, presentaremos algunos ejemplos del uso de la historia de la evolución en la enseñanza de la evolución en los niveles secundario y superior.

Estudios de evolución y desarrollo (evo-devo) de plantas en el trópico americano: oportunidades y retos de nuestra biodiversidad

Natalia Pabón-Mora¹; Favio González²

¹Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

²Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá.

El trópico americano contiene algunas de las regiones más ricas de la biodiversidad del planeta y un amplio rango de nichos en los que la adaptación a ambientes extremos los convierte en laboratorios naturales. En Colombia, por ejemplo, los Andes se dividen en tres cordilleras que forman un mosaico de ecosistemas, desde manglares, selvas pluviales y sabanas, pasando por bosques secos y bosques nublados hiperhúmedos, hasta los altos y extensos páramos y superpáramos. Este rango de ambientes y sus dinámicas históricas ha moldeado la diversificación de numerosos linajes de plantas nativas con rasgos morfológicos y coevolutivos extraordinarios, y representan organismos tropicales no modelo que requieren estudios profundos de evolución y desarrollo. Durante una década, nuestro laboratorio ha desarrollado las siguientes cuatro líneas de investigación en plantas neotropicales: (1) el estudio de las bases genéticas de la floración, en particular la transición a la fase reproductiva, proceso crítico para la supervivencia en el que convergen factores endógenos y señales ambientales; hemos estudiado la ruta de floración especialmente en orquídeas, cuyos tiempos de floración varían de acuerdo al hábito de las especies. (2) El estudio de los genes asociados a la identidad, modificación, coloración y ornamentación de los órganos florales en especies de las familias Aristolochiaceae, Papaveraceae y Tropaeolaceae. (3) La identificación de la variación anatómica y genética que ocurre durante la ontogenia de los frutos, órganos vitales que representan modificaciones extremas de los carpelos. Estos estudios se han enfocado en la familia del tomate y el tabaco (Solanaceae), el café (Rubiaceae), los injertos o matapalos (Loranthaceae) y el granizo (Chloranthaceae). Y (4) el estudio del desarrollo y morfologías y evolución de genomas atípicas de plantas parásitas, con especial atención a los miembros de las Apodanthaceae, un linaje de especies holoparasíticas, que han perdido raíces, tallos y hojas y viven como pequeños conjuntos de células dentro de otras plantas, formando solo flores y frutos que viven a expensas de su hospedero y emergen de éste para completar su ciclo de vida. Estamos estudiando especies de los dos géneros de esta familia que crecen en ambientes extremos, *Apodanthes caseariae*, parásita primaria de árboles de Casearia (Salicaceae) en bosques húmedos; y *Pilostyles boyacensis*, parásita exclusiva de *Dalea cuatrecasii* (Fabaceae) en matorrales secos. En esta presentación mostraremos, cómo han surgido estos proyectos, cómo hemos avanzado en los distintos frentes de investigación, y qué resultados son

destacables de cada línea de investigación, cuáles han sido las herramientas esenciales para estudiar especies no-modelo, y cuáles son los principales retos asociados a la investigación de esta disciplina en Latinoamérica, retos que continuaremos superando, ojalá conjuntamente con otros países de la región.

Plant evo-devo, an organismal perspective

Pamela K. Diggle¹

¹University of Connecticut, Connecticut, USA.

I will briefly trace the origins of plant evo-devo from the work of Caspar Friedrich Wolff (1759), through Johann Wolfgang Goethe (e.g. 1790) through the resurgence of interest in the 1980s and beyond. Throughout this time, much of the focus was (and continues to be) on individual plant organs (leaves, petals, etc.) rather than on individual plants as whole organisms that are developing and functioning in the natural environment. I will then review the obstacles to, and insights provided by, whole plant (organism level) evo-devo. I will focus on three topics with examples. First, comparative analyses are the foundation of evo-devo. Because plants develop by the activities of indeterminate apical meristems, plant form is dynamic and constantly changing. One of the first obstacles to organism level evo-devo, then, is how such dynamic phenotypes can be meaningfully compared. Second, the indeterminate nature of plant development, with the continued production of new organs (e.g., leaves), has led to the implicit assumption that all such repeated organs are inherently similar. I will argue that this assumption is not only incorrect, but that the inherent variation among organs within along an axis (positional variation) provides raw material for evolutionary diversification of organ form and function. Finally, many of our assumptions about the function of individual organs are based on assessment of the mature forms, without consideration of the timing and context of their initiation and development. I will show that this is a particularly flawed assumption for temperate woody species where initiation and function may be separated by several seasons and form may be influenced by temporal aspects of shoot development.

Genómica poblacional: nuevos datos que responden viejas preguntas en ecología y evolución

Viviana Andrea Confalonieri^{1,2}

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), UBA-CONICET.

²Departamento de Ecología, Genética y Evolución (FCEyN, UBA).

Con la llegada de las tecnologías de secuenciación de “próxima generación”, el estudio de la variación genética poblacional adquirió una nueva dimensión, convirtiendo la genética de poblaciones tradicional en lo que ahora llamamos “genómica de poblaciones” (GP). Si bien este cambio implicó un aumento considerable en el número de marcadores moleculares a analizar, la GP es mucho más que simplemente la genética de poblaciones de “grandes datos”, ya que viene acompañada de cuestiones biológicas y modelos estadísticos específicos. Este campo emergente permitió avanzar sustancialmente en nuestro conocimiento sobre la evolución de las especies y poblaciones, pero también en cuestiones más aplicadas, como la conservación de la biodiversidad, el mejoramiento de especies de interés agronómico o la salud humana y animal. La GP involucra aproximaciones conceptualmente nuevas que permiten contestar preguntas que hubieran sido inabordables desde los métodos genéticos tradicionales; esto se logra gracias al uso de suficiente densidad de marcadores distribuidos a través de todo el genoma lo que aumenta la probabilidad de encontrar regiones genómicas asociadas a determinados rasgos bajo presión selectiva, y diferenciarlas de las variantes neutrales. El análisis de estas últimas permitirá estudiar la acción de fuerzas evolutivas como la deriva genética y el flujo génico. En esta presentación mostraremos ejemplos de nuestros trabajos de investigación en donde la aplicación de metodologías de tipo RADseq (Restriction-site Associated DNA sequencing) y el uso de herramientas de análisis GP nos permitió responder preguntas que antaño eran de difícil abordaje a partir de la genotipificación de miles de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), en cuatro especies de interés ecológico y evolutivo.

La rata *Rattus norvegicus* y el mosquito *Aedes aegypti* son especies invasoras de distribución mundial con numerosas implicancias económicas y sanitarias, que han colonizado exitosamente el ambiente urbano en estrecha asociación con el hombre. Mediante estudios GP realizados en Ciudad (CABA) y provincia de Buenos Aires pudimos determinar que el ambiente altamente urbanizado de CABA estructura y por lo tanto disminuye la conectividad de las poblaciones de ratas, en comparación a las coleccionadas en paisajes rurales, que presentan bajos niveles de diferenciación y alta dispersión, particularmente en aquellas cercanas a cursos de agua. Las poblaciones de mosquitos coleccionadas en CABA presentaron en cambio una mayor dispersión y menor estructuración en ambientes altamente urbanizados que en aquellos con un grado menor de urbanización. Estos resultados sugieren que los programas de control sanitario deberían tener en cuenta la heterogeneidad del paisaje con el fin de aumentar su eficacia.

A una escala geográfica y temporal mucho mayor, se estudiaron poblaciones del langostino *Pleoticus muelleri* a lo largo de toda su distribución en el Océano Atlántico desde Brasil (20°S) hasta Argentina (50°S). Los análisis GP indican la existencia de dos grupos genéticos que podrían ser

consecuencia de barreras al flujo génico, tanto físicas como adaptativas. Estos resultados son esenciales para un manejo sustentable de este recurso pesquero.

Finalmente, se estudiaron poblaciones de tucuras sudamericanas de distribución andina pertenecientes al complejo de especies "*Trimerotropis pallidipennis*". Algunos linajes del complejo presentan inversiones cromosómicas cuyas frecuencias varían a lo largo de gradientes altitudinales (clinas), las que tendrían un significado adaptativo. Un estudio GP permitió identificar "clusters" de genes en desequilibrio de ligamiento asociados a las inversiones, algunos de los cuales serían no neutrales. Además, las clinas podrían ser producto de barreras postcigóticas extrínsecas y selección con coeficientes variables a lo largo de gradientes ambientales, lo que resulta en una zona híbrida entre distintos linajes del complejo. Estos ejemplos muestran la variedad de preguntas que pueden responderse tanto ecológicas como evolutivas, a distintas escalas de análisis espaciales y temporales.

Simposios

Simposio extendido de evo-devo

Variación latitudinal en el tiempo desde la ingesta de sangre hasta la puesta de los huevos de *Aedes aegypti* en dos fotoperiodos distintos

Belén Fuentes¹; Javier Giménez²; Cristian Di Battista³; Camila Rippel⁴; Sylvia Fischer¹

¹Grupo de Estudio de Mosquitos, Departamento de Ecología, Genética y Evolución e Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Medicina Regional, Área de Entomología. Avenida Las Heras 727. Resistencia, Chaco, Argentina.

³Instituto de Limnología “Dr. Raúl A. Ringuelet”, Universidad Nacional de La Plata- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro Científico Tecnológico (CCT) La Plata, Boulevard 120 y 62 N° 1437, La Plata (B 1900), Buenos Aires, Argentina.

⁴Instituto de Biología Subtropical (IBS) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas- Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales-Universidad Nacional de Misiones (CONICET-FCEQyN-UNaM), Félix de Azara 1552, Piso 6º, Posadas, Misiones, Argentina.

Contacto: mbe.fuentes@gmail.com

Los insectos tienen distintos mecanismos que facilitan la persistencia de las poblaciones durante períodos desfavorables. Una respuesta a las variaciones latitudinales relacionadas con la duración e intensidad de las condiciones invernales puede ser la modificación de los tiempos biológicos. Como adaptación a los ambientes estacionales con climas templados, donde la temporada cálida tiene una menor duración, los insectos podrían acortar su ciclo de vida para maximizar la cantidad de ciclos de desarrollo y reproducción antes de la llegada del invierno. Además, para muchas especies de mosquitos el acortamiento del fotoperíodo en ambientes estacionales es un indicador ambiental que anticipa la llegada del invierno y puede inducir cambios en su desarrollo, crecimiento y comportamiento. *Aedes aegypti* es el principal vector de varias enfermedades virales como el dengue, fiebre chikungunya, fiebre amarilla y zika en América. En Argentina esta especie se registra en todas las provincias del norte del país, extendiéndose en el sur hasta las provincias de Buenos Aires, La Pampa, Río Negro y Neuquén. Durante las últimas dos décadas se registró una expansión en su rango geográfico que podría estar favorecida por adaptaciones específicas para persistir en regiones que presentan inviernos largos y fríos. Esta idea es sustentada por características recientemente descubiertas por este grupo de estudio para poblaciones de *Ae. aegypti* de la provincia de Buenos Aires, que no se observan aún en otras partes del mundo. Por ejemplo, en respuesta a fotoperiodos cortos las hembras alcanzan tamaños más grandes, tardan más en oviponer, los huevos contienen un mayor contenido de lípidos y su inhibición a eclosionar es mayor que bajo fotoperiodos largos. Si estas respuestas son consecuencia de un

proceso de adaptación, se esperaría que las poblaciones de regiones más cálidas tengan ciclos de vida más largos y una menor respuesta al fotoperiodo corto que las observadas en poblaciones de la región templada. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la latitud y fotoperiodo sobre aspectos relacionados con el ciclo de vida de *Ae. aegypti* en poblaciones de regiones climáticamente distintas. Se trabajó con cuatro poblaciones de Argentina, dos provenientes de la región templada (ciudad de Buenos Aires y Saladillo) y dos de la región subtropical (Resistencia y Posadas). Para cada localidad se realizó una cría de amplificación F0 a partir de huevos obtenidos a campo. Con los huevos obtenidos de las colonias de amplificación se comenzó el experimento estableciendo dos colonias F1, una en fotoperiodo corto (10:14 L:O) y otra en fotoperiodo largo (14:10 L:O) a 21°C. Para cada colonia se evaluó el tiempo entre la ingesta de sangre por parte de las hembras y la puesta de huevos. Esta variable se analizó mediante un análisis estadístico de supervivencia y las comparaciones entre fotoperiodos se realizaron con la prueba de Gehan Wilcoxon y para ver las diferencias entre poblaciones se realizó un GLM con distribución Gamma. Se encontró que el tiempo hasta la oviposición fue significativamente mayor para el fotoperiodo corto en las cuatro poblaciones y los tiempos hasta la puesta de los huevos fueron alrededor de un 20% más cortos en las poblaciones templadas que en las poblaciones subtropicales para los dos fotoperiodos. Los resultados obtenidos sugieren que las cuatro poblaciones estudiadas tienen sensibilidad al fotoperiodo durante la reproducción independientemente de su origen geográfico. Los tiempos reproductivos más cortos en las poblaciones templadas permitirían acortar los ciclos biológicos y aprovechar mejor las temporadas cálidas más cortas en esta región. El alargamiento del tiempo de oviposición bajo un fotoperiodo corto sugiere que podría estar ocurriendo un proceso fisiológico distinto para producir huevos más resistentes a las condiciones invernales.

El cráneo perinatal de *Dasyus hybridus* (Mammalia, Xenarthra, Cingulata), anatomía comparada y secuencia de osificación en una especie de armadillo precocial

Guadalupe R. Sánchez-Sánchez^{1,2,3}; A.A. Carlini^{1,2,3}

¹Laboratorio de Morfología Evolutiva y Desarrollo (MORPHOS) Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Paseo del Bosque s/n, B1900FWA, La Plata, Argentina.

²Cátedra Anatomía Comparada, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Contacto: guadaluperociosanchezsanchez@gmail.com

Xenarthra es un grupo distintivo de Sudamérica, que incluye los armadillos Dasypodidae y Chlamyphoridae. Pese a que el cráneo mamaliano es una estructura de las más estudiadas, conocemos poco sobre su desarrollo fetal y perinatal. En el caso de los armadillos, son pocos trabajos los que lo han abordado, primariamente en aspectos descriptivos de su anatomía general, pero no atendiendo a la sucesión de cambios estructurales en etapas perinatales. Si bien la secuencia de

desarrollo contempla un continuo de cambios entre el embrión y el adulto, hay momentos clave (e.g. lapso perinatal), donde se debe enfrentar estructuralmente la transición a una vida postnatal con dependencia decreciente. Los euterios difieren en su grado de madurez (desarrollo) neonatal, algunos con neonatos inmaduros (pobrementemente desarrollados, altamente dependientes), y otros más maduros (desarrollados, con mayor independencia). Estas diferencias en el grado de desarrollo neonatal abarcan un rango, cuyos extremos son los neonatos altriciales, inmaduros, con visión y audición muy pobre, casi sin pelaje y movimientos torpes, y los neonatos precociales, más maduros y autónomos, con ojos abiertos, pelaje desarrollado, y movimientos coordinados. El objetivo primario de esta contribución es aportar evidencia de la secuencia de desarrollo craneano fetal-perinatal en *Dasypus hybridus*, y analizar la congruencia de estos datos con la madurez al nacimiento de una especie supuestamente precocial. En el presente estudio analizamos un total de 40 especímenes perinatales de *Dasypus hybridus* pertenecientes a la colección del Laboratorio de Morfología Evolutiva y Desarrollo, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP. De ellos, 24 son prenatales y fueron ordenados en estadios utilizando como proxy el largo total del cráneo (LTC), y los 16 restantes son postnatales y se ordenaron además por la edad absoluta medida en días luego del nacimiento. Los cráneos fueron fotografiados, medidos y procesados según la técnica de aclaramiento enzimático y doble tinción, para su ulterior observación bajo lupa estereoscópica. En el primer estadio que poseemos (19.9 mm LTC), pudimos ver que la mayor parte de los huesos ya se encuentran osificados, a excepción del petroso, mesetmoides y el complejo de turbinales; todos estos elementos se encuentran ampliamente distanciados entre sí. En los estadios siguientes (rango de LTC entre 36.0 y 51.0 mm) vemos como cada hueso aumenta en superficie y comienzan el proceso de formación de suturas, comienza la osificación del petroso, y la mineralización de las piezas dentarias. En los estadios próximos al nacimiento (prenatales de mayor LTC) notamos el comienzo de la osificación del mesetmoides y de los etmoturnbinales, la elongación y el aumento de convexidad de los frontales coincidente con el aumento de tamaño de los etmoturnbinales. En los estadios postnatales estudiados (hasta los 30 días), progresivamente el cráneo incrementa la suturación de los diferentes huesos, alarga la región rostral por la elongación de los nasales, maxilares y premaxilares, y los frontales aumentan su convexidad en la región pre-orbitaria mostrando la impresión que ocasionan los etmoturnbinales. Hacia el día 5 postnatal comienza la osificación de los maxiloturbinales, y en el ejemplar de 30 días de edad (el más avanzado de nuestra secuencia), vemos el piso del neurocráneo (en su parte anterior) cerrándose por la aproximación en la línea media de los orbitoesfenoides; los nasos turbinales aún no osifican. El grado de osificación de los elementos craneanos en esta especie (*Dasypodidae*) es más avanzado que el de los *Chlamyphoriidae* en estadios tempranos de su desarrollo, ajustándose a la hipótesis de una estrategia de tipo precocial.

Centros de osificación craneanos perinatales en tres especies de armadillos (Cingulata, Xenarthra, Mammalia) con diferentes grados de madurez neonatal

Guadalupe R. Sánchez-Sánchez^{1,2,3}; A.A. Carlini^{1,2,3}; F.C. Galliari^{1,3}.

¹Laboratorio de Morfología Evolutiva y Desarrollo (MORPHOS) Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Paseo del Bosque s/n, B1900FWA, La Plata, Argentina.

²Cátedra Anatomía Comparada, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Contacto: guadaluperociosanchezsanchez@gmail.com

Al momento del nacimiento los mamíferos pueden tener un desarrollo altricial (neonatos inmaduros), o un desarrollo precocial (neonatos más maduros). Entre los armadillos, *Dasyopus hybridus* es considerada precocial, mientras que *Chaetophractus villosus* y *C. vellerosus* son de tipo altricial. Estas tres especies fueron analizadas identificándose los centros de osificación craneanos perinatal presentes, para estimar el grado de madurez del desarrollo de cada especie. Debido a que solo algunos ejemplares eran de edad conocida, y por tratarse de tres especies distintas, el momento aproximado del nacimiento para especímenes de edad desconocida fue estimado según el porcentaje relativo del largo craneano total (LCT) de cada espécimen, respecto del LCT del adulto promedio, y para los neonatos la edad se contó en días sucesivos posteriores al nacimiento. Registramos las osificaciones craneanas presentes en cada momento (sobre un total de 25 huesos del cráneo adulto), en el contexto de un espectro altricial/precocial de las tres especies. Se analizaron 69 especímenes (40 *D. hybridus*, 11 *C. vellerosus*, 18 *C. villosus*), que fueron procesados mediante doble tinción y aclaramiento enzimático (azul alciano y rojo alizarina). Los centros de osificación fueron registrados como “presentes” cuando se observaba la aparición de tinción con rojo alizarina. Para *Dasyopus hybridus*, observamos que los individuos perinatales presentan un LCT de entre el 47% y 54% respecto del adulto, con 23 osificaciones presentes (dentario, premaxilar, maxilar, palatinos, petrigoides, nasal, lagrimal, yugal, escamoso, frontal, parietal, ectotimpanico, vomer, septo maxilar, aliesfenoides, orbitoesfenoides, basiesfenoides, supraoccipital, exoccipital, basioccipital, petroso, mesetmoides y etmoturbinales). Para *C. vellerosus*, los individuos nacerían en un rango de LCT del 43% y 50%, y para *C. villosus*, lo harían entre el 32% y 40% respecto del adulto; ambas especies muestran 20 osificaciones craneanas presentes en este lapso evaluado (dentario, premaxilar, maxilar, palatinos, petrigoides, nasal, lagrimal, yugal, escamoso, frontal, parietal, ectotimpanico, vomer, septo maxilar, aliesfenoides, orbitoesfenodides, basiesfenodides, supraociipital, exoccipital y basioccipital). Estos datos coinciden con la hipótesis que *Dasyopus hybridus* es precocial, en tanto que las especies de *Chaetophractus* estudiadas serían altriciales.

Primeros análisis de la heterocronía de secuencias en la esqueletogénesis craneana de Cingulata (Mammalia, Xenarthra)

Guadalupe R. Sánchez-Sánchez^{1,2,3}; F.C. Galliari^{1,3}; A.A. Carlini^{1,2,3}

¹Laboratorio de Morfología Evolutiva y Desarrollo (MORPHOS) Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Paseo del Bosque s/n, B1900FWA, La Plata, Argentina.

²Cátedra Anatomía Comparada, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Contacto: guadaluperociosanchezsanchez@gmail.com

Durante el desarrollo del cráneo, el organismo pasa por una secuencia de aparición de centros de osificación. Estos sucesos acarrearán gran importancia ya que los cambios en estas secuencias (=heterocronías) son considerados como mecanismos potenciales de evolución en los vertebrados. Los trabajos analíticos sobre heterocronía en secuencias de osificación y particularmente en el cráneo de los mamíferos se han incrementado notablemente en los últimos años. Sin embargo, los xenartros, especialmente los cingulados, fueron poco estudiados en este sentido. En este trabajo analizamos las secuencias de osificación craneanas de Xenarthra, con énfasis en Cingulata, en un marco filogenético para identificar cambios heterocronicos en este clado. Se analizaron 57 especímenes prenatales y postnatales de armadillos (Cingulata, Xenarthra): dos de la familia Clamyphoridae (*Chaetophractus vellerosus* y *C. villosus*) y uno de la familia Dasypodidae (*Dasypus hybridus*). A estos especímenes se sumó información de secuencias de osificación craneana de otros taxones de mamíferos (euterios y no euterios) y de no-mamíferos, totalizando 38 especies, con el objetivo de ampliar y complementar el esquema de relaciones filogenéticas que permita caracterizar el clado Xenarthra. Se realizó una técnica de aclaramiento enzimático y doble tinción con azul alcian (para identificar cartílago) y rojo alizarina (para detectar hueso) y se registraron los centros de osificación de 18 elementos craneanos. A partir de la obtención de las secuencias se utilizó el método de Parsimov (Jeffery *et al.* 2005), para detectar eventos heterocronicos. La hipótesis filogenética utilizada (=topología) se obtuvo a partir de diversas fuentes bibliográficas, priorizando aquellas con mayor cantidad de taxones y de caracteres (moleculares y/o morfológicos). Podemos observar que los cambios heterocronicos para el clado Xenarthra son el premaxilar, el maxilar y el dentario que osifican más tarde que el aliesfenoides en contraste con el basioccipital que osifica antes del aliesfenoides. En el clado de los Cingulata no se registran cambios heterocronicos, mientras que para la especie, *Chaetophractus villosus* el premaxilar y el dentario, osifican antes que el maxilar, palatino, frontal, nasal, parietal, escamoso, yugal y lagrimal, en contraposición que el basioccipital, supraoccipital, exoccipital, aliesfenoides y orbitoesfenoides que lo hacen más tarde respecto de los elementos antes citados. Para *Chaetophractus vellerosus* y *Dasypus hybridus* basiesfenoides, aliesfenoides y orbitoesfenoides osifican antes que el premaxilar, maxilar, dentario, frontal y escamoso. La gran cantidad de cambios heterocronicos (apomorfías) que se registran para los nodos terminales, tanto en este primer análisis como en los trabajos previos, es probablemente producto de la baja resolución de algunas secuencias donde existen gran cantidad de eventos simultáneos. Esto último es inherente al método Parsimov y se espera que cuando las secuencias

tengan mejor resolución el número de apomorfías disminuya. Por esta razón estos estudios requieren de la obtención de secuencias con un número cada vez mayor de estadios ontogenéticos que permitan disminuir el número de eventos simultáneos.

Integración y modularidad alar en *Drosophila*: un enfoque multinivel para comprender el origen de los rasgos morfológicos

Hugo A. Benítez^{1,2,3}

¹Laboratorio de Ecología y Morfometría Evolutiva, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca 3466706, Chile.

²Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE).

³Cape Horn International Center (CHIC), Puerto Williams, Chile.

La variación estática, del desarrollo y evolutiva son diferentes fuentes de variación morfológica que pueden cuantificarse mediante herramientas de morfometría. En el presente trabajo, hemos realizado un estudio comparativo a múltiples niveles de integración (es decir, estática, del desarrollo y evolutiva) para adquirir una visión de las relaciones que existen entre sus diferentes niveles, y así comprender mejor su participación en los procesos evolutivos relacionados con la diversificación de la forma alar en *Drosophila*. Este enfoque se aplicó en 60 especies repartidas entre los diferentes grupos del género. La integración estática se analizó mediante un análisis de componentes principales, proporcionando así una medida de integración para la forma general del ala. La integración del desarrollo se estudió entre las partes del ala utilizando un método de mínimos cuadrados parciales entre los compartimentos anterior y posterior del ala. La integración evolutiva se analizó utilizando diferentes índices (CR y RV) y software. Los resultados actuales muestran que todas las especies de *Drosophila* exhiben una fuerte integración morfológica en diferentes niveles. La fuerte integración y las similitudes generales observadas en múltiples niveles de integración sugieren un mecanismo compartido subyacente a esta variación, que podría ser el resultado de posible deriva genética actuando sobre la forma del ala de *Drosophila*.

La ornamentación modular en la evolución de los bivalvos trigónidos

Javier Echevarría^{1,2}

¹División Paleozoología Invertebrados, Museo de La Plata.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Contacto: javierechevarria@fcnym.unlp.edu.ar

Los bivalvos trigónidos surgieron en el Silúrico y alcanzaron una fuerte diversificación durante el Mesozoico, siendo conspicuos componentes de las faunas marinas de ambientes someros. Llegan a la actualidad representados por un único género. Pueden presentar tres tipos de costillas: comarginales (paralelas a las líneas de crecimiento y producidas por extrusión periódica del manto), radiales (vinculadas a puntos fijos de secreción del manto, dando por resultado helicoespiras) y oblicuas a las líneas de crecimiento (con un desarrollo intermedio entre los otros dos tipos). Estos tres tipos de costillas pueden encontrarse asociados de diferentes maneras en el grupo.

En la modularidad, el organismo es visto como una integración de unidades parcialmente independientes interactuando. Un factor clave de un módulo evolutivo es su habilidad de cambiar de manera independiente del resto del cuerpo, permitiendo procesos como la evolución en mosaico. Como consecuencia, los diferentes módulos responderán a diferentes funcionalidades.

En la presente contribución se analizan los variados patrones de ornamentación de los bivalvos trigónidos buscando reconocer módulos en su superficie externa. Dado el crecimiento acrecional de la conchilla de los bivalvos, un módulo desde el punto de vista del desarrollo debe estar vinculado a una porción definida del margen secretor del manto, dando como resultado una superficie de disposición radial. En la conchilla de las trigonias pueden reconocerse tres módulos principales de disposición radial: un flanco antero-ventral; un área, generada por el margen posterior; y un escudete, generado por el margen dorsal. Estos tres módulos son ampliamente reconocidos en la literatura (aunque rara vez tratados como tales), y se les reconoce una funcionalidad propia a cada uno, pero el enfoque modular puede ampliarse incluso a divisiones menores dentro de estas tres superficies.

En la familia Trigoniidae se observa una modularidad incipiente al inicio de su historia evolutiva (Triásico Medio), con costillas radiales del área muy tenues y líneas de crecimiento más marcadas en el flanco. Para el Jurásico-Cretácico, las costillas comarginales del flanco aparecen bien definidas y pueden cruzar hacia el área, generando un patrón reticulado. En los géneros Cenozoicos se observa una transición en el flanco de costillas comarginales a costillas radiales; esta se genera por una fragmentación de las costillas del flanco (comenzando posteriormente) en tubérculos aislados pero alineados radialmente. Al avanzar el patrón, estos alineamientos radiales empiezan a generar un relieve propio, definiendo verdaderas costillas radiales.

Los Frenguelliellidae, en el Jurásico Temprano, muestran también una ornamentación modular incipiente, dominada en todas sus superficies por costillas comarginales pero con densidades variables en las diferentes superficies. Además, el desarrollo de un surco medio en el área, reflejado internamente como una cresta posterior, les permite una separación efectiva de las corrientes de agua sin desarrollar verdaderos sifones. Los Frenguelliellidae son generalmente aceptados como ancestrales a los Myophorellidae; la transición entre ambos muestra el pasaje de las

costillas comarginales del flanco a costillas oblicuas a las líneas de crecimiento, nuevamente con fases intermedias dadas por la fragmentación posterior de las costillas en tubérculos alineados radialmente, aunque no alineadas comarginalmente sino escalonadas.

Los Vaugoniidae, que aparecen durante el Jurásico Temprano, muestran también una subdivisión del área, sólo que en este caso dada por un desnivel en lugar de un surco. Por otra parte, el flanco muestra también una subdivisión en módulos con diferentes patrones de ornamentación: uno posterior, de costillas subverticales o subradiales, y uno anterior típicamente de costillas horizontales (a veces oblicuas, a veces comarginales). Estos módulos pueden presentar variaciones entre las diferentes especies.

El estudio de los trigónidos dentro del marco conceptual de la modularidad puede contribuir de manera significativa a una mejor comprensión de la evolución del grupo, ayudando a establecer una filogenia sólida, algo aún pendiente en el grupo.

Evolución genómica tras dos introducciones contrastantes del escarabajo estercolero *Onthophagus taurus*

Lican E. Martínez¹; Anna L.M. Macagno²; Armin P. Moczek²; Eduardo E. Zattara^{1,2}

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente (INIBIOMA), Universidad Nacional del Comahue - CONICET. Quintral 1250, Bariloche, 8400 Rio Negro, Argentina.

²Department of Biology, Indiana University. 915 East Third Street, 102 Myers Hall. Bloomington, Indiana, 47405-7107, Estados Unidos.

Contacto: lican.e.martinez@gmail.com

Las invasiones biológicas permiten analizar procesos evolutivos durante las etapas más tempranas de radiación demográfica y exposición a condiciones novedosas para una especie. Estos procesos alteran la estructura y diversidad genética de las poblaciones invasoras, por lo que es posible estudiar su dinámica mediante el análisis de marcadores genéticos. Genotipar individuos muestreados tanto en su rango nativo como en regiones recientemente colonizadas permite dilucidar la historia demográfica del proceso de invasión – la dispersión, los cuellos de botella, efectos de fundación, las radiaciones, etc. – así como detectar procesos adaptativos resultantes de presiones selectivas diferentes a aquellas presentes en la región de origen; esto a su vez permite detectar genes que subyacen cambios adaptativos en el desarrollo de las poblaciones invasoras.

En este trabajo, caracterizamos los patrones de diversidad genética en un sistema modelo de la biología de la evolución del desarrollo: el escarabajo estercolero *Onthophagus taurus*. Esta especie, nativa del continente europeo, fue introducida en Australia y en Norteamérica durante el siglo pasado. Ambos continentes contrastan en su historial de introducción, intencional y bien documentada en Australia, y accidental a partir de fuentes desconocidas en Norteamérica.

Para dilucidar estos historiales genotipamos mediante secuenciación de *loci* asociados a sitios de restricción (RADseq) 129 individuos provenientes de poblaciones nativas de Europa (España, Francia e Italia), e invasoras de Australia y Estados Unidos. Del primer análisis preliminar, obtuvimos

un total de 61.537 SNPs distribuidos en 704.814 *loci*. Con estos datos, realizamos análisis de alelos privados, divergencia genética entre subpoblaciones, diversidad nucleotídica, admixture, PCA y coalescencia para discernir la estructura genética de las poblaciones estudiadas y su historia de ramificación.

Encontramos, en primer lugar, una clara diferenciación genética entre las poblaciones nativas de España, Francia e Italia. En segundo lugar, observamos una marcada reducción de la diversidad genética de las poblaciones introducidas tanto en Australia como en Estados Unidos. Las poblaciones de Australia muestran un alto grado de similitud genética con las poblaciones de la región de Italia en comparación con el resto de poblaciones nativas, lo que sugiere que los individuos introducidos en Australia provenían de esta región. Por otra parte, las poblaciones de Estados Unidos no muestran un grado de similitud genética tan marcado como el de las poblaciones australianas con ninguna de las poblaciones nativas consideradas en este estudio. Sin embargo, muestran una mayor similitud con las poblaciones de Italia que con las de Francia, y más aún que con las de España. Este patrón, junto con la disposición de las poblaciones introducidas en Estados Unidos en el espacio de variables genéticas capturado mediante PCA, es compatible con una introducción de individuos provenientes de regiones más orientales de Europa (por ejemplo, Grecia o Turquía).

Para ampliar el alcance de este estudio sobre los procesos evolutivos de este sistema, evaluaremos distintos estadísticos genéticos –*F_{st}*, *D* de Tajima, desequilibrio de ligamiento– de forma continua a lo largo del genoma de la especie. De esta forma, buscaremos patrones en la diversidad genética que muestren valores atípicos respecto al promedio del genoma, ya que este está dominado por la variación neutral, gobernada estocásticamente por procesos demográficos. Para comprender qué procesos orgánicos pueden estar sujetos a estas presiones selectivas, generamos un set de anotaciones génicas basado en información transcriptómica, predicciones *ab-initio*, curación manual de las mismas e identificación mediante el uso de BLAST contra bases de datos de genes de especies cercanamente emparentadas. El uso de estas anotaciones funcionales, en combinación con la detección de regiones genómicas con rastros de procesos selectivos, nos permitirá identificar qué aspectos de la biología de esta especie invasora pueden estar sufriendo cambios adaptativos.

Philodryas agassizii (Caenophidia, Dipsadidae), un taxón pedomórfico de la tribu Philodryadini

Mariana Chuliver¹; Agustín Scanferla¹

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) - Fundación de Historia Natural “Félix de Azara”. Hidalgo 775 (C1405BCK), Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

Contacto: marianachp@yahoo.com.ar

Se define a la heterocronía como cualquier cambio en la velocidad, la duración o el momento relativo de los eventos de desarrollo que puede provocar divergencias entre taxa que comparten un patrón común en la forma. Tradicionalmente se ha postulado que la heterocronía jugó un rol crucial en la evolución del cráneo de las serpientes, que además se correlaciona con un cambio en el

mecanismo de alimentación que permitió la ingesta de grandes presas enteras. Las serpientes Caenophidia representan uno de los grupos de reptiles más diverso, con más de 2500 especies distribuidas en todos los continentes excepto Antártida, e incluyen todas las especies venenosas conocidas. Dentro de este grupo, las serpientes de la tribu Philodryadini exhiben una amplia distribución en el Neotrópico, con diversas ecomorfologías, que abarcan desde formas terrestres hasta completamente arborícolas. Casi todas las especies del clado corresponden a formas de gran tamaño (1300–3000 mm SVL) que consumen una gran variedad de vertebrados. La excepción es *Philodryas agassizii*, una pequeña serpiente terrestre (300–400mm SVL) cuya dieta se especializa en arácnidos, principalmente del género *Lycosa*. Al comparar la morfología craneana de los adultos de las especies pertenecientes a la tribu Philodryadini, se observó que *P. agassizii* difiere notablemente del resto. Con el objetivo de explorar los procesos de desarrollo que podrían haber dado lugar a esta morfología disímil analizamos una serie ontogenética completa de la especie cercanamente emparentada *P. patagoniensis*, así como también juveniles y adultos de otras especies, utilizando reconstrucciones basadas en imágenes de microtomografía de rayos X. Asimismo, recopilamos información publicada y registros inéditos sobre el tamaño corporal y el tipo de presa consumida por especímenes de *P. patagoniensis*. La morfología craneana de los adultos de *P. agassizii* resulta notablemente similar a la de los individuos neonatos de *P. patagoniensis*. La misma se caracteriza por un aspecto general giboso debido al escaso desarrollo de las crestas parietales, la retención de un foramen lateral en el hueso cuadrado, e igual longitud del complejo mandibular que el resto del cráneo. Del mismo modo, la lepidosis cefálica de los adultos de *P. agassizii* se asemeja a la presente en neonatos de *P. patagoniensis*. En esta última especie se observan bandas oscuras entre las escamas supra e infralabiales en etapas tempranas de la ontogenia postnatal, mientras que dichas bandas están ausentes en la etapa adulta. Con respecto a la dieta, *P. patagoniensis* experimenta un cambio ontogenético, en el cual los juveniles consumen presas proporcionalmente pequeñas (como arañas y pequeños lagartos); en contraste, los adultos consumen vertebrados de mayor tamaño (como pequeños mamíferos y aves). Estas observaciones permiten inferir que los rasgos anatómicos de *P. agassizii* resultan de un truncamiento en su trayectoria de desarrollo craneano, lo que origina una morfología similar a la observada en juveniles de otras serpientes. Esto implica la reversión al estado ancestral en *P. agassizii* de caracteres craneanos clave para el consumo de grandes presas, lo cual se correlaciona con la particular dieta de esta especie basada principalmente en arañas. En este caso, el resultado de procesos heterocrónicos en el desarrollo de *P. agassizii* es la pedomorfosis, es decir, la retención en los adultos de rasgos presentes en las etapas juveniles de la ontogenia ancestral. De esta manera, por primera vez podemos demostrar que la heterocronía constituye un importante mecanismo de transformación estructural con consecuencias evolutivas en el clado Philodryadini, e involucrado en la radiación evolutiva en las serpientes Caenophidia.

Heterocronía, morfología floral y rendimiento en cultivos

Marina Strelin¹; Pamela Diggle²; Marcelo Aizen¹

¹Grupo de Investigación en Ecología de la Polinización, Laboratorio Ecotono, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA) (CONICET – Universidad Nacional del Comahue), San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina.

²Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Connecticut, Storrs, CT, USA.

El mejoramiento de cultivos se ha centrado tradicionalmente en aumentar el rendimiento, el contenido de nutrientes, la facilidad de cosecha y la resistencia al estrés ambiental utilizando un abordaje reduccionista, centrado en la mejora de rasgos individuales. Tal enfoque ha minimizado el hecho de que los rasgos de las plantas están integrados a lo largo de la ontogenia y que por ende responden de manera coordinada y predecible a la variación genética y ambiental. Esto, en última instancia, podría tener un impacto significativo sobre la producción de alimentos. La producción de semillas, frutos y la posibilidad de generar semillas híbridas en cultivos dependen en gran medida de la morfología y el sexo de las flores. Estas características, a su vez, pueden verse profundamente afectadas por pequeños cambios en la temporalidad y la tasa de desarrollo de los órganos florales (es decir, por heterocronía). Utilizaré tres ejemplos para mostrar cómo la comprensión de las bases genéticas y ambientales de la heterocronía floral, y su efecto sobre la morfología y el sexo de las flores, puede facilitar el mejoramiento de cultivos.

El análisis genómico comparado de dos especies hermanas de aves revela genes candidatos para la producción del canto

Natalia C. García¹ ; Leonardo Campagna^{2,3}; Andrew C. Rush^{4,5}; Rauri C. K. Bowie^{4,5}; Irby J. Lovette^{2,3}

¹División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Av. Ángel Gallardo 470, Buenos Aires, Argentina.

²Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, 159 Sapsucker Woods Road, Ithaca, NY 14850, USA.

³Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, 215 Tower Road, Ithaca, NY 14853, USA.

⁴Department of Integrative Biology, 3060 Valley Life Sciences Building, University of California, Berkeley, CA, USA.

⁵Museum of Vertebrate Zoology, 3101 Valley Life Sciences Building, University of California, Berkeley, CA, USA.

Contacto: natigarcia86@gmail.com

En especies hermanas que llevan poco tiempo de divergencia y que se diferencian en uno o pocos caracteres fenotípicos, es esperable que la mayor parte de su genoma presente bajos niveles de diferenciación, excepto en las regiones donde se encuentran los genes que subyacen a los caracteres que las diferencian. Las comparaciones a nivel de genoma completo entre especies que cumplen estas condiciones pueden proporcionar una forma de "experimento natural" para encontrar dichas áreas del genoma e identificar genes candidatos para la base genética de caracteres de interés. En aves, este enfoque ha sido útil para detectar marcadores relacionados con la coloración del plumaje, la morfología de las alas y el pico, y con rasgos comportamentales como la migración. De manera similar, podría explorarse la base genética de la comunicación vocal en especies de aves crípticas que sólo se diferencian en sus vocalizaciones innatas. Esta es una alternativa interesante para incrementar nuestro conocimiento sobre la genética de la comunicación acústica en vertebrados, que actualmente proviene en gran parte de investigaciones sobre trastornos del habla en humanos, mayormente centradas en el gen FoxP2.

Aquí investigamos las diferencias a nivel genómico entre dos especies hermanas de tiránidos (Aves: Passeriformes: Tyrannidae): *Empidonax difficilis* y *E. occidentalis*. Estos taxones eran considerados una única especie, pero fueron separados debido principalmente a diferencias en sus vocalizaciones innatas (ya que son virtualmente indistinguibles en base a la coloración del plumaje, tamaño u otros rasgos). Presentan baja diferenciación en su ADN mitocondrial y se estima que divergieron hace aproximadamente 350.000 años. Dado que el canto es un mecanismo importante de aislamiento reproductivo para las aves, la divergencia evolutiva de este carácter es relevante para la especiación, ya sea como producto de ella o como fuerza impulsora. Por lo tanto, al comparar los genomas de estas dos especies de tiránidos de divergencia reciente con diferencias vocales diagnósticas, esperábamos encontrar áreas del genoma que contengan loci asociados con la resistencia al flujo génico o que hayan sido objeto de selección reciente.

Secuenciamos los genomas ('whole-genome re-sequencing') de 20 individuos que previamente habían sido grabados y sus cantos asignados al de uno de los tipos de cada especie, y de 14 individuos híbridos putativos con tipos de cantos intermedios. Las lecturas obtenidas fueron alineadas al genoma de referencia de una especie del mismo género (*E. trailli*) que previamente había sido alineado al genoma del modelo de estudio *Zebra finch*, para orientar y agrupar los 'scaffolds' en cromosomas. Calculamos el F_{st} y otros parámetros pertinentes entre las especies y encontramos seis áreas de alta diferenciación que podrían estar asociadas con variaciones en las vocalizaciones de estas especies. En estas regiones estrechas encontramos un total de 67 genes descritos, tres de los cuales se han asociado previamente con formas de deterioro del lenguaje y dislexia en humanos, y 18 de los cuales se sabe que se expresan de manera diferencial en los núcleos del canto del cerebro aviar en comparación con las partes adyacentes del cerebro aviar.

Hace décadas que sabemos que la producción de vocalizaciones en muchas aves es innata (no requiere de un proceso de aprendizaje) y por lo tanto tiene una base genética. Sin embargo, nuestro conocimiento de qué genes podrían estar involucrados en la comunicación vocal en estas especies es muy limitado. Nuestros resultados identifican loci que potencialmente están asociados con la diferenciación del canto en especies no modelo con vocalizaciones innatas y que merecen una investigación más amplia en el futuro, enfocada en la expresión diferencial de estos genes candidatos y los efectos de suprimir su expresión en animales modelo, como se ha hecho con FoxP2.

Evo-Devo en plantas: ¿cómo compensar años de zoo-centrismo en la biología evolutiva y del desarrollo?

Natalia Pabón-Mora¹

¹Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

La presencia de las plantas en el planeta se da por sentada y aunque nuestro continente americano enfrenta fuertes presiones de pérdida de ecosistema por deforestación los esfuerzos para proteger, documentar y estudiar la vida vegetal son cada vez menos. Las plantas por ser organismos sésiles, modulares, ricos en bancos de células madre, una producción extrema de metabolitos raros, y con una tendencia extrema a la poliploidía permiten estudiar procesos y mecanismos que ocurren específicamente en esta rama del árbol de la vida y que no se repiten en hongos o animales. Históricamente, estudios en plantas fueron pioneros en el descubrimiento de los transposones y de mecanismos de cosupresión por activación de siRNA. En este contexto, ¿cómo promover el estudio y la conservación de las plantas en el contexto de la biología evolutiva y del desarrollo? Y ¿cuáles herramientas alternativas de secuenciación y silenciamiento de genes permitirían avanzar más rápido en esta disciplina?

Plasticidad fenotípica para caracteres morfológicos y para la relación entre los mismos en poblaciones naturales de *Drosophila melanogaster*: ¿existe plasticidad fenotípica para las relaciones alométricas?

Nicolás Flaibani^{1,2,3,4}; V. Ortiz^{1,2,3,4}; J.J. Fanara^{1,2,3,4}; V.P. Carreira^{1,2,3,4}

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Universitaria, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB).

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

⁴Universidad de Buenos Aires (UBA).

Contacto: n.flaiiba@hotmail.com

La plasticidad fenotípica es la capacidad de un genotipo de expresar diferentes fenotipos en distintos ambientes, de modo tal que una determinada variante fenotípica represente la mejor adaptación mediada por la selección natural. Muchos estudios han abordado esta temática analizando el efecto de diferentes condiciones ambientales que afectan el desarrollo (ej: modificando la temperatura, la calidad y cantidad de recursos en los medios de cría, etc.), demostrando la existencia de plasticidad para diferentes caracteres, principalmente morfológicos. La mayoría de estos trabajos han evaluado y demostrado la plasticidad de los caracteres de manera independiente, ignorando las relaciones que hay entre los mismos, las cuales podrían generar restricciones al cambio. Esto último, podría restringir la variabilidad fenotípica observada a través de las relaciones alométricas, lo que sugeriría la existencia de procesos de canalización a nivel de individuo. Bajo esta premisa, el presente trabajo evaluó el efecto de la temperatura en tres caracteres morfológicos y en sus asociaciones en tres poblaciones diferentes de *D. melanogaster*. En resumen, se analizó la existencia de plasticidad fenotípica para los caracteres independientemente, así como para las relaciones entre estos (alometrías).

Se estudió el largo del ala (LA), largo de tórax (LT) y la distancia interocular (DI) en hembras de tres poblaciones naturales: Uspallata y Lavalle (Mendoza, Argentina) y Raleigh (Carolina del Norte, USA) criadas a dos temperaturas diferentes (17° y 25°C), considerando densidades de individuos y fotoperiodo constantes. Se midieron 2375 hembras y en cada una de ellas se midieron los tres caracteres. Cada carácter se analizó en función de los factores Población, Temperatura y la interacción de dichos factores fijos mediante modelos lineales generales mixtos. Posteriormente, se realizaron comparaciones múltiples mediante el test de Tukey. Las correlaciones (alometrías) entre caracteres se evaluaron mediante el test Box-M, para analizar las correlaciones entre matrices. Se contemplaron las múltiples comparaciones corrigiendo los valores de significancia mediante el método de FDR.

Los tres caracteres presentaron diferencias tanto entre poblaciones como entre temperaturas, siendo en promedio mayores a 17°C. No obstante, dependiendo del carácter algunas poblaciones mostraron diferencias entre sí para una temperatura dada (interacción significativa entre Población y Temperatura). En este sentido, detectamos un menor tamaño del LA en la población de Raleigh respecto a las dos poblaciones argentinas a 25°C, por otro lado, para la DI no observamos diferencias a 25°C entre poblaciones, pero sí a 17°C, siendo las de mayores valores la de Uspallata. En

cuanto al LT, no se observó un patrón claro, tendiendo a ser de mayores dimensiones a 17° C, con excepción de la población de Lavalle, la cual no mostró diferencias significativas entre temperaturas. En relación a las comparaciones entre matrices, no detectamos diferencias significativas entre temperaturas para ninguna población. Sin embargo, sí detectamos diferencias entre las poblaciones de Uspallata y Raleigh en ambas temperaturas.

Nuestros resultados revelaron que cada carácter analizado presentó plasticidad fenotípica en relación a la temperatura de desarrollo, a diferencia al evaluar las relaciones alométricas, sugiriendo que las alometrías entre caracteres no varían ante cambios ambientales. Por otro lado, detectamos que existe variabilidad entre dichas relaciones entre poblaciones, indicando que hay diferencias poblacionales (debida a la presencia de variación genética) para los cambios alométricos en los caracteres aquí estudiados. Si bien este estudio preliminar sólo contempla las relaciones entre 3 caracteres morfológicos, consideramos relevante las conclusiones extraídas ya que permiten incorporar un nuevo nivel de análisis a la discusión sobre el impacto de la plasticidad fenotípica como sustrato para la selección.

Caracterización de las regiones UTR y su rol en la evolución de la anatomía foliar C4

Virginia Gigena¹; Renata Reinheimer¹

¹Laboratorio de Evolución del Desarrollo. Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, Universidad Nacional del Litoral, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UNL, CONICET), Centro Científico Tecnológico (CCT), Santa Fe, Argentina.

Contacto: virginiagigena97@gmail.com

En el ámbito de la biología de las plantas los mecanismos que dieron origen a la anatomía foliar Kranz y, con ello, al surgimiento de la fotosíntesis C4 es aún uno de los misterios sin resolver. En nuestro laboratorio estudiamos los mecanismos moleculares responsables del origen y diversificación de los sistemas fotosintéticos en hojas de gramíneas. En particular, buscamos profundizar el conocimiento sobre el rol de SHORT-ROOT (SHR) durante el desarrollo anatómico foliar. SHR es un factor de transcripción de la familia GRAS que se sabe contribuye al establecimiento de la vaina Kranz en hojas que realizan fotosíntesis C4 como el maíz. Empleando reconstrucciones filogenéticas hemos identificado duplicaciones de SHR exclusivas de gramíneas determinando la presencia de múltiples copias poco estudiadas, aquí denominadas SHR1a, SHR1b y SHR2. Con el objetivo de generar información sobre el rol de las diferentes copias de SHR en gramíneas decidimos, inicialmente, explorar el grado de conservación de las secuencias peptídicas y los patrones de expresión asociados a cada una de las copias mediante búsquedas BLASTp, alineamiento de secuencias y utilización de herramientas de visualización de la expresión en bases de datos gratuitas. Los resultados indican que la región codificante de todas las copias está altamente conservada. Por otro lado, los estudios de expresión sugieren diferencias en los patrones y niveles de expresión de las copias entre especies C3 y C4. En función de los resultados preliminares y la literatura disponible nos

propusimos analizar las regiones no traducidas (UTR, untranslated regions) de las copias de SHR de especies representativas de gramíneas con el objetivo de detectar elementos reguladores de expresión, que permitan explicar las diferencias en los patrones y niveles de expresión mencionados anteriormente. Para ello decidimos realizar un estudio comparativo de la región 5'UTR de los genes homólogos a SHR en especies de gramíneas C3 y C4 . Estas regiones 5'UTR fueron escaneadas usando el software MEME Suite con el objetivo de encontrar motivos conservados. Los resultados obtenidos indican que la región 5'UTR de SHR1a, de las especies C4 se encuentra altamente conservada y difiere notablemente de su homólogo C3 ; mientras que el nivel de conservación entre las secuencias 5'UTR de las copias restantes no es evidente. Adicionalmente observamos que, la región 5'UTR de SHR1a contiene un potencial upstream Open Reading Frame (uORF) a 40pb, aproximadamente, del sitio de inicio de la traducción. La presencia de elementos reguladores evolutivamente conservados en regiones no traducidas y la identificación de potenciales uORF sugieren que estas regiones pueden ser funcionalmente relevantes. Con el objetivo de evaluar el impacto de la región 5'UTR como reguladora de la función de SHR1, decidimos transformar plantas de *Nicotiana benthamiana* (tabaco), de forma transitoria con construcciones génicas que llevan las secuencias de los 5'UTR de SHR1 de *Setaria viridis* (C4) y *Oryza sativa* (C3) y la copia homóloga de *Arabidopsis thaliana* río arriba del gen reportero GUS y río abajo del promotor constitutivo 35S. Los resultados indican que los niveles de proteína GUS son significativamente menores cuando se encuentran bajo el 5'UTR de la copia SHR1a con respecto a la región no traducida de la copia b; por el contrario los niveles de expresión de GUS de las mismas muestras no mostraron diferencias significativas en los niveles de ARNm entre las copias. En consecuencia, las regiones 5'UTR podrían influir en la regulación a un nivel post-transcripcional entre las copias SHR1a y SHR1b. A partir de este trabajo logramos avanzar en el conocimiento del modo de acción SHR en el desarrollo vegetal y especialmente en el foliar de gramíneas.

Nuevos enfoques en filogenética

Filogenias y algo más: desentrañando la historia evolutiva de los capuchinos del género *Sporophila* (Aves: Passeriformes)

Darío A. Lijtmaer¹; Cecilia Estalles¹; Pablo L. Tubaro¹; Leonardo Campagna^{2,3}

¹Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” (MACN-CONICET), Buenos Aires, Argentina.

²Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, Estados Unidos.

³Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, Ithaca, Estados Unidos.

Los capuchinos del sur del género *Sporophila* constituyen una radiación explosiva reciente de 10 especies de aves semilleras que habitan los pastizales de Sudamérica con alto grado de simpatría. A pesar de las notorias diferencias en la coloración de los machos (y en menor medida en sus vocalizaciones), las diferencias genómicas entre las especies del grupo son muy escasas.

Debido a estas características, los estudios iniciales de los capuchinos, que consistieron en análisis filogenéticos basados en unos pocos marcadores de ADN mitocondrial, no sólo no permitieron establecer las relaciones de parentesco entre las especies, sino que ni siquiera posibilitaron diferenciarlas entre sí. El incremento tanto del muestreo como de la cantidad de información genética neutra utilizada, incluyendo la incorporación de miles de fragmentos generados por ddRADseq, permitió confirmar que efectivamente los capuchinos del sur constituyen una radiación explosiva reciente (menos de 500.000 años) con muy poca diferenciación genómica, falta de separación completa de linajes y posible presencia de hibridación. Sin embargo, dicha etapa del estudio tampoco permitió establecer las diferencias entre las especies a nivel genético y cómo ha ocurrido su diversificación y especiación.

Este panorama cambió recién cuando se pudieron estudiar genomas completos. Los primeros análisis mostraron que las especies del grupo efectivamente poseen muy escasa divergencia, difiriendo entre sí casi exclusivamente en áreas del genoma que incluyen genes de la síntesis de melanina (que es justamente el pigmento que le da la coloración a las plumas de estas especies y por ende su diferenciación fenotípica), y que dicha diferenciación no ocurre en los genes en sí mismos sino en sus regiones regulatorias. Más recientemente, y utilizando más de 120 genomas completos del grupo, combinamos aproximaciones filogenéticas con análisis complementarios para estudiar cómo habría ocurrido el proceso de especiación y el rol que habrían tenido la selección sexual y los mecanismos de aislamiento reproductivo precigótico en el mismo, poniendo particular énfasis en comprender mejor la base genómica de la coloración de estas especies y su diferenciación. Los análisis filogenéticos incluyeron reconstrucciones basadas en los genomas completos de las especies y su comparación con filogenias basadas en regiones específicas de divergencia genómica.

Por otro lado se estudiaron los genes contenidos dentro de las regiones genómicas que difieren entre las especies, y mediante GWAS se analizó la asociación entre variantes específicas de dichas regiones y la concentración de melanina en los parches de coloración de las plumas, mostrando que cada parche de color se asocia a combinaciones únicas de variantes génicas. Por otro lado, mediante análisis genómicos y experimentos comportamentales realizados con algunas de las especies del grupo, se verificó la existencia de apareamiento selectivo a pesar de la escasa diferenciación genómica.

Los resultados de estas últimas etapas mostraron que debido a la modularidad de los patrones de plumaje, nuevas combinaciones de variantes ya existentes de los genes de la síntesis de melanina, generadas por ejemplo por eventos aislados y poco frecuentes de hibridación, pueden derivar en la aparición de nuevos patrones de color sin la necesidad de nuevas mutaciones. Este mecanismo, ligado al aislamiento reproductivo pre-cigótico generado justamente por la aparición de estos nuevos patrones de color, podría originar nuevas especies y permitiría explicar la rápida radiación del grupo (y la dificultad de poder establecer inequívocamente las relaciones de parentesco en la mayoría de los casos, incluso con genomas completos). Este modelo además se suma a la creciente evidencia, que incluye tanto a otras aves como a los cíclidos y las mariposas del género *Heliconius*, que muestra que el proceso de especiación es mucho más complejo que lo que tradicionalmente se ha considerado bajo el paradigma de especiación alopátrica.

Rol de la morfología y fósiles para inferir historias biogeográficas en bosques filogenéticos

Iván L. F. Magalhaes¹

¹División Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", Av. Ángel Gallardo 470, C1405DJR, Buenos Aires, Argentina.

Muchos de los métodos para inferencias en biogeografía histórica requieren una filogenia resuelta y datada – es decir, las relaciones entre los organismos deben estar completamente conocidas y las edades de los nodos deben estar estimadas por algún método. Sin embargo, hay varias fuentes de incertidumbre que pueden afectar a los análisis filogenéticos, como: (1) nodos problemáticos, cuya resolución es difícil aún con métodos modernos de secuenciación masiva de ADN; (2) especies con distribución geográfica relevante, pero difíciles de coleccionar e incluir en los muestreos de datos moleculares; (3) estimas de edades de los nodos dependientes de la elección adecuada de puntos de calibración temporal. Todo esto hace que las estimaciones de historias biogeográficas sobre un único árbol considerado “óptimo” puedan sesgar las conclusiones. En esta charla, discutiré algunos de estos problemas y posibles soluciones. En particular, espero demostrar que es importante tener en cuenta la incertidumbre de la topología y edades estimadas. Para lograr eso, las inferencias biogeográficas se deben hacer sobre una muestra de árboles que sean representativas de las historias posibles—efectivamente, un bosque filogenético. Usaré como ejemplos algunos estudios empíricos sobre la biogeografía de diferentes grupos de arañas. Estos

organismos tienen una historia antigua en los ecosistemas terrestres, siendo modelos adecuados para varias preguntas en biogeografía. Primero, presentaré una pequeña revisión de su registro fósil y su utilidad para estimar los tiempos de divergencia y los peligros de malinterpretar el registro fósil al buscar calibraciones temporales, sobre todo al utilizar fósiles para acotar la edad de nodos particulares (*node dating*). Luego, discutiré maneras de incorporar a los fósiles en los análisis filogenéticos de manera más rigurosa, utilizando el llamado “datado de terminales” (*tip dating*) que incorpora tanto a datos moleculares como morfológicos. Demostraré como este abordaje nos resultó útil para poner a prueba hipótesis de vicarianza continental *versus* dispersión de larga distancia en dos familias de arañas. En la familia Filistatidae, mostraré que su distribución cosmopolita resulta mayormente de deriva continental, pero al menos un clado se dispersó sobre el Océano Índico para llegar a Australia. En las diminutas arañas duende del género *Orchestina* (Oonopidae), mostraré que las especies de Sudamérica pertenecen a dos clados independientes, cada uno de los cuales más cercanamente emparentado a especies africanas que al otro. La separación entre cada uno de estos clados americanos y sus hermanas africanas es suficientemente antigua como para ser explicada por la separación de Gondwana occidental en dos continentes. Por fin, discutiré que la morfología también resulta útil aun cuando no hay fósiles para incorporar a los análisis. Usaré como ejemplo las arañas espinosas *Micrathena*, que tienen unas 120 especies en todo el continente americano, de las cuales solo se pudieron obtener secuencias de ADN para unas 80 especies. Mostraré que los datos morfológicos permitieron aumentar el muestro taxonómico y, combinados con datos de secuencias, permitieron estimar la posición filogenética de todas las especies conocidas. Así, pudimos refinar algunas de las conclusiones del estudio, particularmente demostrando que la orogénesis andina llevó a un aumento de la especiación de este género en la porción occidental de Sudamérica. Tomados juntos, espero que estos ejemplos demuestren que (1) no hay que depositar extremada confianza en ningún árbol en particular al momento de hacer inferencias biogeográficas, y (2) incorporar datos morfológicos a análisis filogenéticos puede resultar muy útil, ya sea por incorporar fósiles a las calibraciones de manera más cuantitativa, o por permitir un muestreo más completo de taxones.

Navegando el paisaje de la biodiversidad: un flujo de trabajo taxonómico en el marco de la metáfora del mapa y el territorio.

Juan Vrdoljak^{1,2}; Kevin Imanol Sanchez¹; Mariana Morando^{1,2}; Luciano Javier Avila¹.

¹Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales (IPEEC-CONICET).

²Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB).

La metáfora del mapa y el territorio resuena hoy en día en los artículos de taxonomía teórica. Pensemos en un cartógrafo, una persona que examina los patrones y/o formas del paisaje y dibuja mapas simplificados para representarlo. Ahora bien, quienes hacen taxonomía examinan los patrones y/o formas en la naturaleza para, a partir de ellos, describirla en forma de taxones, construyendo así un “mapa” de la biodiversidad. Esta forma de pensar a los taxones se contrapone a la metáfora hipotética-deductiva de la escuela taxonómica actual. El problema lógico de pensar a los

taxones (por ejemplo, especies) como hipótesis es que éstas pueden ser verdaderas o falsas, generando una segunda dicotomización de las entidades biológicas (siendo la primera: especie o no-especie). Este cambio de paradigma metafórico podría potenciar el trabajo de taxonomistas y, en última instancia, mejorar el entendimiento del mundo natural. El presente trabajo tiene por objetivo presentar un flujo de trabajo taxonómico dentro del marco metafórico de mapa y territorio. Además, se expone un caso a modo de ejemplo del grupo de lagartijas *Diplolaemus*. La característica clave de este flujo de trabajo es extremar lo expositivo de los conocimientos epistémicos, ontológicos, pero también, en lo posible, éticos del taxonomista para alcanzar un conocimiento intersubjetivo, es decir, metafóricamente hablando, conocer por completo las herramientas topográficas. Así, para este flujo de trabajo, se entenderán a las especies como entidades históricas espaciotemporalmente restringidas con un alto grado de independencia evolutiva. La primera etapa de este flujo de trabajo requiere asignar especímenes a linajes históricos y, en base a ellos, estimar una primera delimitación. En una segunda etapa, reconstruyen las relaciones filogenéticas entre los grupos delimitados (árbol de “especies”), para luego generar una delimitación secundaria. Estas primeras etapas potencialmente generarán distintos escenarios evolutivos que serán examinados individualmente. La tercera etapa pretende encontrar todas las pistas posibles de la independencia evolutiva de los taxones delimitados y comparar los distintos escenarios. Finalmente, en una cuarta etapa, esperamos poner de manifiesto las discordancias halladas en las etapas anteriores, poniendo a prueba las relaciones conflictivas entre taxones, de manera que se halle un mayor soporte o un rechazo a las propuestas realizadas en las primeras tres etapas. En nuestro ejemplo con *Diplolaemus*, primero contrastamos la asignación preliminar de los individuos con las de un estudio reciente con los resultados de delimitaciones exploratorias, obteniendo un total de once linajes, cuatro de los cuales correspondientes a especies descritas. Segundo, construimos un árbol de especies con estas once agrupaciones propuestas, que sirvió como base para la implementación de métodos de delimitación de especies que no consensuaron en una única forma de clasificar los organismos sino en tres: una con nueve linajes evolutivos, y las otras dos con ocho linajes evolutivos que agrupan distintos linajes. Seguidamente, se comparó la morfología mediante varios caracteres y se confrontó cada uno de estos escenarios evolutivos posibles, obteniendo mayor evidencia de independencia evolutiva en el escenario uno (con nueve linajes). Finalmente, se volvió a realizar la segunda etapa forzando relaciones filogenéticas entre los grupos conflictivos. Esto resultó en la siguiente descripción: dos especies nuevas, otros dos grupos incipientemente diferenciados y la necesidad de mayor información de otros grupos. Este flujo de trabajo no es completamente novedoso, sino coherente con el marco metafórico aquí expuesto y podría ser de vital importancia a la hora de solucionar la plétora de problemas que hoy en día se le adjudican a la taxonomía. Hemos seleccionado aquí un mapa entre varios posibles que explica la diversidad de *Diplolaemus*, esperamos que otros mapas se sigan sumando para poder realizar un viaje más preciso a través de la diversidad de este grupo.

Detectando al flujo génico en la era genómicas

Kevin I. Sánchez¹; Mariana Morando¹

¹Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IPEEC-CONICET), Bulevar Almirante Brown 2915, Puerto Madryn, CT U9120ACD, Argentina.

Numerosos estudios recientes han revelado que el flujo génico entre linajes divergentes es un fenómeno ubicuo. Esto ha sido facilitado por la disponibilidad creciente de datos genómicos y el desarrollo de modelos analíticos eficientes. La incorporación explícita del flujo génico en los estudios sistemáticos es de suma relevancia puesto que posibilita la estimación más adecuada de parámetros demográficos (por ej. tiempos de divergencia, tamaños poblacionales, y por extensión, filogenias). Esto se traduce en una reconstrucción precisa del tiempo y modo de la diversificación. Inicialmente, el flujo génico entre especies era hipotetizado a partir de la observación de individuos con fenotipos intermedios en comparación con los fenotipos parentales en zonas de contacto. Posteriormente, la detección de discordancias entre árboles reconstruidos a partir de fragmentos sencillos sirvió como apoyo adicional a esta hipótesis (por ej. casos de captura mitocondrial). Sin embargo, las discordancias entre los árboles de genes y los árboles de especies fueron generalmente atribuidas a la segregación incompleta de las variantes alélicas ("*incomplete lineage sorting*"), formalizado en el modelo coalescente de especies múltiples (MCEM). Hoy en día, gracias a los avances tecnológicos mencionados al principio, es posible también incorporar al flujo génico pos-divergencia como causante de tales discordancias (formalizados en los modelos MCEM + migración y MCEM + introgresión). Esto, sin embargo, implica un aumento notable del espacio de modelos posibles: para un árbol de n especies existen $4n^2$ redes filogenéticas compatibles. En general, los métodos empleados para la detección de flujo génico se pueden diferenciar en la manera en que hacen uso de la información presente en las secuencias. Los métodos denominados "de resumen" reducen la información presente en las secuencias, ya sea en forma de patrones de sustitución de sitios informativos o mediante estimaciones de árboles. Esto posibilita que los análisis computacionales se lleven a cabo en un tiempo relativamente corto. Los métodos paramétricos, por su parte, emplean toda la información presente en las secuencias para estimar eventos de reticulación y los distintos parámetros que describen al modelo (tamaños poblacionales, tiempos de divergencia y magnitud y dirección del flujo génico). Éstos, sin embargo, acarrear un elevado costo computacional, lo que limita su aplicación. En esta presentación, revisaré los métodos empleados actualmente para la detección y caracterización del flujo génico a partir de datos genómicos. Resaltaré brevemente sus fundamentos, destacaré los escenarios en donde son aplicables y mostraré ejemplos empíricos de su aplicación en un clado de lagartijas patagónicas.

Holoparasitismo en plantas: convergencias en la baja eficiencia del splicing mitocondrial

Laura Evangelina Garcia^{1,2}

¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Universidad Nacional de Cuyo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Almirante Brown 500, Chacras de Coria, M5528AHB, Mendoza, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Padre Jorge Contreras 1300, Universidad Nacional de Cuyo, M5502JMA, Mendoza, Argentina.

El holoparasitismo es la forma más extrema de parasitismo en plantas debido a la ausencia de fotosíntesis y a la dependencia completa de su hospedante para vivir. La transición hacia un estilo de vida parásito está acompañada de numerosos cambios morfológicos y fisiológicos que ocurrieron de manera independiente y convergente en diferentes linajes de angiospermas. Estos cambios incluyen reducciones en el cuerpo vegetativo, en el tejido fotosintético y en el contenido de clorofila. A nivel molecular, también se observan características evolutivas convergentes principalmente en el genoma del cloroplasto, debido a la relajación evolutiva que trajo aparejada la pérdida de la fotosíntesis. En cambio, las observaciones de diferentes linajes muestran que la mitocondria se ha visto modificada a menor escala por el estilo de vida parásita, ya que no muestra convergencia evolutiva en la estructura, el contenido génico, la composición de nucleótidos, la tasa de sustitución o el tamaño de sus genomas. Sin embargo, algunos procesos que ocurren en la mitocondria y que son clave para su función, no han sido analizados en profundidad.

El procesamiento (splicing) de los transcritos mitocondriales es asistido por factores codificados en el genoma nuclear. Por lo tanto, es necesaria una estrecha coordinación en estos procesos que son comandados por genomas físicamente separados. Los datos genómicos y transcriptómicos, generados a gran escala y disponibles en bases de datos públicas, proporcionan la materia prima para estudiar los cambios moleculares y genómicos que ocurrieron debido al parasitismo, incluidas las interacciones citonucleares. En el presente estudio, examinamos el splicing de 25 intrones del Grupo II codificados en el genoma mitocondrial en 16 especies de angiospermas, que incluyen 11 especies de vida libre y cinco especies holoparásitas pertenecientes a tres linajes independientes: Hydnoraceae, Balanophoraceae y Rafflesiaceae.

Utilizando datos de secuenciación masiva, desarrollamos una estrategia que nos permitió cuantificar los transcritos maduros (que han pasado por el proceso de splicing) e inmaduros en la célula y determinar la eficiencia del splicing de transcritos mitocondriales en plantas. Los resultados mostraron una muy alta eficiencia de splicing en angiospermas fotosintéticas. Se observaron diferencias significativas en los niveles de splicing de los intrones de un mismo gen y, en algunos casos, éstos, se corresponden con el orden del splicing de intrones reportado para *Arabidopsis*. Por el contrario, la eficiencia de splicing en las plantas parásitas fue muy baja y para la mayor parte de los intrones fue significativamente menor que en las especies de vida libre. Además, los niveles de splicing para cada intrón se mostraron correlacionados en plantas parásitas y de vida libre, lo que sugiere que los niveles de splicing podrían indicar el orden en que ocurre.

El análisis de los transcriptomas ensamblados de las plantas holoparásitas indicó que los

transcritos analizados no están presentes en el genoma nuclear descartando la hipótesis de que la baja eficiencia en el splicing se debe al reemplazo de copias mitocondriales por copias nucleares. Análisis filogenéticos de los factores de splicing nucleares revelaron su origen nativo, descartando posibles incompatibilidades entre transcritos y factores de splicing de diferentes orígenes. La baja eficiencia del splicing en las holoparásitas, podría ser el resultado de una selección natural relajada acorde a un estilo de vida dependiente totalmente del hospedante.

Examinar la evolución de los genomas mitocondriales en plantas parásitas ayuda a abordar preguntas evolutivas de gran relevancia. Entre ellas, destaca la comprensión de cómo el parasitismo surgió de forma independiente en múltiples ocasiones en las plantas, así como el estudio de cómo las holoparásitas han evolucionado y dependen por completo de sus plantas hospedadoras para subsistir.

Un recorrido por los avances en filogenómica y (algunas de sus muchas) aplicaciones basado en un ejemplo de escarabajos (*Baripus*) de la Patagonia

Melisa Olave^{1,2,3}; Mariana Griotti¹; Roldolfo Carrara¹; Paolo Franchini³; Axel Meyer³; Sergio A. Roig-Juñent^{1,2,4}

¹Instituto Argentino de Investigación de Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), 5500 Mendoza, Argentina

²Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

³Department of Biology, University of Konstanz, 78457 Konstanz, Germany.

⁴Instituto de Biología Animal, Facultad de Cs. Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

Los datos genómicos generalmente acarrear señales masivas de discordancia como consecuencia de procesos evolutivos como la selección natural, deriva e hibridación (flujo génico/transferencia horizontal de genes). Por lo tanto, este avance en generación de datos fue acompañado por desarrollos metodológicos que, en filogenética, comenzaron con el modelo coalescente hasta llegar a la incorporación de flujo génico para la estimación de redes filogenéticas. Además, es posible realizar muchos otros análisis *a posteriori*, como por ejemplo evaluar límites de especies, poner a prueba señal filogenética de evolución morfológica, entre muchas otras posibilidades. Esta charla está dedicada a resumir (algunos de los muchos) métodos desarrollados para trabajar con datos genómicos en filogenética y sus aplicaciones con un ejemplo de escarabajos (*Baripus*) de la Patagonia. En este ejemplo empírico, utilizamos datos de RADseq, combinado a morfometría geométrica y modelado de nicho ambiental, para estudiar las dinámicas de diversificación en el espacio-tiempo de especies adaptadas a alta montaña y otras de zonas bajas. Con la estimación de redes filogenéticas, encontramos evidencia de hibridación histórica, que explica el alto grado de discordancia de genes a lo largo del genoma. Además, detectamos posible evolución transgresiva de la forma del cuerpo (pronoto). Reconstrucciones de paleomodelado de nicho apoyan la hipótesis de contacto secundario entre especies diferentes. Se discute el valor de los datos

genómicos en filogenética y las nuevas metodologías que permiten poner a prueba estadísticamente hipótesis de la evolución de las especies en contextos filogenéticos.

Etología y evolución en un tiempo de cambios: ¿coevolución más allá de la especie?

Coevolucion y etología: perspectivas actuales post-antropocéntricas

Héctor Ricardo Ferrari^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP).

²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (FCV, UBA).

Jablonka y Lamb, en *Evolution in Four Dimensions Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life*, entienden el comportamiento como otra forma de herencia pasible de ser objeto de algún tipo de selección. No obstante, es posible sumar otra perspectiva. En primer término, reconocer que toda evolución es coevolución, ya que todo cambio en una población impactará en las demás poblaciones que se relacionan con esta, en la forma de variación en las presiones de selección. Entonces, cuando las estructuras comunicacionales son interespecíficas por ejemplo señales entre presas y predadores, entre comensales, simplemente entre convivientes (por ejemplo humano/doméstico) podemos preguntarnos ¿Cambia, al menos a veces, el sujeto de la evolución? ¿Son estos esquemas comunicacionales los principios organizativos generales que Watson y Szathmáry explican en *How Can Evolution Learn?* ¿Esto nos permitiría comprender cómo la organización estructural de las redes ecológicas cambia a lo largo del tiempo evolutivo?

Como presión de selección particular debemos considerar el impacto que generan las actividades humanas y la cada vez mayor expansión de la frontera urbano-agrícola, que superpone “nuestro” nicho con el de otras poblaciones. Este impacto se puede entender desde la coevolución, arrojando una perspectiva útil para la comprensión de la etología en nuevos términos. Particularmente, la oposición de categorías clásicas como naturaleza/cultura, doméstico/silvestre, humano/animal se diluye, dejando un panorama interesante para abordar desde propuestas post-antropocéntricas que revelen nuevas aristas para nuestra disciplina.

Cambio climático, Antropoceno y crisis ambiental: ¿qué tiene que ver la filosofía con todo esto?

Luciana Carrera Aizpitarte^{1,2}

¹Centro de Investigaciones en Filosofía (CIF).

²Instituto de Investigaciones en Humanidades y Ciencias Sociales, Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación, Universidad Nacional de La Plata (IdIHCS - FaHCE, UNLP).

En esta comunicación me propongo caracterizar una serie de fenómenos que vienen integrando el léxico corriente, las noticias y las preocupaciones cotidianas: la idea de una nueva época geológica llamada “Antropoceno”, la constatación de un proceso de cambio climático de origen antrópico y la noción generalizada de que estamos asistiendo a un colapso ambiental. A partir de esta caracterización, procuro analizar los supuestos filosóficos que subyacen a muchas de las acciones, omisiones y posicionamientos que están vinculados a estos fenómenos, y sobre todo, pensar qué tiene para decir la filosofía acerca de este panorama, qué podemos aportar las personas que hacemos filosofía para pensar – ¿y transformar? – estas cuestiones que parecen conformar, cada vez con mayor certeza, un panorama que configurará la vida de ésta y de las próximas generaciones.

En este sentido, desarrollaré en primer lugar el concepto de *Antropoceno*, proveniente de la geología, pero que nace con afán de polemizar, intentando mostrar que la acción humana sobre el planeta tiene un impacto tal que se refleja en la configuración de los estratos geológicos. Son muchas las discusiones que se dan, dentro y fuera del campo científico, tanto respecto del establecimiento de esta categoría cronoestratigráfica como respecto del nombre que le corresponde. La Comisión Internacional de Estratigrafía no se ha pronunciado decisivamente al respecto, señalando que no se ha establecido el estratotipo que funciona como evidencia de un cambio en la escala cronoestratigráfica. Desde el campo de las ciencias humanas, se ensayan nombres que asignen responsabilidades más específicas para explicar este impacto, por ejemplo, capitaloceno. No es la idea detenerme en estas precisiones, pero sí caracterizar los elementos que empujan a pensar a un aspecto de la actividad humana como una fuerza capaz de dejar su registro en la historia geológica del planeta.

En segundo lugar, intento caracterizar la noción de *cambio climático* y, más específicamente, la idea de un calentamiento global, también de carácter antropogénico. En efecto, una serie de indicadores marcan, más allá de toda duda razonable, un aumento global de la temperatura que, además de impactar en las actividades humanas, a partir de eventos climáticos extremos, afectan las condiciones de posibilidad para la vida de innumerables especies, incluida la nuestra, que han coevolucionado y desarrollado sus ciclos vitales en cierto rango de temperatura. Esto, obviamente, no aplica solamente a cuántos grados de temperatura podemos soportar – está claro que la especie humana habita climas extremos – sino a los procesos de numerosos eslabones de la cadena de la que somos parte lxs humanxs. Este es, tal vez, el sentido más inquietante de este cambio en la temperatura global.

En tercer lugar, creo importante mencionar algunas cuestiones que van encadenadas con los fenómenos anteriormente mencionados y que tienen que ver con la reducción de la biodiversidad a partir de prácticas humanas. En este apartado, entonces, me centraré en comparar algunos aspectos

relevantes de las cinco extinciones masivas que ha experimentado la Tierra en el pasado geológico, con la sexta gran extinción de especies que, según afirma la comunidad científica, ya está en marcha. Intentaré, asimismo, describir las consecuencias que este empobrecimiento de la diversidad orgánica tiene para nuestra especie.

Ahora bien, ¿qué vínculo puede tener la filosofía con cuestiones que parecen pertenecer exclusivamente a las ciencias naturales, o a lo sumo a las ciencias sociales, en tanto hay poblaciones humanas afectadas directamente por estas problemáticas? En principio, intento sostener que muchos de los supuestos que habilitan el trato que nuestra especie tiene con la Tierra, son conceptos fundamentales de una buena parte de la filosofía canónica y han permeado el sentido común desde hace más de cinco siglos. La idea de un sujeto humano que es una excepción en el orden de lo viviente, que además está separado del “mundo externo”, con un tipo de separación que habilita el dominio y la manipulación incondicionadas, funda el pasaje a la modernidad y caracteriza nuestra vinculación con todo lo que nos rodea (incluidos algunos miembros de nuestra propia especie). En este sentido, entender a la Tierra como un sistema compuesto por una serie de subsistemas, implica comprender que esas “partes” no funcionan aisladamente, de modo que, lo que suceda con la biósfera, sucederá con el clima, con las aguas y sucederá con nosotros. En relación a esto, comprender que *somos parte* de eso que dañamos, usamos y destruimos como un mero objeto del “mundo exterior” representa un giro que, según creo, es urgente empezar pensar desde nuestra disciplina y, sobre todo, desde este Sur global.

Coevolución, etnografía multi-especie y filosofía: revisando la extinción como fenómeno complejo

Micaela Anzoátegui^{1,2}

¹Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación, Universidad Nacional de La Plata (FaHCE, UNLP).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Propongo revisar el caso del extinto perro fueguino de la comunidad Selk’nan, cuyos destinos, por la propia naturaleza recíproca del vínculo, resultaron idénticos. Siguiendo las perspectivas de la teoría de la coevolución y la etnografía multi-especie junto a elementos de filosofía post-antropocéntrica arribamos a nuevas pistas sobre este encuentro y su simultánea desarticulación.

El caso también permite la constatación de la fragilidad de las redes que nos sostienen en vínculo coadaptativo con los demás vivientes, para entender la extinción como un fenómeno complejo y multicausal. La historia del perro fueguino muchas veces cae en lo anecdótico: disponemos datos y registros sobre esta población, junto con algunos huesos y pieles, aunque dispersos y fragmentados. El desafío será comprenderlo desde la biología y alejarlo de la tanatología.

El perro fueguino habitaba el archipiélago de Tierra del Fuego, siguiendo la propia distribución de los habitantes humanos originarios, no era en absoluto un perro. Al menos no en el

sentido en que estamos acostumbrados, estrictamente, considerando en principio el linaje del perro euro-asiático y americano (xolo, pila, etc.). Es aún más particular y endémico que los anteriores. Desciende del zorro culpeo (*Lycalopex culpaeus*), constituyéndose así en el único caso natural registrado de domesticación canina a partir de poblaciones de zorro. Este hecho lo hace extraordinariamente fascinante, el can fueguino tiene un estatuto ambiguo: es y no es un perro; y al revés, es y no es un zorro.

A la vez, otro dato fascinante: el *Lycalopex culpaeus* pertenece al género *Lycalopex*, no al *Vulpes*, de manera que este género está más cerca del *Canis*, aumentando los enredos. ¿Pero resultará tal dato suficiente para explicar su existencia y extinción? Nos encontramos ante lealtades categoriales escindidas, que llegan hasta el dualismo cultura/naturaleza del cual nace el par antagonístico doméstico/silvestre (Ferrari, 2020). Las fuentes bibliográficas que consignan su comportamiento, características físicas (fenotípicas), relación de coadaptación y vínculo con los humanos nativos lo ubican como un perro que comparte cualidades con los perros tradicionales europeos, aunque no todos los observadores coinciden al respecto. En ocasiones fue percibido como un tipo de cánido deficitario. El objetivo, entonces, es proporcionar mayor inteligibilidad al fenómeno de la existencia y extinción, logrando desanclarlo de la serie de datos que ya se conocen, escapando de la tanatología y recuperando la biología.

Si, la biología de un perro fantasma. Esto parece desalentador, condenándonos más bien a la tanatología y alejándonos de la biología: estudiamos a una especie inexistente y los rastros que dejó la mirada europea en la bibliografía epocal, junto con unos pocos estudios contemporáneos. Aún peor, ni siquiera estudiamos “animales”, estudiamos fantasmas compuestos de historias y (pocos) restos que los anclan a este mundo: la relación filogenética con el zorro culpeo se estableció recientemente a partir de un estudio de ADN de muestras de pelaje de un único ejemplar taxidermizado perteneciente a una colección museística. Pues, tal fue su aniquilación, que son escasísimos los restos.

El desafío será, entonces, hacer un camino de retorno a la biología, ambicionando recuperar (algo de) el fenómeno complejo: la relación humano-animal. Justamente, en los abordajes más cerrados basados exclusivamente en datos cuantitativos, se corre el riesgo de perder la complejidad del fenómeno vivo qua vivo. Y quedarnos sin nada que decir. Mientras, aquí, iniciaremos un viaje inverso con ayuda de la co-evolución, la etnografía multi-especie y la filosofía, para poder reencontrarnos.

Enseñanza de la evolución: propuestas, experiencias y desafíos

Tras las Huellas de la Evolución: construyendo una mirada crítica sobre la evolución en el aula

M. Pía Pacheco¹; Martina S. Pernigotti¹

¹Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

En 2022, la Sociedad Argentina de Biología Evolutiva realizó una encuesta a nivel nacional a investigadores y docentes sobre la enseñanza de la evolución. Esta evidenció una preocupación sobre la falta de oportunidades de formación y actualización en enseñanza de la evolución. Si consideramos la mirada que la evolución trae a la escena educativa para aportar a discusiones ambientales, éticas, políticas y epistemológicas, es necesario relevar, discutir y socializar propuestas que aborden la temática y experiencias de formación así como los desafíos de su implementación. Este simposio tiene como propósito fundamental discutir experiencias y propuestas de enseñanza de la evolución en distintos niveles educativos. Se incluirá una sección destinada a presentar los resultados de un curso de formación para docentes desarrollado en el marco de la *Global Evolutionary Biology Initiative 2023* financiada por la *European Society for Evolutionary Biology*.

Propuesta de recorrido en el Museo de La Plata para segundo ciclo de Primaria, provincia de Buenos Aires

Carolina Contreras Romero¹; Camila Isis Elgueta Hormazábal¹

¹Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

En concordancia con el diseño curricular de Ciencias Naturales para el segundo ciclo de Primaria, de la provincia de Buenos Aires, se presenta una propuesta de recorrido en el Museo de La Plata, haciendo uso de las herramientas y materiales didácticos presentes, que permiten a los y las estudiantes formar conocimientos y habilidades básicas para acercarse a la comprensión de la teoría evolutiva en los años siguientes a su formación. El Museo de la Plata representa una oportunidad para introducir, retomar o concluir los contenidos abordados en el aula a través de la ejemplificación y el contacto directo con materiales científicos, las visitas pueden ser realizadas por guías del Museo

o por las/los propios docentes. En las últimas décadas los museos han cambiado su enfoque hacia la comunidad y su valor educativo, en el marco de este cambio de paradigma, este trabajo busca ser un aporte a los trabajos de reflexión y elaboración de material didáctico en torno al puente de los museos con la escuela.

Algunos de los ejes y temáticas presentes en el diseño curricular, que nos parecen relevantes, y que se desarrollan en la propuesta son: cambio y diversidad en animales, identificando y propiciando la clasificación según sus características de desplazamiento y alimentación, así por ejemplo en el bloque de seres vivos de cuarto año se plantea: *“La clasificación de los seres vivos en grandes grupos: animales, plantas, hongos pluricelulares y microorganismos. Los criterios biológicos para estudiar la biodiversidad. Los criterios de clasificación y su relación con la finalidad de estudio”* (2018), en este mismo las actividades que se proponen son: *“Clasificar un conjunto de organismos siguiendo criterios preestablecidos; formular preguntas investigables, junto con el docente, acerca del origen de microorganismos y pequeños animales invertebrados”* (2018). Para abordar lo anterior se propone comenzar el recorrido por las salas referentes a los animales actuales, donde es posible adentrarse a la labor científica de investigación y clasificación, considerando la clasificación entre vertebrados e invertebrados, comparando los distintos tipos de alimentación, identificando distintos tipos de dientes, picos, etc. Si el grupo se encuentra en sexto año se puede abordar la temática de interacciones entre los seres vivos y el medio aéreo, adaptaciones morfo fisiológicas al vuelo. Finalizamos esta parte del recorrido con las adaptaciones al medio acuático, contenido presente en quinto año. Cuando se termina el recorrido de animales actuales, se introduce el concepto de fósil como herramienta y evidencia para entender los cambios en la tierra, a la vez que se ejemplifican con los distintos tipos de fósil de las salas que hacen referencia, contenido presente en el diseño curricular desde cuarto año: *“La noción de fósil: restos de seres vivos del pasado y de su actividad. Tipos de fósiles (mineralización, momificación o huellas). Buscar información en diversas fuentes para establecer relaciones entre el registro fósil, la vida en el pasado y los cambios en la Tierra a través de millones de años”* (2018).

A lo largo del recorrido se invita a generar distintos momentos de debates y reflexión entre cada sala por medio de preguntas y otras estrategias. Si bien la propuesta apunta al segundo ciclo de primaria; dependiendo del grado específico en el que se encuentren, el docente a cargo y/o en conjunto con la guía que acompaña la visita, considerarán las modificaciones para el grupo en específico.

Enseñanza de la evolución humana en la escuela media: observaciones críticas y propuestas innovadoras

Leonardo González Galli¹³; Gastón Pérez¹³; Betina Cupo³; Sebastián Dop⁵; Cinthia Alegre²; Joaquín Suárez⁴; Luz Salatino³

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Instituto de Formación Docente 41, Adrogué, Buenos Aires.

³Instituto de Investigaciones Instituto de Investigaciones en Didáctica de las Ciencias Naturales y la Matemática (CeFIEC), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEN, UBA).

⁴Instituto de Investigaciones en Humanidades y Ciencias Sociales-Centro de Investigaciones en Filosofía (IdIHCS-CleFi), Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación, Facultad de Psicología, Universidad Nacional de La Plata.

⁵Laboratorio de Zoología de Invertebrados I, Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur.

La enseñanza de la evolución humana tiene una gran importancia para la formación ciudadana, y es un tópico presente en los currículos de Biología de Argentina. Sin embargo, no existen prácticamente investigaciones sobre en qué medida se enseña este tema, cómo se enseña, y más aún, qué se aprende. De todos modos, a partir de nuestra experiencia como docentes y como investigadores/as en didáctica de la Biología, así como en base al contenido de los libros de textos más frecuentemente utilizados y las pocas investigaciones disponibles, emerge un diagnóstico preocupante en relación con la enseñanza de este tema en la escuela media. Entre los problemas que encontramos podemos mencionar los siguientes: (1) falta de relación entre la enseñanza de la filogenia de los homínidos y los modelos explicativos del cambio evolutivo (selección natural, modelos de especiación, etc.), (2) énfasis en, o limitación total a, los cambios anatómicos (bipedismo, etc.), (3) falta de tratamiento del tema de la diversidad genética, incluyendo la cuestión de las diferencias genéticas entre poblaciones, y (4) falta de tratamiento de la cuestión de la evolución de la mente y comportamiento humanos. Los puntos (3) y (4) son especialmente problemáticos porque se relacionan con temas de gran importancia social tales como el racismo. En relación con esta cuestión se observa que, en los pocos casos en que se abordan estos temas se lo hace centrando la enseñanza en la transmisión de ciertas perspectivas consideradas “políticamente correctas”, recurriendo escasamente a argumentaciones basadas en los modelos de la Biología Evolutiva y ocultando algunos importantes debates que tienen lugar al interior de la comunidad científica. Así, en relación con el punto (3), directamente vinculado al tema del racismo, se suele afirmar que “la Biología demostró que no existen las razas” y que, por lo tanto, cualquier referencia a diferencias de base genética entre poblaciones humanas no es más que la expresión del racismo propio de nuestra sociedad. Por su parte, en relación con el punto (4) se suele afirmar que el pensamiento y conductas humanas son exclusivamente consecuencia de la cultura, denunciando como “determinismo biológico” cualquier intento de analizar las bases genéticas de esos rasgos humanos. En relación con ambos temas, se puede decir que la preocupación (muy justificada a la luz de nuestra historia y que compartimos plenamente) por evitar y combatir el “biologismo” (determinismo y reduccionismo biológicos)

parece llevar a un “socioculturalismo” (determinismo y reduccionismo sociocultural). Aunque compartimos el enfoque sociocrítico que lleva adoptar estas perspectivas en la enseñanza creemos que las mismas no son adecuadas por razones epistemológicas y didácticas, y que incluso podrían resultar contraproducentes en relación con la intencionalidad política que subyace a las mismas. Como alternativa, sugerimos que es necesario enseñar este tema atendiendo a los siguientes criterios: (a) modelización y argumentación basada en los modelos científicos vigentes (esto implica incluir en la enseñanza modelos actualmente excluidos de la enseñanza tales como el de ancestría genética en relación con el punto 3 y los de la psicología evolucionista en relación con el punto 4), (b) perspectiva metacientífica sofisticada (que implica, entre otras cosas, analizar el carácter representacional y perspectivo de los modelos científico, los debates científicos), (c) metacognición sobre obstáculos epistemológicos y sesgos cognitivos (por ejemplo, sobre el pensamiento esencialista en relación con el racismo). El principal objetivo de esta ponencia es comunicar los fundamentos de este enfoque innovador para la enseñanza de la evolución humana, así como algunos de los resultados mencionados y los interrogantes emergentes que guiarán la investigación futura sobre este tema.

¿Por qué y cómo abordar debates de relevancia social? Pensamiento crítico, epistemología semanticista y metacognición en el aula de biología evolutiva

Sebastián Dop⁴; Leonardo González Galli^{1,3}; Julia Pizá^{2,5}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Genética y Ecología Evolutiva, Centro de Recursos Naturales Renovables de la zona semiárida (CERZOS).

³Instituto de Investigaciones en Didáctica de las Ciencias Naturales y la Matemática (CeFIEC), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

⁴Laboratorio de Zoología de Invertebrados I, Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur.

⁵Universidad Nacional del Sur- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UNS-CONICET).

Nuestro objetivo es presentar los fundamentos de la investigación que venimos realizando, enfocada en contribuir en la comprensión de los aportes de la epistemología semanticista y la reflexión metacognitiva a la enseñanza y el aprendizaje de la biología evolutiva en el nivel universitario, fomentando el pensamiento crítico y centrándonos en debates de relevancia social. Actualmente, la mente y conducta humanas son un denominador común de profundos y transversales debates, como los trastornos de salud mental, el racismo o las diferencias entre mujeres y varones. Por otra parte, la biología evolutiva, particularmente el modelo de evolución por selección natural, continúa suscitando encendidos debates cuando es aplicada a la mente y conducta humanas, debates en los que pensar “críticamente” suele significar tildar los argumentos

provenientes de la biología de reduccionistas y deterministas biológicos, al tiempo que se inclina la balanza en favor de los argumentos de tinte sociocultural por ser percibidos como progresistas (asistiendo así al determinismo y reduccionismo sociocultural). Respecto de esta última situación sugerimos que puede ser útil constituir un pensamiento crítico que adopte de la perspectiva semanticista que, entre otras cosas, supone comprender la naturaleza perspectiva de los modelos y por ende la necesidad de pluralidad teórica ante el análisis de debates complejos. También argumentamos la importancia de la reflexión metacognitiva, esto es, los conocimientos y estrategias necesarias para ejercer una adecuada vigilancia y autorregulación del propio pensamiento. Es por estos dos últimos motivos descritos que consideramos abordar la mente y conducta humanas en el aula de biología evolutiva enfatizando la construcción y ejercicio de un pensamiento crítico en el estudiantado.

La enseñanza de las ciencias, en nuestro caso biología evolutiva, cuenta con distintos objetivos entre los que se encuentran fomentar el pensamiento crítico en los estudiantes y acercarles de la mano de los contenidos disciplinares nociones de naturaleza de las ciencias. En vinculación con la promoción del pensamiento crítico, diferenciándose de los usuales abordajes que lo conciben como un conjunto de habilidades a adquirir, nuestro planteo coloca el foco en los conocimientos que debe tener el estudiantado para ejercerlo. Con conocimientos hacemos referencia a los modelos teóricos que se pretende poner en cuestión, a las nociones epistemológicas con las que se comprenden las teorías científicas, y a los conocimientos y estrategias necesarios para ejercer una adecuada autorregulación metacognitiva. Y en referencia a la incorporación de la naturaleza de las ciencias al curriculum, planteamos que un enfoque metacientífico es indispensable si se pretende que los estudiantes consigan una adecuada comprensión de los contenidos enseñados; proponemos que la perspectiva semanticista puede contribuir con una noción epistemológica sofisticada, necesaria para la comprensión de la ciencia y los modelos que componen sus teorías. Es relevante subrayar tres aspectos de esta perspectiva: 1) Lo esencial de las teorías científicas son los modelos que las constituyen; 2) Los modelos guardan una relación analógica con ciertos aspectos del fenómeno estudiado, y 3) Los modelos son deudores de un contexto científico y social determinado.

Por otra parte, en relación con la biología evolutiva en particular, abundantes investigaciones exponen lo deficitario que resulta el aprendizaje de los contenidos en los distintos niveles educativos. Esta situación es consecuencia de múltiples aspectos entre los cuales destacamos a los sesgos cognitivos y los obstáculos epistemológicos. Es en línea con estos dos últimos puntos que señalamos a la metacognición como un recurso estratégico para los estudiantes. Considerando que es a partir del conocimiento y regulación del propio aprendizaje y funcionamiento cognitivo en general que se pueden abordar las frecuentes desavenencias entre nuestras creencias e intuiciones y la comprensión y utilización de modelos científicos y el ejercicio del pensamiento crítico.

Trabajos individuales

Didáctica y Divulgación de la Evolución

Enfoques teleológicos implícitos en el lenguaje de diferentes disciplinas biológicas: la Facultad de Ciencias Naturales y Museo como estudio de caso

Carlos A. Zavaro Pérez^{1,2}; Henri González¹

¹Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Belgrano.

El lenguaje científico constituye un modo de caracterizar a las disciplinas. Las delimita y contribuye a la conformación de los diferentes campos, al desarrollo de la literatura que conforma las bibliotecas que los han constituido y a la construcción de las agendas y de tradiciones académicas. En ese contexto, la biología evolutiva como paradigma, o al menos idea unificadora de la biología contemporánea, ha ido definiéndose en torno a consensos sobre ciertos temas centrales que han logrado imponer los modos de comprensión de la disciplina, pero que a la vez han contribuido a elaborar colectivamente un modelo explicativo sobre el origen de la vida, de la diversidad de especies y de los ecosistemas en los que éstas ocurren así como de la función que en ellos desempeñan.

En ese contexto los enfoques adaptacionistas y teleológicos como explicación a la diversidad de estructuras y funciones que a éstas se les asignan han recorrido también un proceso histórico, cultural y de legitimación durante el cual algunos enfoques han quedado saldados en el contexto de justificación, aun cuando en la enseñanza -incluso en la universitaria- no han desaparecido este tipo de posicionamientos.

Es común encontrar en diferentes espacios de la enseñanza universitaria y en el discurso de algunas/os docentes enfoques de esta naturaleza que se objetivan en expresiones como *“las espinas de los cactus están transformadas para evitar la transpiración”*, por citar alguna. Bajo esta frase podría esconderse una mirada ingenua de la problemática de la adaptación como problema epistemológico que, quizás, responda a la desactualización en un tema teórico que no obstante, es central en la comprensión de la biología contemporánea y que constituye una paradoja sobre todo porque el tema ha sido ampliamente discutido desde finales del siglo XIX e incluso ampliamente debatido en la literatura especializada.

Este enfoque, por otra parte, es llamativamente aprehendido por las y los estudiantes, a tal punto que es reproducido de manera acrítica operando de manera contradictoria en el modo en que se comprenden los problemas biológicos en las diferentes disciplinas y que a su vez, terminan impactando en las siguientes generaciones de profesionales cuando éstos mismos estudiantes, años después se desempeñan como docentes en las aulas universitarias.

Con el propósito de profundizar en algunas de las causas de este diagnóstico se realizó una encuesta a miembros de los diferentes estamentos de la comunidad académica de la Facultad de Ciencias Naturales y Museo de la Universidad Nacional de La Plata que, además, ha sido complementada con el análisis de frases textuales de docentes (que se mantienen en el anonimato) de diferentes disciplinas durante el transcurso de sus clases y de entrevistas tanto a miembros del claustro de profesores, de graduados con cargo de auxiliares docentes y de estudiantes de las diferentes carreras que se cursan en esta Casa de Estudio. Una de las hipótesis que orientan el trabajo y las preguntas que permiten profundizar en la problemática es la deficiente formación existente en el grado en relación a aspectos teóricos y epistemológicos de la biología evolutiva, si se tiene en cuenta que en la currícula la materia de Evolución constituye una asignatura optativa para la mayoría de las carreras.

La modelización disciplinar y metacientífica del Origen de la Célula Eucariota en la formación del profesorado. Análisis de una actividad de aplicación en el campo de la medicina

Joaquín Álvarez Soria^{1,2}; Eduardo Enrique Lozano^{1,2}

¹Centro de Estudios e Investigación en Educación (CEIE).

²Universidad Nacional de Río Negro (UNRN).

Esta investigación se sitúa en el contexto de una tesis de Maestría en Enseñanza de las Ciencias Naturales, desde la perspectiva de la didáctica de las ciencias que se fundamenta en la modelización de fenómenos (Adúriz Bravo, 2012; Gilbert y Justi, 2016) y la integración de la formación disciplinar y metacientífica del eje Naturaleza de la Ciencia (NOS, por sus siglas en inglés) (Adúriz-Bravo, 2005; Lederman, 2006; Lozano 2015), en el contexto de la Actividad Científica Escolar (ACE) (Izquierdo, 1999; Sanmartí, 2002).

Se llevó a cabo el diseño, implementación y evaluación de una unidad didáctica (UD) (Sanmartí, 2002), con estudiantes de primer año de un profesorado en biología que cursaban la materia “Introducción a la biología”, y que implican la modelización disciplinar y metacientífica del Origen de la Célula Eucariota (OCE), a partir de actividades que permiten una tracción entre esos ejes de la formación (Lozano, et al. 2020; Lozano, et al. 2021).

Por su parte, los análisis históricos y epistemológicos sobre el OCE dan cuenta de un campo en el que se debaten visiones teóricas, se desarrollan controversias y se producen consensos, lo que configura un escenario con potencial para la enseñanza de la biología (Franz Lang, 2014; Álvarez Soria y Lozano, 2019).

Durante el desarrollo de la UD, las y los estudiantes discutieron problemáticas para las modelizaciones disciplinares, en las cuales dieron cuenta de las implicancias del modelo gradualista (Robertson, 1970) y endosimbiótico (Margulis, 1967) para la explicación del OCE. Por otro lado, en un contexto en el que las discusiones entre partidarios gradualistas y de la endosimbiosis se desarrollaba, se publicaron investigaciones que daban cuenta de la identificación de ADN en

cloroplastos y mitocondrias (Ris & Plaut, 1961; Nass & Nass, 1962). Este episodio, que fue un punto de inflexión en el desarrollo teórico del OCE, permitió en la UD la discusión de ideas clave metacientíficas referidas a la “carga teórica de las observaciones” y la “construcción de los hechos científicos”.

En esta ponencia, se presenta el diseño y resultados preliminares de la implementación de la aplicación de los modelos a un nuevo hecho científico (Sanmartí, 2002).

Se contextualizó con una noticia periodística, la cual plantea que: *“después de un accidente de tránsito, una persona resultó gravemente herida. Esta desarrolló síntomas de infección, que la médica explicó como una respuesta a la ruptura de células y la liberación de su contenido al torrente sanguíneo. Esto causa una respuesta inflamatoria similar a la de una infección, aunque sin la presencia de bacterias externas, lo que puede llevar a daños en varios órganos y la muerte”*. A partir de ella, la consigna fue: *“Teniendo en cuenta las ideas abordadas en las últimas clases sobre el OCE ¿Cuáles de ellas te parece que podrían estar implicadas en la explicación de este fenómeno?”*.

Este cuadro autoinmune se denomina Síndrome de Respuesta Inflamatoria Sistémica. El mismo, “iluminado” por el modelo de endosimbiosis, ofrece explicaciones robustas acerca de la posibilidad de nuevos tratamientos para dicho cuadro clínico, que se desencadena por la liberación de ADN mitocondrial al torrente sanguíneo (Calfée & Matthay 2010).

Luego, se planteó la siguiente situación: *“Al analizar a un paciente politraumatizado con una respuesta inmune similar a una infección, se buscó bacterias externas como causa, pero no se encontraron. Se postula que las bacterias intestinales, al ingresar al torrente sanguíneo tras una ruptura, podrían haber desencadenado una respuesta inmune grave en todo el cuerpo, afectando varios órganos. De este modo, la comunidad médica explican estos cuadros clínicos, antes de que se normalizara el modelo de endosimbiosis para las mitocondrias. ¿Con qué aspectos del desarrollo de la Actividad Científica ustedes vincularían esta situación presentada?”*

En el pasado, la comunidad médica sostenía que la infección era provocada por la liberación de bacterias del intestino al torrente sanguíneo, lo que generaba el SIRS. Este hecho es un insumo potente para el abordaje de la idea clave metacientífica sobre la “carga teórica de las observaciones”, que tenían que ver con las explicaciones que en ese momento tenían a disposición las y los médicos. Tras analizar los resultados preliminares de la actividad, se observó que 5 de los 6 grupos de estudiantes lograron establecer relaciones consistentes entre el aspecto endosimbiótico del OCE y el SIRS. Además, pudieron explicar, desde las ideas clave metacientíficas, porqué se sustentaban ciertos fundamentos médicos antes de que el modelo de endosimbiosis fuera aceptado por la comunidad médica.

Análisis con enfoque histórico-epistemológico sobre el desarrollo del modelo protista. Implicancias para la educación metacientífica

Lucas Carrasco; Joaquín Álvarez Soria^{1,2}

¹Centro de Estudios e Investigación en Educación (CEIE).

²Universidad Nacional de Río Negro (UNRN).

La naturaleza de la ciencia y los análisis con enfoque histórico-epistemológico

La investigación se enfoca en la enseñanza de la ciencia, integrando la formación disciplinaria en biología y la perspectiva metacientífica de la naturaleza de la ciencia, (NOS). Para ello, se realizan estudios desde una perspectiva histórico-epistemológica, que adopta una postura metacientífica explícita en el proceso de enseñanza, articulada con la propia naturaleza de los modelos a enseñar. Estos estudios proporcionan información sobre las circunstancias históricas en las que surgieron los modelos teóricos, como así también su evolución hasta su estado de consolidación.

La metodología involucra un relevamiento de fuentes primarias y/o secundarias, para ofrecer una versión coherente de la historia y evolución del modelo científico que se aborda, con el fin de identificar episodios de la ciencia que ofrezcan recursos para contextualizar las discusiones metacientíficas.

Haeckel y la identificación de episodios históricos de interés para la enseñanza metacientífica

La clasificación y nomenclatura de los microorganismos ha cambiado en la historia debido a las interpretaciones de diversos investigadores/as. En este trabajo, se destacan las contribuciones del naturalista Ernst Haeckel.

Haeckel realizó aportes en relación a la evolución y clasificación de los microorganismos. En su época, surgió una problemática entre los naturalistas relacionada con la clasificación de ciertos microorganismos que, al ser observados con el microscopio, presentaban características tanto animales como vegetales:

“Necesitamos ocuparnos de un grupo orgánico muy notable, que no puede clasificarse, al menos naturalmente, ni en el cuadro genealógico del reino animal, ni en el reino vegetal. (...) En todos los organismos que llamamos protistas, hay en la forma exterior, en la estructura íntima, en el juego de la vida, una mezcla tan singular de propiedades animales vegetales, que no se está autorizado a clasificarles en ninguno de los dos reinos, y que desde hace veinte años se han suscitado sobre este particular interminables e inútiles debates.”

A raíz de este problema, Haeckel construye un modelo teórico que permitía incluir a estos organismos en un nuevo reino llamado “Protista”: *“Según se acepte tal o cual definición; según se adopte esta o aquella particularidad como característica del animal o de la planta, se colocan las diferentes clases de protistas, bien en un reino o en otro. (...) es necesario recurrir a una división artificial”.*

La formulación de ideas claves metacientíficas

Desde el enfoque en la construcción de entidades metateóricas específicas, para abordar los aspectos a enseñar, y como un avance preliminar, al analizar los resultados obtenidos en el estudio se considera que:

Las discusiones entre botánicos y zoólogos contemporáneos a Haeckel para clasificar microorganismos, está relacionada con “la carga teórica de las observaciones”.

La construcción del modelo protista por parte de Haeckel se vincula con “la construcción de los hechos científicos” y la noción de “modelo teórico”.

Conclusiones

Las ideas clave metacientíficas pueden utilizarse para trabajar nociones sobre NOS e integrarlas a la enseñanza de la biología en el nivel medio y superior, para construir con los y las estudiantes el modelo protista desde una imagen de ciencia contextualizada, evitando simplismos.

Esta investigación se encuentra en una etapa inicial y se enmarca dentro de un proyecto más amplio que está en desarrollo, por lo que los hallazgos son parciales, sujetos a revisión y abiertos a nuevos interrogantes.

Museo de La Plata: el recorrido como excusa de la evolución

M. Felicitas Fonseca^{1,2}; María Soledad Scazzola¹

¹Universidad Nacional de La Plata (UNLP).

²Universidad Nacional Arturo Jauretche (UNAJ).

Contacto: felicitasf@gmail.com; scazzolasol@fcnym.unlp.edu.ar

El Museo de La Plata es un Museo con perspectiva naturalista, y por lo tanto el tema principal de su recorrido es la evolución. Al formar parte de la Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM), el Museo y la Facultad se nutren mutuamente respecto a las temáticas que se trabajan.

El Servicio de Guías del Museo de La Plata está integrado por estudiantes y graduados de las diferentes carreras que se estudian en la FCNyM. Aunque las visitas guiadas representan una de las propuestas más difundidas, no son las únicas, por nombrar algunas: actividades para Noche de Los Museos y Vacaciones de invierno, Visitas para y con personas de condición autista (CEA), talleres para personas en diferentes condiciones de discapacidad, entre otras.

Según el Consejo Internacional de Museos (ICOM) “Un museo es una institución sin ánimo de lucro, permanente y al servicio de la sociedad, que investiga, colecciona, conserva, interpreta y exhibe el patrimonio material e inmaterial. Abiertos al público, accesibles e inclusivos, los museos fomentan la diversidad y la sostenibilidad. Con la participación de las comunidades, los museos operan y comunican ética y profesionalmente, ofreciendo experiencias variadas para la educación, el disfrute, la reflexión y el intercambio de conocimientos”. Haciendo eco de esta definición el Museo de La Plata ofrece una amplia propuesta de popularización de las ciencias. En el caso del Servicio de

Guías, planificamos y ejecutamos una amplia diversidad de propuestas lúdico educativas con diversos objetivos, formatos, temáticas y destinatarios.

Una de las formas que tienen los visitantes de conocer el museo es a través de las visitas guiadas. Las mismas son una construcción colectiva e interdisciplinaria ya que el equipo de educadores del Servicio de Guías consta de representantes de las diversas carreras que se estudian en dicha facultad. Esto nos enriquece a la hora de problematizar los modos en que interactuamos con los visitantes respecto al tema general de la evolución.

En la institución recibimos una amplia diversidad de visitantes, que pueden diferenciarse en dos grandes categorías: los grupos educativos y el público general. Si hablamos de grupos educativos, nos referimos a grupos desde el nivel inicial hasta el universitario. En el caso de público general, incluimos a quienes se acercan a recorrer la institución, en familia u otros grupos de pertenencia. En el presente trabajo nos vamos a referir a grupos educativos.

En las visitas escolares, se abordan temáticas relacionadas a los contenidos curriculares de cada nivel, utilizando recursos y estrategias apropiados a cada edad. Los temas que se van a trabajar son acordados previamente con el/la docente, la temática evolutiva es un contenido transversal a la mayoría de las visitas.

El recorrido tradicional por el Museo comienza con el origen del universo, por la sala de *La Tierra: una historia de cambios, Tiempo y materia: laberintos de la evolución*, luego continúa por las salas de Paleontología, luego por las de Zoología. Para luego en planta alta, recorrer *Ser y pertenecer: un recorrido por la evolución humana*. En esta planta tenemos una sala de Etnografía y tres salas de Arqueología.

Como mencionamos, el tema de la evolución es transversal a todo el recorrido y por lo tanto el relato tiene como finalidad dar cuenta de los procesos ocurridos en la historia de nuestro planeta. Asimismo el guión da cuenta de los procesos de construcción del conocimiento sobre estas temáticas y el modo en el que se ha modificado el saber académico y por lo tanto también nuestro guión a lo largo del tiempo.

La necesaria distinción epistemológica de los periodos de darwinismo y de la Síntesis Moderna en la enseñanza de la evolución biológica

Matheus Ganiko-Dutra¹; Beatriz Ceschim²; Ana Maria de Andrade Caldeira¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (Unesp), Bauru, São Paulo – Brasil.

²Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia – Brasil.

Contacto: matheus.ganiko@unesp.br; beatriz.ceschim@unesp.br; ana.caldeira@unesp.br

Estudiantes y profesores de variados niveles de enseñanza presentan comprensiones incompatibles con el conocimiento científico de Evolución Biológica. Algunas incomprensiones son causadas por el empleo no criterioso de premisas de Jean Lamarck y Charles Darwin para hacer afirmaciones fundamentadas en la Síntesis Moderna. Consideramos la posibilidad de que analizar las diferencias que caracterizan los marcos explicativos de Darwin y de la Síntesis contribuya a

comprender la génesis de las teorías evolutivas, en el sentido de apoyar a los estudiantes a tener criterios para usar o rechazar premisas como “uso y desuso”, “ley de los caracteres adquiridos” y “selección natural”. Así, este trabajo pretende describir cómo estrategias didácticas basadas en el análisis de los marcos teóricos mencionados pueden contribuir a la formación conceptual de los profesores de Biología. Se utilizó la Síntesis como referencia de teoría evolutiva dado que, en Brasil, el currículo se basa en este marco teórico. Esta investigación tiene carácter cualitativo. La metodología de investigación fue el Grupo Focal. Profesores de Biología en formación (n=8) participaron de 10 encuentros presenciales, cuya recolección de datos fue mediada por actividades hechas en grupos con cuatro integrantes cada una. Se utilizaron textos académicos para fundamentar las discusiones y se realizó una actividad en la cual se solicitó a los participantes que describiesen las principales características de los marcos teóricos de Darwin y de la Síntesis Moderna. El carácter analítico y comparativo de la actividad es la principal estrategia para aumentar la capacidad de utilizar los conceptos originales de Darwin y los conceptos de la Síntesis de forma criteriosa. Para orientar la actividad, también se realizó una discusión referente a los principales eventos que organizan los procesos evolutivos para cada marco explicativo. Los datos fueron interpretados por medio de un Análisis Inductivo y originaron categorías de dos niveles que están discriminadas por números (1 y 2) y subcategorías discriminadas por letras (a, b y c). En los resultados, cada grupo categorizó los conceptos de las teorías evolutivas de Darwin y de la Síntesis por medio de la identificación del nivel orgánico y del nivel poblacional. Se pudo identificar que ambos grupos: apuntaron que Darwin explica la evolución (1) a nivel orgánico por medio de (a) uso y desuso, (b) transmisión hereditaria de caracteres adquiridos y (c) herencia viabilizada por pangénesis; (2) a nivel de población por medio de (a) selección natural desde de la variabilidad preexistente y (b) gradualismo. En relación con la Síntesis, ambos grupos señalaron que (1) a nivel orgánico, la variación surge por (a) mutaciones y (b) recombinaciones génicas; y (2) a nivel de población, el cambio de frecuencia génica se sucede por (a) selección natural y (b) deriva genética. El grupo 1 también señaló (c) el flujo genético y (d) la especiación como mecanismos de cambio poblacional. La contribución conceptual que esta actividad puede establecer es la de permitir la identificación de diferencias de las premisas darwinianas (que admiten ideas de Lamarck) con relación a las premisas de la Síntesis. Esta contribución fue posible gracias a la comparación sobre el origen del cambio a nivel orgánico (uso y desuso, ley de los caracteres adquiridos y pangénesis para Darwin versus mutación y recombinación génica para Síntesis Moderna). La actividad, desde pruebas del análisis, promovió la identificación de cuáles conceptos darwinianos fueron mantenidos en la Síntesis Moderna y cuáles fueron rechazados, contribuyendo para la formación epistemológica de los participantes.

Ecología Evolutiva

Efecto de la cópula heterospecifica sobre el *fitness* de hembras de *Drosophila antonietae*

A. Filizzola¹; L.E. Bennardo.¹; E. Hasson¹; J. Hurtado²

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

²Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

Contacto: antofilizzola3@gmail.com

En especies poliándricas, las adaptaciones masculinas útiles para afrontar la competencia espermática pueden resultar perjudiciales para las hembras. De esta manera, estas adaptaciones pueden promover el conflicto intersexual e impulsar una coevolución sexualmente antagonista, dando lugar al advenimiento de una carrera armamentista entre machos y hembras por controlar los eventos reproductivos bajo conflicto sexual. En este sentido, las proteínas seminales que los machos transfieren a las hembras durante la cópula podrían constituir adaptaciones masculinas con efectos adversos sobre las hembras. Bajo esta hipótesis, si estas proteínas fueran transferidas a hembras de otras especies que no hayan coevolucionado adaptativamente para contrarrestar sus acciones, esperamos que tengan un efecto exagerado. Con el fin de investigar esta predicción, estudiamos los efectos de la cópula heteroespecífica entre machos de *Drosophila koepferae* y hembras de *Drosophila antonietae*, especies cercanamente emparentadas del grupo *repleta*, sobre la resistencia a la inanición y la fecundidad de estas últimas, dos claros predictores del *fitness*.

Con el fin de valorar la resistencia a la inanición, evaluamos individualmente a las hembras en tubos sin agua ni comida, monitoreando la supervivencia cada 6 horas hasta el momento de su muerte. Las determinaciones se realizaron para hembras de *D. antonietae* inseminadas una única vez por machos de *D. koepferae*, hembras de *D. antonietae* inseminadas una única vez por machos de su especie y para hembras vírgenes de *D. antonietae*. Analizamos estos datos mediante curvas de supervivencia de Kaplan-Meier y el test de log-rank. En cuanto a la fecundidad, utilizamos los mismos tratamientos y controles, pero en este caso las hembras fueron mantenidas con machos de su especie durante 24 horas postratamiento, de modo que pudieran aparearse *ad libitum*. Transcurrido este plazo, mantuvimos a cada hembra en medio de cría fresco hasta que murió o cesó de oviponer, durante 10 días como máximo. Finalmente, estimamos la fecundidad de cada hembra como el número de descendientes adultos que produjo y analizamos los datos utilizando Modelos Lineales Mixtos Generalizados. Como resultado, observamos una reducción tanto de la resistencia a la inanición como de la fecundidad en hembras apareadas heteroespecíficamente.

Luego, nos propusimos evaluar si tales resultados pueden ser reproducidos en hembras de *D. antonietae* vírgenes pero inyectadas abdominalmente con extracto de glándulas accesorias masculinas (órgano donde se producen las proteínas seminales) de *D. koepferae*. Para ello, utilizamos un esquema de trabajo similar al de los experimentos de apareamientos, analizando las mismas variables (i.e., resistencia a la inanición y fecundidad) en hembras de *D. antonietae* inyectadas con extracto de glándulas accesorias heterospecíficas (i.e., de *D. koepferae*). Como controles, utilizamos hembras inyectadas con extracto conspecífico y hembras inyectadas con PBS (buffer utilizado para diluir las extracciones de glándulas accesorias).

Repitiendo el análisis previo, observamos que la resistencia a la inanición de las hembras inyectadas con extracto de glándulas accesorias heterospecíficas fue menor que la de las hembras control, tanto de aquellas inyectadas con extractos de glándulas accesorias conspecíficas como de aquellas inyectadas con PBS. Al analizar la fecundidad, observamos una reducción en las hembras inyectadas con extracto heteroespecífico en comparación con las inyectadas con PBS. Sin embargo, no encontramos una reducción significativa al compararlas con las hembras inyectadas con extracto conspecífico, aunque sí observamos una tendencia hacia una menor fecundidad.

Nuestros experimentos muestran efectos detrimentales de las cópulas heterospecíficas sobre el *fitness* de las hembras. Además, el hecho de que los experimentos de inyección abdominal de extracto de glándulas accesorias hayan reproducido parte de los efectos observados es consistente con la hipótesis de que las proteínas seminales son al menos parcialmente responsables de tales efectos.

Efecto del tiempo de descomposición de los detritos sobre la relación oviposición- desempeño de *Aedes aegypti*

Candela Arnaldo^{1,2}; Pedro Montini^{1,2}; Sylvia Fischer^{1,2}

¹Grupo de Estudio de Mosquitos, Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE), Universidad de Buenos Aires (UBA).

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEN, UBA), Buenos Aires, Argentina.

La teoría de oviposición óptima, o hipótesis de preferencia de oviposición-desempeño larval, propone que las hembras seleccionan los hábitats de puesta de huevos que maximizan el éxito reproductivo de su descendencia. La predicción de esta teoría es que las hembras grávidas preferirán oviponer en hábitats de alta calidad para las larvas, y no en aquellos de baja calidad. Esta teoría ha sido puesta a prueba en varias especies de mosquitos, encontrándose sustento para la misma en algunos casos, pero no en otros.

En el caso de *Aedes aegypti*, la relación entre la selección de sitios de oviposición y el éxito posterior de las larvas en respuesta a diferencias en la calidad nutricional del hábitat ha sido muy poco estudiada, especialmente bajo condiciones representativas de las que ocurren en la naturaleza.

Los escasos estudios realizados hasta el momento muestran que las hembras prefieren oviponer en recipientes no manejados, o sea, con mayor cantidad y antigüedad de detritos. Sin embargo, se desconoce el efecto del tiempo de descomposición de los detritos sobre la selección de los sitios de oviposición por parte de las hembras y el desempeño posterior de la descendencia.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la oviposición óptima de *Aedes aegypti* en relación al tiempo de descomposición de los detritos como indicador de la calidad del hábitat para el desarrollo de sus estados inmaduros.

Para cumplir con este objetivo se realizaron 1) un estudio de oviposición y 2) un estudio de desarrollo inmaduro. En ambos estudios se utilizaron tres tratamientos con distintos tiempos de descomposición de detritos en agua (3, 14 y 42 días). El estudio de oviposición se realizó en un barrio del Área Metropolitana de Buenos Aires, ofreciendo 18 unidades experimentales de tres recipientes (ovitrampas), uno para cada tratamiento, en sitios distintos. Luego de una semana se contaron los huevos por recipiente, y se comparó el conteo de huevos entre tratamientos. Para el estudio de desarrollo inmaduro se criaron larvas en recipientes con 200 ml de agua correspondiente a los tres tratamientos ya mencionados. A su vez, aplicamos dos tratamientos de densidad de larvas a cada una de las tres condiciones de tiempo de descomposición: a) densidad baja (20 larvas por recipiente), y b) densidad realista (número de larvas equivalente al promedio de huevos depositados en cada tratamiento en el estudio de oviposición). Para cada combinación de densidad larval y tiempo de descomposición se realizaron 6 réplicas. A partir de estas se registró el tiempo de desarrollo y longitud alar de las hembras, y se calculó la supervivencia total por recipiente. Con estas variables se calculó un índice de desempeño por recipiente, y se realizaron comparaciones entre tratamientos.

Los resultados mostraron una mayor oviposición en los tratamientos de 14 y 42 días de descomposición de detritos (media: 65 y 62 huevos, respectivamente) con respecto al tratamiento de 3 días (media: 16 huevos). Para ambas densidades larvales del estudio de desarrollo inmaduro, se observó una tendencia a la disminución del índice de desempeño con el aumento del tiempo de descomposición de detritos, la cual fue más pronunciada con densidades realistas.

Estos resultados difieren de lo esperado en base a la teoría de oviposición óptima, ya que las hembras de *Aedes aegypti* seleccionaron oviponer en los sitios donde las larvas mostraron un peor desempeño. Esto podría deberse a que para la selección de los sitios de oviposición las hembras están percibiendo variables ambientales distintas a las evaluadas en este trabajo como, por ejemplo, la permanencia del hábitat.

Estabilidad temporal en la evolución paralela de los rasgos valvares de los ecotipos de la lapa antártica *Nacella concinna*

Clarisa Marek Ortiz ^{1,2}; Juan J. Martínez ³; Ricardo Sahade ^{1,2}; M. Carla de Aranzamendi ^{1,2}

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA). Ecosistemas Marinos Polares. Córdoba.

³Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía. Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA). CONICET y Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy.

En el contexto actual de cambio climático, la Antártida y el Océano Austral están experimentando profundas transformaciones ambientales que imponen desafíos a las especies marinas. Estas pueden responder a través de cambios adaptativos o plásticos. Los ecotipos son marcadores valiosos para comprender las respuestas fenotípicas influenciadas por fuerzas evolutivas y variaciones ambientales, ya que son fácilmente categorizables y, a menudo, están vinculados a la aptitud y a las estrategias de historias de vida. Determinar los roles de estos procesos en el establecimiento y mantenimiento de la divergencia entre ecotipos de una especie es esencial para intentar anticipar las respuestas evolutivas frente al cambio climático.

En este estudio, analizamos la dinámica evolutiva de la estructura fenotípica poblacional entre los ecotipos litoral (EcoL) y sublitoral (EcoSL) de la lapa *Nacella concinna* a largo de casi dos décadas (2004-2021) en Caleta Potter, fiordo de una de las regiones con las tasas de calentamiento atmosférico más altas y rápidas de la Tierra, la Península Antártica Occidental. Este enfoque nos permite evaluar la evolución contemporánea considerando factores bióticos y abióticos, lo que facilita la inferencia de interacciones entre las fuerzas que intervienen. Los ecotipos de *N. concinna* habitan zonas ambiental y biológicamente distintas. En el litoral, las lapas están expuestas a una mayor variabilidad climática (deseccación en verano e impacto del hielo en invierno), al oleaje y a la depredación aviar; mientras que el sublitoral constituye un ambiente más estable. Considerando que la magnitud y la dirección de los cambios ambientales pueden diferir entre las zonas litoral y sublitoral, nuestra hipótesis plantea que las variaciones ambientales impulsadas por el cambio climático potencian los efectos de fuerzas evolutivas diferenciadoras, como la selección natural, que contribuyen al mantenimiento de los ecotipos de *N. concinna*. Por tanto, predecimos un aumento en las diferencias morfológicas y en la desviación de las trayectorias fenotípicas entre EcoL y EcoSL.

En nuestro trabajo, utilizamos por primera vez el Análisis Generalizado de Procrustes en *N. concinna* para discriminar exitosamente los ecotipos según la altura y forma lateral de sus valvas. Las valvas del EcoL fueron altas y globosas, mientras que las del EcoSL se caracterizaron por ser planas y triangulares. Contrario a nuestras expectativas, el grado de divergencia fenotípica entre ecotipos no aumentó con el tiempo, manteniéndose relativamente constante, excepto entre los años 2015 y 2016 cuando los ecotipos resultaron más similares. También hallamos un efecto temporal significativo en la variación fenotípica valvar, superando las diferencias valvares laterales entre los ecotipos. Sin embargo, este efecto temporal no alteró la dirección de las trayectorias fenotípicas de la forma valvar entre los ecotipos, que evolucionaron en forma paralela durante la serie temporal. Por otra parte, se registró una gran variabilidad interanual en la salinidad y la temperatura del agua y

atmosférica durante las últimas tres décadas en el sitio de estudio. La evidencia de evolución paralela sugiere que la selección natural pudo haber ejercido un papel más relevante en la divergencia ecotípica que la plasticidad fenotípica, considerando las amplias variaciones climáticas e hidrográficas. No obstante, se necesitan estudios específicos bajo condiciones controladas para indagar las contribuciones de los efectos plásticos y genéticos en los rasgos valvares que distinguen los ecotipos.

Este trabajo mejora la comprensión de los cambios temporales entre los ecotipos de *N. concinna* y los procesos microevolutivos subyacentes, que no habían sido estudiados previamente debido a la limitada disponibilidad de datos a largo plazo. Este conocimiento es crucial para entender las respuestas adaptativas de las especies a entornos cambiantes y respaldar estrategias de conservación y gestión. Así, se destaca la importancia del monitoreo continuo de la estructura fenotípica poblacional y las variaciones ambientales.

El gradualismo ambiental puede explicar la variación observada de los sistemas de polinización en Cactáceas columnares: análisis ecológico-evolutivo

Damian Freilij¹; Daniel Larrea Alcazar^{2,3}; Ramiro Pablo Lopez⁴; Fernando Velarde Simonini⁵; Naoki Kazuya⁴; Cecilia Bessega^{1,6}

¹Departamento Ecología, Genética y Evolución (EGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

² Herbario Nacional de Bolivia, Instituto de Ecología, Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), La Paz, Bolivia.

³Asociación Boliviana para la Investigación y Conservación de Ecosistemas Andino Amazónicos (ACEAA), La Paz, Bolivia.

⁴Facultad de Ciencias Puras y Naturales, Instituto de Ecología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

⁵Carrera de Biología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

⁶Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

Contacto: damianfreilij@gmail.com; cecib@ege.fcen.uba.ar

Las cactáceas son un grupo conspicuo y ecológicamente importante, ampliamente distribuido en ecosistemas áridos y semiáridos de América. La reproducción sexual dentro de este grupo está muy extendida, y los visitantes florales desempeñan un papel importante en el éxito reproductivo, estando condicionados a múltiples factores bióticos y abióticos, y a la distribución de las plantas disponibles. La hipótesis de la dicotomía geográfica (HDG) establece que los sistemas de polinización son más generalizados en áreas extra-tropicales en donde los recursos son más limitados, en contraste a latitudes tropicales donde las plantas presentarían sistemas más especializados en respuesta a condiciones más estables.

El objetivo principal de este trabajo fue evaluar el alcance de la HDG en cactáceas columnares y estudiar la asociación entre la variación ambiental y rasgos asociados a la polinización considerando su historia evolutiva, esperando diferencias entre los mismos de acuerdo a su distribución geográfica. Para ello se recopiló la información disponible referida a estudios de sistemas de polinización en 54 especies de cactáceas columnares de zonas tropicales y extra-tropicales. Se analizaron cuatro rasgos (síndrome de polinización, compatibilidad reproductiva, tipo de antesis y duración de la antesis) y se realizaron modelos lineales generalizados (MLG), regresiones filogenéticas, optimización evolutiva de caracteres, y modelos multivariados considerando 19 variables bioclimáticas y evapotranspiración potencial para responder a las siguientes preguntas: (a) ¿Existe una respuesta significativa de los rasgos de polinización a la latitud, el clima y el hemisferio? (b) ¿se obtienen los mismos resultados si se consideran las relaciones filogenéticas entre especies? (c) ¿puede el nivel de señal filogenética de cada rasgo ser atribuido a la historia evolutiva y/o a la adaptación a condiciones bioclimáticas similares? (d) ¿cuál es la historia evolutiva de los distintos caracteres estudiados en cada uno de los hemisferios?

Nuestros resultados señalaron que los rasgos del sistema de polinización evaluados muestran distintos grados de asociación con la latitud y/o el hemisferio. El síndrome de polinización varía con el hemisferio y la latitud, presentándose mayor variabilidad de síndromes en el sur, mientras que la duración de la antesis con el hemisferio, la latitud y su interacción. En contraste, el tipo de antesis varía únicamente con el hemisferio, y la compatibilidad reproductiva con la latitud. El patrón para el tipo de antesis a lo largo del gradiente latitudinal es similar en ambos hemisferios, pero no se detectó antesis exclusivamente nocturna en el hemisferio sur. La duración de la antesis difiere notablemente, ya que en el sur las flores permanecen cada vez más tiempo abiertas a medida que uno se aleja del ecuador, pero en el norte no hay cambios detectables con la latitud. En cuanto a la compatibilidad reproductiva, en ambos hemisferios hay patrones diferentes: mientras en el norte la probabilidad de autocompatibilidad aumenta con la latitud, en el sur disminuye.

Cuando se consideran las relaciones filogenéticas, las mismas tendencias se mantienen dando resultados consistentes entre los MLGs y los análisis de regresión filogenética. El nivel de señal filogenética resultó nulo o bajo para todos los rasgos del sistema de polinización. Este resultado podría explicarse por una historia evolutiva diferente y compleja para cada rasgo, como reveló el análisis de optimización de caracteres, sugiriendo además una alta homoplasia con múltiples transformaciones por convergencia y/o paralelismo para los mismos.

La asociación con variables ambientales sugiere que los rasgos de polinización evaluados en las cactáceas columnares varían gradualmente con respecto al contexto ambiental. De acuerdo con estos resultados, en lugar de una dicotomía geográfica, se sugiere utilizar una hipótesis de gradiente ambiental (EGH), en la que los sistemas de polinización más especializados podrían desarrollarse en condiciones más estables mientras que sistemas más generalizados podrían aparecer en ambientes con condiciones cada vez más variables.

Asociación entre gradiente ambiental de antropización y plasticidad fenotípica en dos especies de triatominos

F.G. Fiad^{1,2,3}; M. Cardozo⁴; J. Nattero⁵; F.J. Carezzano²; E. Seccacini³; A.G. López^{1,2,3}; G. Gigena^{1,2,3}; E. Díaz²; D.E. Gorla⁶; C.S. Rodríguez^{2,3}

¹Cátedra de Introducción a la Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales Universidad Nacional de Córdoba.

²Cátedra Morfología Animal, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales Universidad Nacional de Córdoba.

³Instituto de Investigaciones Biológicas y Tecnológicas (IIBYT-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas), Córdoba, Argentina.

⁴Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

⁵Departamento de Ecología. Genética y Evolución (Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB) (UBA/CONICET), CABA, Argentina.

⁶Instituto de Diversidad y Ecología Animal. Universidad Nacional de Córdoba - CONICET.

Triatoma garciabesi y *T. guasayana* son consideradas vectores secundarios de la enfermedad de Chagas, presentan estrategias de vida diferentes e invaden frecuentemente las viviendas rurales. *T. garciabesi* es arborícola asociada a aves, mientras que *T. guasayana* es terrestre asociada a mamíferos. La dispersión por vuelo en triatominos está relacionada con la forma de las alas y cabezas. Cambios ambientales generan presiones selectivas sobre las poblaciones de ambas especies promoviendo modificaciones en estas estructuras que podrían tener consecuencias en la dispersión por vuelo. El objetivo fue estudiar la asociación entre un gradiente de antropización y la plasticidad fenotípica en caracteres relacionados al vuelo de *T. garciabesi* y *T. guasayana*. Para definir el gradiente de antropización se obtuvieron mapas temáticos a partir de clasificaciones supervisadas, desde las que se obtuvo un mapa binario de cobertura vegetal y antrópica. Se seleccionaron siete paisajes de 196 km² con diferente grado de cobertura vegetal. Posteriormente, se extrajeron métricas de configuración y composición del paisaje, y se realizaron análisis jerárquicos de similitud empleando las métricas obtenidas. Se analizaron alas y cabezas de 103 individuos de *T. garciabesi* (53 hembras; 51 machos) y 312 individuos de *T. guasayana* (210 hembras; 102 machos) capturados en Cruz del Eje e Ischilín (noroeste de Córdoba, Argentina) durante los meses de octubre- diciembre de 2018 a 2020. Usando morfometría geométrica, se obtuvieron 11 hitos tipo I en alas y 5 hitos tipo II en cabezas. Se calcularon las distancias de Procrustes para las configuraciones de ambas estructuras y se realizaron análisis de variables canónicas (CVA) para comparar los cambios configuracionales asociados con los niveles de antropización. El análisis jerárquico de similitud ambiental reveló tres niveles de antropización (N): bajo (NB), intermedio (NI), alto (NA). Los resultados de los CVAs y las comparaciones entre grupos de las distancias de Procrustes mostraron diferencias significativas entre ambientes para ambas especies y sexos. En machos de ambas especies, la configuración de alas en NB fueron diferentes a las de NI y NA, mientras que las cabezas de NB fueron diferentes a las de NI. En hembras de *T. garciabesi*, la forma de alas en NB fueron diferentes a las de NI, las cabezas no

presentaron diferencias entre niveles. En hembras de *T. guasayana* la configuración de alas en NB fueron diferentes a las de NA, la forma de cabezas en NB fueron diferentes a las de NI. En general, la configuración de alas fue redondeada y ancha en sentido lateral en NB y finas y largas terminadas en punta en NI y NA, excepto en hembras de *T. guasayana* donde las alas de NA fueron redondeadas y anchas en sentido lateral. La forma de la cabeza para *T. garciabesi* en NB presentó expansiones en los ojos en sentido lateral y expansión en la región anteoocular comparado con NI; mientras que para *T. guasayana* en NB se observó una contracción lateral en los ojos y expansión de la región anteoocular comparado con NI y NA. Según estudios previos en insectos, las configuraciones alares en NB son compatibles con vuelos cortos y ágiles, mientras que en NI y NA corresponderían a vuelos largos. La configuración de las cabezas en NI y NA podría mejorar la recepción de información para la navegación al momento del vuelo. Ambas especies presentaron diferentes fenotipos que estuvieron asociados a los diferentes grados de antropización. Además, ambos sexos respondieron de manera diferente al gradiente de antropización lo que podría tener relación con las diferentes estrategias de vida, ecotopos en los que habitan y nivel de adaptación en los diferentes ambientes.

La ecología evolutiva de las interacciones planta-animal en la jungla de concreto

Facundo X. Palacio¹; Mariano Ordano^{2,3}

¹Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Fundación Miguel Lillo, San Miguel de Tucumán, Argentina.

³Instituto de Ecología Regional-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IER-CONICET), Yerba Buena, Argentina.

La urbanización representa uno de los sellos del Antropoceno, acelerando procesos evolutivos y remodelando las interacciones entre especies en el corto plazo. Por ejemplo, las áreas urbanas disminuyen la frecuencia de predación de agallas producidas por moscas formadoras de agallas, resultando en una selección direccional más intensa en contra del tamaño de agalla. Aunque es percibido que los ambientes urbanos ocasionan impactos de alta intensidad en el paisaje, han sido poco estudiados en términos de cómo moldean la selección natural y la evolución adaptativa de rasgos fenotípicos en interacciones planta-animal. Para evaluar la influencia de la urbanización sobre la selección fenotípica mediada por aves y el potencial adaptativo de rasgos del despliegue de frutos (definido como el conjunto de rasgos que caracterizan la oferta de frutos por planta; i.e., número de frutos maduros, masa fresca del fruto, longitud y diámetro del fruto, número y masa de semillas por fruto, contenido de carbohidratos en la pulpa y en la cáscara), utilizamos como sistema de estudio la interacción entre una planta productora de frutos carnosos (*Passiflora caerulea*) y aves frugívoras dispersoras de semillas en tres poblaciones (Pcia. de Buenos Aires, Argentina) con diferente nivel de urbanización (rural, semiurbano y urbano, n = 143). Analizamos cómo la urbanización alteraba la selección mediada por aves sobre rasgos del despliegue de frutos de forma directa e indirecta

utilizando modelos de ecuaciones estructurales, y estimamos gradientes de selección fenotípica con modelos log-lineales. Además, analizamos cómo la urbanización modifica el potencial adaptativo de rasgos de frutos y semillas mediante el cálculo de la evolucionabilidad (capacidad de una población de evolucionar hacia una determinada dirección de selección) a través de simulaciones de la matriz **G** (heredabilidad entre 0.13 y 0.87) y de gradientes de selección lineales. Las poblaciones semiurbanas y urbanas tuvieron plantas con mayor producción de frutos (tamaño de cosecha), mayor calidad del fruto (concentración de azúcares) y mayor remoción de frutos (estimador de adecuación), pero no mostraron diferencias en el número de semillas. En las tres poblaciones, la selección favoreció el tamaño de cosecha (gradiente direccional población rural = 1.37 ± 0.60 , $p < 0.0001$, gradiente lineal población semiurbana = 1.06 ± 0.53 , $p < 0.0001$, gradiente lineal población urbana = 1.02 ± 0.32 , $p < 0.0001$), pero las poblaciones urbanizadas relajaron la selección sobre rasgos del despliegue de frutos a través de un impacto indirecto positivo sobre la producción de frutos y la adecuación. Además, la urbanización aumentó la evolucionabilidad de rasgos del despliegue de frutos en la generación siguiente entre un 65 y un 80%. Nuestros resultados muestran que la urbanización puede alterar la selección fenotípica en interacciones múltiples así como la habilidad de estas poblaciones para responder frente a nuevos desafíos selectivos (i.e., evolucionabilidad). La selección más intensa detectada en la población rural podría indicar que los ambientes menos antropizados están sufriendo maladaptación, al verse desplazado el pico de adecuación en los ambientes urbanos. De esta forma, los ecosistemas altamente antropizados podrían afectar la selección natural sobre el fenotipo en el corto plazo y resaltan el rol del ser humano en la alteración de las dinámicas eco-evolutivas de las interacciones multiespecíficas.

Teoría de Asignación de Sexos en hermafroditas simultáneos. *Temnocephala iheringi* (Platyhelminthes) comensal de *Pomacea canaliculata* como caso de estudio

Henri González¹; Cristina Damborenea^{1,2}; Karine Delevati Colpo³; Francisco Brusa^{1,2}

¹División Zoología Invertebrados, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, Boulevard 120 & 61, La Plata, B1900CHX, Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Instituto de Limnología Dr. Raúl Ringuelet (CONICET-UNLP).

La Teoría de Asignación de Sexos propone que en los organismos hermafroditas simultáneos el tamaño del grupo de apareamiento influye en la energía asignada a ambos sexos. Grupos mayores invertirán más en el desarrollo de sus gónadas masculinas maximizando la posibilidad del rol masculino en la reproducción debido al menor gasto energético que esto implica frente al desarrollar un ovocito. De esta manera se incrementaría el volumen de esperma inseminado a la pareja, aumentando las chances de fecundar, pues los individuos que son inseminados reciben

esperma de diferentes parejas, por lo que tras la cópula las oportunidades que cada individuo tiene de fecundar se reducen a la competencia espermática dentro de los conductos femeninos.

El objetivo de este estudio es poner a prueba esta teoría, y el organismo modelo elegido es *Temnocephala iheringi*, un helminto (hermafrodita simultáneo) que es comensal del caracol de agua dulce *Pomacea canaliculata*. Se eligieron dos ambientes acuáticos lénticos urbanos, donde los tamaños de las infrapoblaciones de temnocéfalos difieren, lo que permite comparar el comportamiento reproductivo entre poblaciones con distinta densidad de individuos por hospedador.

Se realizó recolección de campo en los mencionados cuerpos de agua donde se colectaron caracoles que luego fueron llevados al laboratorio para su procesamiento. Se revisaron y cuantificaron las infrapoblaciones de temnocéfalos en la cavidad paleal de los hospedadores. Los gusanos fueron retirados de los hospedadores, de los cuales se seleccionaron los adultos para ser fijados. Los seleccionados fueron aplastados y fijados de manera estandarizada. Una vez aplastados los animales fueron fijados con alcohol de 95%. Posteriormente fueron deshidratados y teñidos con carmín clorhídrico para poder diferenciar las gónadas. Los ejemplares teñidos fueron fotografiados para calcular las superficies de los órganos de interés con el programa de código abierto ImageJ. Las superficies gonadales fueron consideradas como medida indirecta de inversión reproductiva en estos gusanos. Se compararon las densidades de temnocéfalos entre las dos poblaciones siendo una de ellas mayor que la otra. Se contrastaron las superficies de los órganos reproductivos masculinos (testículos) y femeninos (ovario y glándulas vitelógenas) para testear la inversión gonadal en ambas poblaciones.

Los resultados parciales aquí presentados nos permiten asegurar que la longitud de los temnocéfalos y las áreas de sus testículos son iguales en las dos poblaciones estudiadas. Estos resultados parciales no se ajustan con los principios de la Teoría de Asignación de Sexos para organismos hermafroditas simultáneos ya que los testículos deberían ser mayores en grupos de ejemplares más densos, por lo que nos queda seguir analizando los datos de las gónadas femeninas para saber si las áreas de estos ovocitos ectolecíticos nos dan más información sobre la inversión reproductiva en estos Platyhelminthes.

Evaluación de la capacidad de reflectancia asociada al disturbio antropogénico sobre especies de escarabajos copro-necrófagos (Coleoptera: Scarabaeinae) del Bosque Atlántico

I. Dellepiane¹; M.L. Barone¹; G.A. Zurita²; I.M. Soto¹

¹Biología Integral de Sistemas Evolutivos. DEGE. UBA - IEGEBA, CONICET.

²Instituto de Biología Subtropical. Nodo Iguazú. UNAM, CONICET.

El Bosque Atlántico representa uno de los ecosistemas con mayor diversidad y mayor disturbio antropogénico a nivel global. En este ecosistema, el reemplazo de bosque por potreros para ganadería produce un cambio en la cobertura y estructura de la vegetación, generando alteraciones

en las condiciones microclimáticas, como la radiación solar incidente, la intensidad lumínica, y la temperatura y humedad del aire y del suelo.

Los escarabajos copro-necrófagos (Coleoptera: Scarabaeinae) poseen un rol ecosistémico vital, ya que a través del enterramiento de materia orgánica facilitan el ciclado de nutrientes, la dispersión de semillas, el aireado del suelo y, en el caso particular de potreros para ganadería, disminuyen la incidencia parasitaria. Además, su alta diversidad y su sensibilidad al disturbio los convierte en un taxón ideal para estudiar el impacto del disturbio antropogénico sobre los ecosistemas.

La radiación electromagnética proveniente del sol llega principalmente en forma de luz y calor y su energía varía según la longitud de onda. La capacidad de reflectancia es un rasgo funcional capaz de influir en la termo-tolerancia dado que es una medida de cuánta radiación, y por ende calor, está siendo disipada. En el presente trabajo estudiamos la capacidad de reflectancia de los élitros de *Canthon quinquemaculatus* y *Deltochilum komareki*, especies de escarabajos que presentan períodos de actividad diferenciados, siendo diurna y nocturna respectivamente. El objetivo de este trabajo fue evaluar si la reflectancia de los élitros de *C. quinquemaculatus* difiere entre poblaciones de zonas con distinta incidencia de radiación solar debida a cambios en la cobertura vegetal, y compararla con la reflectancia de los élitros de *D. komareki*, no expuesta a la misma radiación debido a su comportamiento nocturno. Para esto se analizó la reflectancia de los élitros de individuos colectados en bosque nativo (alta cobertura) y en potreros para ganadería (baja cobertura) de ambas especies. Partiendo de las hipótesis de que tanto el ambiente de alta o baja cobertura, como el período de actividad diurno o nocturno, suponen una exposición diferencial a la radiación solar, se espera que los individuos de *C. quinquemaculatus* colectados en potreros, sometidos a mayores temperaturas y una mayor incidencia de radiación solar, presenten valores más altos de reflectancia. En contraste, no se esperan diferencias en la reflectancia entre las poblaciones de *D. komareki*, la especie nocturna.

Utilizamos escarabajos de las especies *C. quinquemaculatus* y *D. komareki* provenientes del Bosque Atlántico de Argentina, colectados tanto en bosque nativo continuo protegido ($n = 3♀ + 3♂$ para cada especie) como en potreros para ganadería ($n = 3♀ + 3♂$ para cada especie), utilizando trampas de caída cebadas con pollo en descomposición, en concordancia con la preferencia trófica necrófaga de ambas especies. Las trampas se mantuvieron activas durante períodos de 24 a 48 horas, abarcando así los períodos de actividad de ambas especies. Posteriormente, medimos el espectro de emisión de los élitros con un espectrofotómetro y obtuvimos un valor de reflectancia relativa promedio para cada individuo, utilizando el entorno R.

Con excepción de los machos de la especie nocturna, se observó un efecto del ambiente sexo-dependiente. En contraposición a lo esperado, en ambas especies la reflectancia de los élitros de las hembras provenientes de bosque fue mayor con respecto a las provenientes de potreros. Sin embargo, en concordancia con las hipótesis planteadas, en la especie diurna la reflectancia de los élitros de los machos de bosque fue menor con respecto a la de los machos de potreros, mientras que la reflectancia de los élitros de los machos de la especie nocturna no se vio modificada entre ambientes.

Los resultados obtenidos apoyan el escenario donde el cambio en las condiciones microclimáticas del ambiente derivado de disturbios antropogénicos se encuentra asociado a una modificación en las características de rasgos funcionales como la capacidad de reflectancia,

presentes en las poblaciones de estercoleros estudiadas, con efectos sexo-dependientes que deben ser analizados en mayor profundidad.

La selección experimental por distintos polinizadores predice las diferencias entre poblaciones producto de la adaptación local en *Salvia stachydifolia*

Juliana V. Izquierdo¹; Federico Sazatornil¹; Juan Fornoni²; Santiago Benitez-Vieyra¹

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, UNC-CONICET.

²Dpto. Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, UNAM - México.

La evolución del fenotipo floral de una especie está influenciada por sus polinizadores, su frecuencia de visita y su eficiencia. Una evidencia de esa interacción y la adaptación entre las especies involucradas se refleja en los conocidos “síndromes florales” producto de la evolución convergente en respuesta a la selección por un mismo gremio de polinizadores. Cada síndrome en la “metáfora de vórtice” de Thomson y Wilson representa un conjunto de fenotipos florales específicos dentro de un sistema con selección estabilizadora y, para que exista un cambio, un nuevo polinizador tiene que irrumpir en el escenario y desestabilizar ese sistema, posiblemente producto de cambios ambientales. En este trabajo, nos propusimos probar experimentalmente la “metáfora de vórtice”, manipulando el agente de selección en una única especie de polinización mixta. *Salvia stachydifolia* es un arbusto nativo de las Yungas Tucumano-Bolivianas cuyas flores son polinizadas por colibríes, abejas y moscas, existiendo variación interpoblacional en la composición del ensamble de polinizadores. En una población de polinización mixta en Tafí del Valle, donde el abejorro *Bombus opifex* y el colibrí *Sappho sparganura* son los principales polinizadores, cuantificamos la selección y la respuesta a la selección sobre la forma y tamaño de la corola. Separamos los efectos de los diferentes polinizadores mediante experimentos de exclusión horaria, basados en estudios previos sobre las tasas de visita en diferentes momentos del día. Para ello planteamos tres tratamientos: colibríes (7:00 - 10:00 h), abejas (10:00 - 13:00) y control (7:00 - 13:00). Como medidas del éxito reproductivo contabilizamos la cantidad de granos de polen depositados en el estigma y estimamos las semillas producidas bajo cada tratamiento. Caracterizamos la forma y el tamaño floral mediante morfometría geométrica, utilizando un total de 10 landmarks y 42 semilandmarks. Utilizamos los dos primeros componentes de un análisis de componentes principales (PCA) para resumir la variación en la forma y el logaritmo del tamaño del centroide como medida de tamaño. Obtuvimos los gradientes de selección lineal (β) sobre estos tres rasgos. Luego, con individuos de esa población que fueron trasladados y cultivados en condiciones ambientales controladas, obtuvimos 33 familias clonales con las que estimamos la matriz de varianza-covarianza genética (G) para los mismos tres rasgos florales. Con los gradientes de selección y matriz G estimamos la respuesta a la selección utilizando la ecuación multivariada de los criadores. Finalmente, con datos de otras dos poblaciones de *S. stachydifolia* de polinización pura (Minas Capillitas, polinizada por abejas, y Pozo de Piedra, polinizada por colibríes), comparamos la dirección de los gradientes y de la respuesta a la selección

obtenidas en cada tratamiento con la divergencia morfológica entre Tafí del Valle y las otras dos poblaciones. Observamos que la selección mediada por colibríes en Tafí del Valle y su respuesta se corresponde con las diferencias entre esta población y Pozo de Piedra, indicando que las diferencias interpoblacionales en la morfología floral pueden considerarse consecuencia de selección mediada por colibríes. Sin embargo, las diferencias poblacionales en la morfología floral entre Tafí del Valle y Minas Capillitas, polinizada únicamente por abejas, son mejor explicadas por la selección mediada por ambos gremios de polinizadores. Nuestro trabajo se destaca porque probamos experimentalmente que sucede con los rasgos florales en conjunto, en presencia de polinizadores de gremios diferentes, y comprobamos que la presencia de uno u otro polinizador, ejerce presiones diferenciales sobre los rasgos florales de una misma especie, prediciendo las diferencias interpoblacionales producto de la adaptación local.

Impacto de los sistemas de apareamiento en los rasgos de historia de vida de un caracol hermafrodita

Julia Pizá¹; Lara Cifola¹; Melisa Perl¹; Nicolás Bonel¹

¹Genética y Ecología Evolutiva, CERZOS, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad Nacional del Sur (UNS), Camino La Carrindanga Km 7, Bahía Blanca, Argentina.

Los gasterópodos constituyen gran parte de la biodiversidad animal de los ecosistemas terrestres y, en su mayoría, son hermafroditas simultáneos capaces de reproducirse por autofecundación o por fecundación cruzada. *Rumina decollata* es una especie nativa de la región del mediterráneo con una amplia distribución actual debido a introducciones antrópicas. Su expansión en regiones con condiciones ambientales limitantes evidencia que es una especie con una notable capacidad de respuesta a ambientes heterogéneos, probablemente relacionado con, por ejemplo, una dieta omnívora, xero- y termorresistencia. En Argentina, fue introducida en la década del 80 y se expandió rápidamente con una distribución actual que abarca desde la Patagonia hasta el norte de nuestro país donde habita regiones con características climáticas extremas. Si bien no es considerada una plaga de cultivos, por sus características biológicas tiene un gran potencial de serlo. Recientemente, fue incluida en la lista de especies exóticas invasoras de nuestro país. Además, es un huésped potencial de parásitos que infectan gatos domésticos y pueden afectar a los seres humanos. Comprender las estrategias que influyen en la variación de los rasgos de historia de vida es crucial para evaluar el potencial de expansión de esta especie y su impacto perjudicial en la biodiversidad, cultivos y salud.

Las condiciones ambientales ejercen una fuerte presión de selección sobre los caracoles terrestres, afectando los rasgos de la historia de vida y, en consecuencia, su capacidad para colonizar nuevos ambientes. El objetivo de nuestra línea de investigación es entender cuáles son los mecanismos y procesos ecológicos y evolutivos que favorecen la colonización y establecimiento de *R. decollata* en diferentes ecosistemas. El primer paso fue analizar la variación de los caracteres de

historia de vida en condiciones controladas de laboratorio en respuesta a los diferentes sistemas de apareamiento. Constituimos dos grupos de estudio usando individuos de la primera generación criada en el laboratorio (G_1): 1) caracoles sometidos a autofecundación (AF) y 2) caracoles sometidos a fecundación cruzada (FC). Para cada grupo estimamos el crecimiento individual (ecuación de von Bertalanffy), el peso corporal al momento de la primera oviposición (mg), edad a la primera oviposición (días), la tasa de fecundidad (huevos /individuo), el tiempo de eclosión (días) y la supervivencia juvenil (proporción de juveniles vivos a los 15 días de nacidos).

Observamos un efecto significativo del tipo de sistema de apareamiento en los rasgos de la historia de vida. Los AF mostraron un mayor crecimiento individual y un mayor peso corporal (21%) en el momento de la primera puesta con respecto a los FC. Esta diferencia de peso estuvo directamente relacionada con la diferencia de edad a la primera oviposición entre los AF y los de FC que fue de 37 días (192 ± 7 EE y 154 ± 10 EE días, respectivamente). Además, los AF presentaron una fecundidad menor ($3,0 \pm 0,5$ EE y $6,0 \pm 0,4$ EE), un mayor tiempo de eclosión (32 ± 2 EE y 28 ± 1 EE días) y una menor supervivencia de los juveniles (-50%) en comparación a los FC ($0.36 \pm 0,07$ y $0.70 \pm 0,07$, respectivamente).

En conclusión, si bien *R. decollata* es capaz de reproducirse tanto por autofecundación como por fecundación cruzada, nuestros resultados muestran que estas estrategias reproductivas tienen un impacto muy marcado en los rasgos de historia de vida con consecuencias ecológicas y evolutivas muy diferentes. Los resultados de este estudio enfatizan la necesidad de profundizar en la investigación de los mecanismos y procesos que impulsan la notable capacidad de esta especie no nativa para colonizar y establecerse en una variedad de ecosistemas con condiciones ambientales y climáticas diversas y desafiantes.

Efecto de la densidad de larvas en el tiempo de desarrollo y supervivencia en especies cosmopolitas de hábitos generalistas y plaga de la familia drosophilidae

L. Gandini^{1,2}; Nicolás Flaibani¹; Juan José. Fanara¹

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución (DEGE) - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEN, UBA).

²Universidad Nacional de Luján (UNLu).

Las especies pertenecientes a la familia drosophilidae no son plagas, ya que sus larvas se desarrollan y alimentan en materia vegetal en descomposición. Sin embargo, 2 excepciones son *Drosophila suzukii* y *Zaprionus indianus*, que oviponen en frutas comerciales sanas y maduras. Se ha hipotetizado que esto constituye una adaptación que permitiría evitar la competencia intra e interespecífica. En contraposición, para especies generalistas el *fitness* sería máximo a densidades intermedias como resultado de interacciones positivas (efecto Allee). A partir de esto esperamos que la capacidad de utilizar sustratos no aprovechados por sus principales competidores estará relacionada con una menor capacidad competitiva y un menor *fitness* al desarrollarse a altas

densidades de larvas. El objetivo del trabajo fue evaluar densodependencia en caracteres asociados al *fitness* en dos especies generalistas que emplean fruta en descomposición (*D. melanogaster* y *D. immigrans*) y dos con un comportamiento de plaga en frutas sanas (*D. sukii* y *Z. indianus*).

Evaluamos el tiempo de desarrollo (TD) y la supervivencia larva-adulto (V) a distintas densidades larvales. En tubos de vidrio con 5 ml de medio de cría se sembraron 5, 15, 30, 50, 100 o 150 larvas de primer estadio, generando cinco réplicas por combinación de especie y densidad. Las larvas se desarrollaron a 25 °C y fotoperiodo de 12h:12h (luz-oscuridad), contabilizando cada 12hs el número de adultos emergidos por tubo. El TD se midió como el tiempo transcurrido entre la puesta de los huevos y la emergencia del adulto, y la V como la proporción de larvas que llegaron al estadio adulto.

Todas las especies se desarrollaron exitosamente en todas las densidades analizadas, presentando la mayor V a menor densidad y la menor viabilidad a la máxima densidad. Sin embargo, el efecto detrimental denso-dependiente fue especie-específico. Para *D. immigrans* y *D. sukii* la disminución en la V fue gradual, llegando a 12% y 31% en la máxima densidad analizada. *Z. indianus* y *D. melanogaster* mantuvieron una alta V hasta llegar a la máxima densidad evaluada, donde *Z. indianus* mostró una pronunciada reducción de la V y *D. melanogaster* una disminución leve.

Zaprionus indianus y *D. immigrans* fueron las especies que presentaron los TD más largos para todas las densidades evaluadas, con un aumento del 49% entre las densidades mínima y máxima. Para *D. sukii* el incremento del TD entre las densidades 5 y 150 larvas/5 ml fue del 29%. Por el contrario, *D. melanogaster* presentó los TD más cortos para todas las densidades evaluadas y a diferencia de las otras especies, la densidad no afectó al TD. Esto indica la existencia de plasticidad fenotípica para el TD en relación a la densidad en todas las especies excepto *D. melanogaster*. Asimismo, nuestros resultados sugieren la existencia de dimorfismo sexual dependiente de la densidad y la especie. En particular observamos que a mayores densidades las hembras de *Z. indianus* presentaron menores TD que los machos, mientras que en *D. immigrans* sucedió lo contrario.

Se determinó que el incremento de la densidad durante el desarrollo de los estadios inmaduros fue detrimental en las 4 especies estudiadas, sin embargo, este efecto fue carácter y especie-específico. Esto implica que no obtuvimos evidencia a favor de la existencia de un efecto Allee para ninguna de las especies evaluadas. Por otra parte, en contraste a lo esperado, no detectamos efecto denso-dependiente diferente entre especies plagas y aquellas que solo oviponen en frutas en descomposición. Nuestros resultados sugieren que las diferencias de los efectos denso-dependientes que presentaron las especies evaluadas no reflejaría las distintas estrategias de oviposición lo cual, necesariamente, afecta los posibles mecanismos para controlar estas especies plaga.

El modo del cambio fenotípico contemporáneo en poblaciones naturales

L.D. Gorné^{1,2,3}; A.P. Hendry¹; F. Pelletier²; Y. Ritchot²; C. Correa^{4,5}; K.M. Gotanda³

¹Department of Biology and Redpath Museum, McGill University, Montréal, Québec, Canada

²Département de Biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Quebec, Canada.

³Department of Biological Sciences, Brock University, St. Catharines, Ontario, Canada.

⁴Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Instituto de Conservación Biodiversidad y Territorio, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

⁵Centro de Humedales Río Cruces, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Comprender cómo las poblaciones naturales responden a diferentes cambios ambientales es una temática central en la biología evolutiva, así como desde el punto de vista de la conservación. Una dificultad importante que obstaculiza esta comprensión es la falta de información abundante que describa el cambio fenotípico de las poblaciones a lo largo del tiempo.

En el presente trabajo compilamos una base de datos de series temporales de cambio en caracteres cuantitativos en poblaciones de animales y plantas, en tiempos contemporáneos. Esta base de datos fue construida en base a un sub-conjunto de estudios alocrónicos con 10 o más puntos temporales de la base de datos PROCEED (Phenotypic Rates of Change Evolutionary and Ecological Database) en su versión 6. PROCEED consiste en información proveniente de estudios que midieron cambios en caracteres cuantitativos (continuos o discretos) a nivel intra-específico en marcos temporales contemporáneos. PROCEED no incluye sistemas donde el cambio fenotípico se debe a procesos de hibridación inter-específica, poliploidización, u otras mutaciones.

Aplicamos dos métodos analíticos para clasificar cada serie temporal de acuerdo al modelo evolutivo que mejor se ajusta a cada una de ellas (cambio direccional, paseo aleatorio, Ornstein-Uhlenbeck o estasis). Estos métodos fueron el propuesto por Gingerich y el propuesto por Hunt (2012). Luego, analizamos la frecuencia de los diferentes patrones de cambio fenotípico (modelos evolutivos) en función del tipo de cambio ambiental, el tipo de carácter que se midió, y el grupo biológico al que pertenece la especie (“taxón”). Ambos métodos produjeron resultados similares. La frecuencia observada de cambio no aleatorio fue baja (20-25%). Se esperaba que las series temporales correspondiente a las poblaciones expuestas a impulsores (*drivers*) como el cambio climático, la cacería (la pesca o la recolección), u otros cambios ambientales que mantienen la intensidad a lo largo del tiempo produjeran, con mayor frecuencia, patrones de cambio direccional. Sin embargo, no encontramos esta relación. Por el contrario, en estos casos los patrones de cambio fenotípico fueron con mayor frecuencia consistentes con modelos de estasis, paseo aleatorio y Ornstein-Uhlenbeck, respectivamente. Las series temporales de caracteres morfológicos (diferentes del tamaño) y de crecimiento presentaron una alta frecuencia de patrones consistentes con la estasis, al igual que las series temporales de mamíferos. En contraste, las series temporales de aves fueron con mayor frecuencia consistentes con el modelo de Ornstein-Uhlenbeck.

Nuestros resultados muestran que los patrones de cambio fenotípico en el tiempo pueden ser muy variables, con una alta prevalencia de patrones de cambio aleatorio incluso cuando las poblaciones están expuestas a condiciones que hacen presuponer una fuerza de selección fuerte y sostenida.

Efectos combinados de la dieta y la temperatura de cría sobre la supervivencia en diferentes especies de *Drosophila*

Lucas Kreiman¹; Eduardo Soto²; Daniela Peluso¹; Nina Saroka¹; Esteban Hasson¹; Pablo Schilman³; Julián Mensch¹

¹Laboratorio de Evolución, IEGEBA-CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina.

²Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, IEGEBA-CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina.

³Laboratorio de Ecofisiología de Insectos, IBBEA-CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina.

En la naturaleza, los organismos experimentan la variación diaria de la temperatura ambiente. Esta fluctuación térmica varía según el lugar y el momento del año. Varios estudios incorporan esta fluctuación mediante el promedio de temperaturas. Sin embargo, según la *Desigualdad de Jensen*, es esperable que fluctuaciones térmicas en torno a una media resulten en rendimientos diferentes a las del valor medio. El género *Drosophila* consta de aproximadamente 3000 especies y consiste en un vasto linaje de organismos adaptados a una amplia variedad de contextos ambientales. Entre los más sorprendentes podemos destacar al grupo de especies cactófilas de *Drosophila* que han evolucionado una amplia gama de adaptaciones dietarias, como consecuencia de la utilización de las necrosis de varias especies de cactáceas como sitio de oviposición y cría. Por otro lado, hay especies frugívoras, como *Drosophila suzukii*, que a diferencia de la mayoría de las especies, ataca y ovipone en frutos que aún están adheridos a la planta. En este trabajo, se estudia la supervivencia juvenil de dos especies cactófilas de *Drosophila* de orígenes biogeográficos distintos (tropical y templado), así como el de la especie plaga *D. suzukii*, de origen templado. Nuestras hipótesis de trabajo son las siguientes: (1) las especies cactófilas presentan una mayor supervivencia en su medio de cría natural (cactus) respecto a *D. suzukii*, y (2) La supervivencia diferencial entre regímenes térmicos fluctuantes y constantes, con igual temperatura media, depende del origen biogeográfico de las especies. Las especies se criaron durante su desarrollo bajo distintas combinaciones de dietas (semi-natural y de laboratorio) y regímenes térmicos (constantes y fluctuantes). Con los tratamientos constantes (10, 17, 25 y 30°C) se construyeron curvas térmicas de rendimiento para la supervivencia juvenil en distintas dietas para las tres especies. Además de las temperaturas constantes, se criaron moscas a 10±6°C y a 25±6°C, en un perfil térmico que busca reproducir la fluctuación térmica diaria. Para *D. buzzatii* (origen templado) se encontró una interacción entre el régimen térmico y la dieta de cría para la supervivencia, especialmente a bajas temperaturas. Mientras que a 10°C constante, no completa su desarrollo en ningún medio de cría, bajo un régimen de fluctuación térmica media de 10°C (±6°C), 5-13% de los individuos completaron su desarrollo pero sólo en medio de cría de cactus. El régimen fluctuante, aún con temperaturas inferiores al umbral térmico inferior (8,7°C), resultó ser más benigno que a temperatura constante. Asimismo, el tratamiento de 25±6°C aumentó la supervivencia respecto de la cría a 25°C constante. Por otro lado, *D. venezolana* (origen tropical) no sobrevive al ser criada a 10°C (fluctuante o constante) en ningún medio, mientras que a 17°C bajo régimen constante alcanza una supervivencia del 3,5% únicamente si se desarrolla en cactus. A 25°C, *D. venezolana* muestra una viabilidad marcadamente menor bajo el régimen fluctuante vs. constante, únicamente en medio de

laboratorio. Sorprendentemente, nuestros resultados indican que *D. suzukii* es capaz de completar su desarrollo en dieta de cactus, al menos a 25°C y a 30°C, un hecho sugerido por observaciones en el campo pero hasta ahora aún no corroborado experimentalmente. Esta supervivencia es, como era esperado, significativamente menor a la de las especies cactófilas bajo el mismo tratamiento. Los resultados sugieren que los cactus proveen nutrientes que permiten a las larvas de las especies cactófilas afrontar regímenes térmicos desfavorables. Por otro lado, como se esperaba, la fluctuación térmica tiene un efecto favorable a bajas temperaturas para *D. buzzatii* y desfavorable a altas temperaturas para *D. venezolana*. Los resultados sugieren una sinergia especie-específica entre la dieta y la temperatura de cría (amplitud y media) sobre el rendimiento de estas especies.

El síndrome de inflorescencia de Darwin está asociado a la polinización por abejas

Marina M. Strelin¹; Nicolay L. Cunha¹; Aimé Rubini-Pisano²; Juan Fornoni²; Marcelo A. Aizen¹

¹Grupo de Investigación en Ecología de la Polinización, Laboratorio Ecotono, INIBIOMA (CONICET – Universidad Nacional del Comahue), San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina.

²Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Apartado Postal 70-275, Ciudad de México 04510, México.

La reproducción de las plantas con flores no solo está determinada por las características de las flores individuales, sino también por su disposición dentro de las inflorescencias. Basándose en observaciones de la orquídea *Spiranthes autumnalis*, Darwin propuso en 1877 que las plantas polinizadas por abejas que presentan flores protándricas, (en las que madura primero el androceo), en inflorescencias acropétalas verticales (en las cuales las flores proximales se abren primero), pueden aprovechar el comportamiento de forrajeo estereotípico de sus polinizadores (es decir, el movimiento ascendente a través de la inflorescencia) para promover la exportación de polen y reducir la autopolinización. En estas inflorescencias, las flores en fase masculina se encuentran por encima de las flores en fase femenina. Para examinar esta hipótesis no probada, compilamos información de la literatura para 718 especies de angiospermas y evaluamos la asociación entre inflorescencias acropétales verticales con flores protándricas y la polinización por abejas utilizando un marco comparativo filogenético. Los resultados revelan que este tipo de inflorescencia es en efecto más común en especies polinizadas por abejas. Además, esta asociación no parece debilitarse por la presencia de mecanismos alternativos para evitar la autopolinización, como la autoincompatibilidad. Esto sugiere que la configuración de Darwin beneficia principalmente la aptitud masculina en lugar de la femenina. Otros tipos de inflorescencia con flores en fase masculina por encima de la fase femenina (por ejemplo, inflorescencias basipétales verticales con flores protogínicas) no presentan una asociación diferencial con la polinización por abejas. ¿Por qué no se asocian diferencialmente? Una explicación posible es que la configuración de Darwin presenta una mayor aptitud que las demás configuraciones. En particular, se ha demostrado que la producción de néctar sesgada hacia la fase femenina en inflorescencias acropétales verticales con flores

protándricas genera gradientes de néctar decrecientes en la dirección de forrajeo de la abeja. Estos gradientes refuerzan a su vez el comportamiento de las abejas de volar hacia arriba. Por otra parte, la ausencia de una asociación significativa entre la polinización por abejas y morfologías de inflorescencias funcionalmente equivalentes a la configuración de Darwin también puede relacionarse con la baja representación de estas morfologías alternativas en nuestro conjunto de datos. De hecho, la frecuencia de especies con inflorescencias con la configuración de Darwin es cuatro veces mayor que la frecuencia de las demás configuraciones juntas. Una mayor representatividad de la configuración de Darwin en nuestros datos podría reflejar sesgos en el desarrollo de las angiospermas. En particular, la configuración de Darwin podría ser más frecuente que otras morfologías funcionalmente equivalentes porque los ejes de las plantas tienden a desarrollarse de manera acropétala y la maduración de las estructuras fértiles en flores protándricas sigue el orden centrípeta de la iniciación de los verticilos florales. De esta manera, nuestro estudio enfatiza la naturaleza multifacética de los rasgos reproductivos de las plantas, abarcando tanto aspectos funcionales como estructurales.

Hibridación experimental en *Drosophilas* cactófilas y efectos de sus plantas hospedadoras sobre la divergencia morfológica entre especies

Martina S. Pernigotti¹; Eduardo M. Soto¹; Julián Padró²; Ignacio M. Soto¹

¹Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

²Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional del Comahue).

La habilidad para utilizar tejidos de cactus en descomposición como sitios de oviposición, cría y alimentación es un aspecto clave que ha permitido la diversificación exitosa del grupo *Drosophila repleta* en desiertos y zonas áridas de América. Dentro de este grupo, el cluster *Drosophila buzzatii* es un clado sudamericano con siete especies cercanamente emparentadas con diferentes grados de divergencia, un sistema modelo muy valioso para la investigación evolutiva. En este estudio nos enfocamos en las bases genéticas asociadas a diferencias morfológicas y en su relación con el uso de diferentes plantas hospedadoras entre *D. koepferae* y *D. antonietae*, el último par de especies en divergir dentro de este grupo.

Utilizando técnicas de morfometría geométrica, medimos la morfología de alas y genitales en machos de *D. koepferae* y *D. antonietae*, sus híbridos y retrocruzas, recíprocamente criadas en cada uno de los cactus hospedadores. Este método brindó una fuente de diversidad genética, permitiendo separar los efectos ambientales y genéticos en órganos que se predice están involucrados en procesos de selección sexual y la habilidad para dispersarse.

Observamos herencia no aditiva y una interacción genotipo- hospedador tanto en la forma de alas como de genitales, mientras que para el tamaño de estos caracteres, el único factor que

generó un efecto fue la especie de cactus utilizada. Los disturbios genéticos elicidados por la hibridación fueron, en consecuencia, dependientes de la planta hospedadora. Nuestros resultados apoyan un modelo ecológico de especiación para *Drosophilas* cactófilas con la diversidad de cactus como un importante factor que contribuye a la divergencia fenotípica y genética entre estas especies.

Mosaicismo genético en plantas: efecto de la forma de vida, el tamaño y el tipo de ramificación sobre la viabilidad polínica

Natalia C. Soares¹; Gabriela L. Gleiser¹; Marina M. Strelin¹; Sabrina Savini¹; Vanina R. Charcoff¹; Nicolay L. da Cunha¹; Marina Arbetman¹; Eduardo E. Zattara¹; Marcelo A. Aizen¹

¹Grupo de Ecología de la Polinización, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA/ CONICET), Universidad Nacional del Comahue, Río Negro, Argentina.

Los fundamentos de la teoría evolutiva moderna asumen que la información genética se transmite a través de una línea germinal aislada del resto del cuerpo del individuo, como resultado de una segregación temprana de la línea germinal. Sin embargo, este modelo sólo se observa en un subconjunto de animales, mientras que todos los organismos modulares, incluyendo las plantas, presuntamente presentan una segregación tardía. Esto tiene implicancias importantes, sobre todo en especies longevas y con alto grado de dominancia apical; ya que debido a la acumulación de mutaciones somáticas, los individuos tenderían a adquirir un nivel creciente de mosaicismo genético con el tiempo, lo que afectaría sus capacidades reproductivas y su contribución a la diversidad genética de la población. Teniendo en cuenta que el polen es un estadio haploide en el que se expresa una gran proporción de genes, proponemos estimar la variación en la viabilidad polínica, considerada como *proxy* de la variación genética intraindividual, en especies de plantas que difieren en cuanto a su forma de vida (hierbas, arbustos o árboles), al tipo de ramificación (monopodial o simpodial), y en el tamaño, poniendo a prueba la hipótesis de segregación tardía. Esperamos que los árboles altos, con ramificación monopodial, muestren una menor viabilidad asociada a la acumulación de mutaciones somáticas. Para obtener información de la viabilidad para un amplio conjunto de especies, se realizó una búsqueda bibliográfica en *google scholar* utilizando el término "*pollen viability*". Se recopilaron datos de viabilidad polínica a partir de 120 estudios, y los datos faltantes sobre forma de vida, ramificación y altura se completaron a partir de estudios adicionales. La base de datos final estuvo compuesta por 336 especies, incluyendo 178 hierbas, 58 arbustos y 100 árboles, que difieren en el tipo de ramificación (171 simpodial, 145 monopodial, 20 indeterminados), y altura. Se construyó un árbol filogenético para estas especies a partir de las relaciones evolutivas descritas en la megafilogenia "GBOTB.extended.TPL". Las especies ausentes en ésta fueron insertadas según su afinidad filogenética con especies presentes en la misma. Una vez obtenida la hipótesis filogenética, se corrió una regresión mixta filogenética vinculando a la variación intraindividual en la viabilidad del polen (medida como proporción de polen viable) con la forma de vida, el tipo de ramificación y la altura. El análisis además incluyó las publicaciones de las que se

obtuvieron los datos como factor aleatorio. La variación en la viabilidad fue explicada principalmente por la forma de vida y altura de las especies. Como se esperaba, los árboles mostraron menor viabilidad en comparación con los arbustos y hierbas, mientras que, las especies más altas mostraron una mayor viabilidad, contrariamente a la hipótesis inicial, la cual quizás está asociada a una mayor disponibilidad de recursos. Además, encontramos una leve tendencia hacia una menor viabilidad en las especies con ramificación monopodial, es decir, las que tienen mayor dominancia apical. La menor viabilidad polínica observada en las especies arbóreas con ramificación monopodial confirma la idea de que las plantas adquieren un nivel creciente de carga genética durante el desarrollo vegetativo, asociado a la acumulación de mutaciones somáticas que se transmite directamente a las gametas. Por lo tanto, nuestros resultados apoyan la hipótesis de que no existe segregación temprana de la línea germinal en las plantas sino que, por el contrario, las plantas individuales constituyen verdaderos mosaicos genéticos, capaces de transmitir a sus descendientes mutaciones somáticas que incrementan la variación genética de las poblaciones, efecto que es más importante en plantas longevas.

Efectos de la urbanización sobre la morfología de *Triatoma infestans* (Hemiptera: Reduviidae)

Romina V. Piccinali^{1,2}; Ana L. Carbajal de la Fuente^{3,4}; Florencia Cano⁵; Julieta Nattero^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Laboratorio de Eco-Epidemiología. CABA, Argentina.

²CONICET – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB). CABA, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). CABA, Argentina.

⁴Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-epidemias (CeNDIE)-ANLIS, Malbrán-Ministerio de Salud de la Nación. CABA, Argentina.

⁵Programa Provincial Control de Enfermedades de Transmisión Vectorial. Ministerio de Salud Pública. San Juan, Argentina.

Los cambios ecológicos asociados a la urbanización pueden afectar profundamente la evolución de las especies. Las ciudades representan ecosistemas nuevos, con características diferentes a las de las áreas naturales, y su efecto sobre las distintas poblaciones de organismos son de particular interés de cara al aumento notable de las áreas urbanas a nivel global. En el caso particular de los insectos vectores de enfermedades, esta información adquiere mayor relevancia dados sus efectos sobre la salud de las personas y el ecosistema. En la actualidad, poco se sabe sobre los cambios fenotípicos asociados al proceso de urbanización en las distintas especies de triatominos, insectos vectores de *Trypanosoma cruzi*, el protozoo que produce la enfermedad de Chagas. En este trabajo comparamos caracteres fenotípicos entre hembras y machos urbanos y rurales de *Triatoma infestans*, el principal vector de la enfermedad de Chagas en la Argentina. Se midió el largo y ancho del fémur de la primera y segunda pata derecha, y se obtuvo, mediante técnicas de morfometría

geométrica, el tamaño y la conformación de las alas derechas en insectos colectados en ambientes urbanos (N = 24) y rurales (N = 24). Los análisis revelaron efectos del tipo de ambiente sobre las características de las patas. En particular, las hembras rurales presentaron fémures más largos y anchos que las hembras y los machos urbanos. Las medias del tamaño centroide fueron significativamente diferentes según el ambiente y el sexo. Las alas de las hembras rurales fueron mayores que la de todos los otros grupos y las alas de los machos rurales fueron mayores que de los machos urbanos. Un análisis canónico para la conformación de las alas mostró que el primer eje separa a los individuos por ambiente, y el segundo eje por sexo a los individuos rurales. Las distancias de Mahalanobis fueron significativas entre todos los grupos y las de Procrustes solo entre individuos de distintos ambientes. Nuestros resultados muestran que existen diferencias de conformación alar entre individuos urbanos y rurales, y muestran una reducción en el tamaño de las patas en las hembras urbanas, y del tamaño de las alas en hembras y machos urbanos, con la consiguiente pérdida del dimorfismo sexual. Estos cambios morfológicos podrían ser consecuencia de plasticidad fenotípica y/o cambios heredables producto de la adaptación al ambiente urbano.

Desarrollo y Comparación de la Performance de Modelos Morfométricos para la Determinación del Sexo en *Pomacea canaliculata* (Lamarck, 1822) (Caenogastropoda: Ampullariidae)

Rodrigo G. Villarreal¹; Eduardo M. Soto¹; Ignacio M. Soto¹; Sergio E. Miquel²; Andrés O. Porta^{1,3,4}

¹Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, IEGEBA - DEGE, FCEN, UBA, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

²División Invertebrados, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

³División Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

⁴Departamento de Ciencias Exactas, Universidad Nacional del Oeste, San Antonio de Padua, Prov. de Buenos Aires, Argentina.

Las técnicas de morfometría geométrica son ampliamente utilizadas en biología pues permiten describir y analizar la variación de las formas de los seres vivos. Uno de estos métodos muy utilizado para describir contornos cerrados (e.g. hojas, valvas), es el análisis elíptico de contornos de Fourier (EFA, siglas en inglés). Se basa en modelar la forma y tamaño de un contorno (en el caso planar) descomponiéndolo como una serie de curvas cerradas, cuyos coeficientes permiten comparar la variación de forma y tamaño entre organismos por medio de técnicas multivariadas.

Con el objetivo de comparar la performance de este método con otros basado en medidas lineales para caracterizar formas, en este trabajo se elaboraron dos modelos que permiten determinar el sexo de individuos del gasterópodo dulciacuícola *Pomacea canaliculata* (Lamarck, 1822) utilizando la forma y las dimensiones del opérculo. Ambos modelos emplean la forma de esta estructura, pero, mientras que uno usa morfometría clásica (con medidas lineales), el otro emplea

morfometría geométrica para caracterizar la forma del opérculo mediante un análisis de contornos elípticos de Fourier. El trabajo se estructuró en dos etapas. En la primera, de desarrollo y entrenamiento de modelos (*developing & training*), se utilizó un set de muestras para desarrollar modelos de manera de permitirles estimar, por medio de unas funciones programadas en R, la verosimilitud del sexo de un individuo utilizando cada tipo de datos (medidas lineales vs. coeficientes de Fourier). Posteriormente, en la segunda etapa, de testeo (*testing*), se evaluó la eficiencia de cada modelo obtenido en la etapa anterior y de otro desarrollado por N. J. Cazzaniga en 1990 para estimar el sexo de nuevos individuos de un set de muestras de testeo (ejemplares no utilizado en la primera etapa). Los resultados obtenidos permiten concluir que los dos modelos desarrollados en este trabajo poseen una eficacia similar en la determinación del sexo pero son, en cambio, superiores en este aspecto al desarrollado por Cazzaniga que utiliza medidas lineales de la abertura de la concha.

Ausencia de apareamiento selectivo y de mecanismos de aislamiento reproductivo postcigótico en una zona de contacto entre linajes divergentes de la ratona (*Troglodytes aedon*)

P.A. Fracas¹; R.S. Arrieta²; B. Bukowski³; L. Campagna^{4,5}; P.D. Lavinia³; P.E. Llambías²; P.L. Tubaro³; D.A. Lijtmaer³.

¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

²Biología de Aves – Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Mendoza, Argentina.

³División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), Buenos Aires, Argentina.

⁴Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, 159 Sapsucker Woods Road, Ithaca, NY 14850, USA.

⁵Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, 215 Tower Road, Ithaca, NY 14853, USA.

La diversificación con flujo génico es más frecuente que lo que se ha considerado tradicionalmente, tanto durante el proceso inicial de divergencia entre linajes como en los contactos secundarios. La ratona (*Troglodytes aedon*) es el passeriforme con distribución más amplia en América, incluyendo múltiples linajes definidos por su ADN nuclear y/o mitocondrial, así como numerosas subespecies basadas en diferencias morfológicas o comportamentales. En Uspallata, Mendoza, confluyen con presencia de flujo génico, el linaje patagónico y un linaje ampliamente distribuido en zonas bajas del cono sur de Sudamérica, que poseen hasta un 5% de diferenciación en el gen mitocondrial COI, sugiriendo que ocurrió una separación entre ellos hace alrededor de 2 millones de años. El trabajo tuvo dos objetivos: 1) estudiar la presencia de apareamiento selectivo en la zona de contacto en relación al linaje de la pareja, a fin de evaluar la presencia de métodos de aislamiento reproductivo precigótico, y 2) analizar si la pertenencia de los individuos de la pareja a

diferentes linajes mitocondriales influye negativamente en la viabilidad de los pichones en las etapas de huevo hasta volantón, lo que sugeriría la presencia de mecanismos de aislamiento reproductivo postcigótico. Se utilizaron datos de dos temporadas reproductivas de 43 parejas pertenecientes a una población que nidifica en cajas nido (~50 cajas) desde 2011 en una plantación de álamos en Uspallata. Se secuenció un fragmento del gen mitocondrial COI de los individuos de cada pareja para asignarlos a su linaje correspondiente y se calculó la distancia genética que poseían para dicho gen. También se determinó el tamaño de puesta (máximo número de huevos observados en el nido), número de pichones eclosionados (máximo número de pichones observados durante el periodo de eclosión) y de volantones (número de pichones que abandonaron exitosamente el nido) de cada pareja. Se encontró una proporción similar tanto de machos como de hembras de cada uno de los linajes, y de las 43 parejas evaluadas, 21 fueron del mismo linaje y 22 fueron mixtas. La probabilidad de que un individuo de un linaje forme pareja con otro del mismo o del otro linaje no difirió de lo esperado por azar, indicando la ausencia de apareamiento selectivo. Más del 80% de los nidos fueron exitosos y produjeron al menos 3 volantones; los cuatro casos de nidos sin volantones se debieron a predación en la etapa de pichones. No se encontró una asociación significativa entre la pertenencia de los padres al mismo o diferente linaje (o su distancia genética) y la viabilidad de su progenie desde la etapa de huevos hasta la de volantones. Estos resultados indican que, a pesar de la notoria divergencia genética entre estos linajes evolutivos, no existe apareamiento selectivo en la zona de contacto, reflejando la ausencia de mecanismos de aislamiento reproductivo precigótico. Tampoco habría mecanismos de aislamiento reproductivo postcigótico actuando en la zona, al menos en las etapas críticas del desarrollo del huevo y los pichones. Estos resultados plantean nuevos interrogantes, que constituyen las próximas etapas del estudio. Por un lado, estamos analizando si los linajes difieren en sus vocalizaciones en áreas de alopatría, y en caso de ser así se evaluará si los cantos se han modificado en el área de contacto (como resultado del flujo génico entre linajes y/o del aprendizaje), dejando de ser un mecanismo de aislamiento reproductivo. Por otra parte, se evaluará cómo es la interacción entre los genes nucleares y mitocondriales, de modo tal que los genes nucleares involucrados en la respiración y especialmente aquellos que deben interactuar con los productos mitocondriales sean compatibles con las mitocondrias de ambos linajes, aún cuando éstos poseen mitocondrias notoriamente divergentes.

Características morfo-funcionales de las alas en *Triatoma garciabesi* (Hemiptera: Reduviidae) y su relación con la diversidad genética

Thaiane Verly¹; Sebastián Pita²; Ana L. Carbajal de la Fuente¹; Gabriela Burgueño-Rodríguez²; Romina V. Picinali^{3,4}; Patricia Lobbia⁵; Paz Sánchez Casaccia^{1,6}; Antonieta Rojas de Arias⁶; María José Cavallo⁷; Federico G. Fiad⁸; Gisel V. Gigena⁸; Claudia S. Rodríguez⁸; Julieta Nattero^{3,4}

¹Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-Epidemias (CeNDIE), Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud “Dr. Carlos Malbrán” (ANLIS), Buenos Aires, Argentina.

²Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

³Departamento de Ecología Genética y Evolución, Laboratorio de Eco-Epidemiología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

⁴Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET/Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

⁵Unidad Operativa de Vectores y Ambiente (UnOVE), Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud “Dr. Carlos Malbrán, Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-Epidemias (CeNDIE), Córdoba, Argentina.

⁶Centro para el Desarrollo de la Investigación Científica (CEDIC), Asunción, Paraguay.

⁷Centro Regional de Energía y Ambiente para el Desarrollo Sustentable (CREAS-CONICET)-Universidad Nacional de Catamarca (UNCA), San Fernando del Valle de Catamarca, Catamarca.

⁸Cátedra de Morfología Animal, Instituto de Investigaciones Biológicas y Tecnológicas (IIByT), Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)/Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

Triatoma garciabesi es un insecto potencial vector de la enfermedad de Chagas, de hábito principalmente silvestre aunque se encuentra también en ambientes peridomésticos. Esta especie se distribuye en las regiones semiáridas del noroeste y centro de Argentina, oeste de Paraguay y Chaco boliviano. El vuelo es considerado la principal estrategia dispersiva que presenta este grupo de insectos. En particular, el hemiélitro presenta una estructura morfológica asociada a su función: una porción membranosa que se deforma debido a fuerzas aerodinámicas e inerciales y una porción esclerotizada que limita las deformaciones y brinda soporte. La forma, tamaño y desarrollo de las partes del hemiélitro definen características relacionadas con la eficiencia del vuelo: alas alargadas y angostas determinan mayor capacidad de deformación con menor costo energético para vuelos a larga distancia. Por otro lado, la relación de aspecto ($\text{longitud alar}^2 / \text{área alar}$) indica la capacidad de vuelo, mayores valores de esta relación son compatibles con vuelos más eficientes y largos. El objetivo de este estudio fue comprender las características morfo-funcionales del hemiélitro y su relación con la distribución geográfica que presentan los linajes genéticos de esta especie. Se estudiaron machos de *T. garciabesi* de 24 poblaciones incluidas en todo el rango de distribución. Para los análisis de la diversidad genética se utilizó un marcador mitocondrial, *citocromo C oxidasa I (col)*, entre 1 y 4 individuos de las 24 poblaciones. Para los análisis morfo-funcionales del hemiélitro se utilizaron métodos de morfometría geométrica basada en *landmarks*. Se caracterizó el tamaño

(tamaño centroide) como la raíz cuadrada de la suma de las distancias al cuadrado de cada *landmark* desde el centroide, y la conformación del hemiélitro de 197 individuos utilizando 8 *landmarks* tipo 1. También se definió el contorno de ambas partes del ala utilizando una combinación de *landmarks* y *semilandmarks* (20 y 22 para la parte esclerotizada y membranosa respectivamente). Se midió la longitud y el área de la parte membranosa del ala para calcular la relación de aspecto. El análisis filogenético del marcador mitocondrial mostró 2 linajes bien definidos. El linaje este se encuentra restringido a un área en el centro y oeste de Chaco y el oeste de Formosa (8 de las 24 poblaciones) y el linaje oeste (16 de las 24 poblaciones) representado en el resto de la distribución de la especie. El tamaño centroide del hemiélitro mostró diferencias entre linajes (ANOVA: $F_{(2, 197)} = 6,929$, $P = 0,0092$), presentando mayor tamaño los del linaje este. El hemiélitro de ambos linajes también mostró diferencias en conformación (distancia de Mahalanobis y Procrustes $P < 0.0001$) y en relación de aspecto (ANOVA: $F_{(2, 197)} = 6,808$, $P = 0,0099$), presentando mayor relación de aspecto el linaje oeste. El tamaño centroide de la parte esclerotizada del ala mostró diferencias (ANOVAs: $F_{(2, 197)} = 8,967$, $P = 0,0031$) siendo de mayor desarrollo en el linaje este. Para este linaje también se observó que la parte esclerotizada del hemiélitro fue más ancha en su conformación que para el linaje oeste ($P < 0.0001$ para las distancias de Mahalanobis como de Procrustes). La parte membranosa del linaje oeste fue más larga y angosta en comparación con el linaje este. Las diferencias morfológicas que se observaron en el hemiélitro de los 2 linajes sugieren diferentes tipos de vuelos. El linaje oeste presentaría vuelos aerodinámicamente más estables, energéticamente menos costosos y de mayor duración. Las características morfológicas del linaje este son compatibles con vuelos cortos, lentos y menos estables. El análisis de la morfo-funcionalidad del ala podría ayudar a comprender el tipo de vuelo que exhibe cada linaje. Las presiones selectivas podrían explicar la distribución que muestran estos dos linajes que presentan diferente tipo de vuelo.

Variación del periótico de los Odontoceti mediante herramientas de morfometría geométrica 3D

Viviana Milano^{1,3}; Juan Vrdoljak^{2,3}; Florencia Paolucci⁴; M.Florencia Grandi¹; Monica R. Buono^{5,6}

¹Laboratorio de Mamíferos Marinos CESIMAR-CONICET Bvd. Brown 2915, 9120, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

²Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales (IPEEC-CONICET).

³Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB).

⁴División Paleontología Vertebrados, Unidades de Investigación Anexo Museo, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, 60 y 122, 1900, La Plata, Buenos Aires, Argentina. CONICET.

⁵Instituto Patagónico de Geología y Paleontología, CCT CONICET-CENPAT. Bvd. Brown 2915, 9120, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

Contacto: vmilano@cenpat-conicet.gob.ar; grandi@cenpat-conicet.gob.ar; paolucciflorencia@fcnym.unlp.edu.ar; buono@cenpat-conicet.gob.ar

Desde su origen en el Oligoceno, los cetáceos odontocetos experimentaron una rápida radiación adaptativa vinculada con la adquisición de innovaciones claves, tales como el sistema de ecolocalización (emisión y recepción de sonidos de alta frecuencia que les permite ubicar presas y relevamiento topográfico del medio), en el cual intervienen estructuras auditivas y faciales del cráneo. En particular, el complejo timpánico-periótico, que alberga el oído interno y medio, experimentó notables modificaciones en vinculación con la audición subacuática de altas frecuencias. Además, presenta una notable disparidad morfológica entre los diferentes linajes que ha sido utilizada en la identificación taxonómica de familias e incluso de especies. Hasta el momento, hay escasos estudios que exploren la variación morfológica del tímpano- periótico de los odontocetos con una aproximación cuantitativa (por ej. con morfometría geométrica). Asimismo, la morfología del tímpano-periótico, además de estar influenciada por la historia evolutiva de los grupos, podría estar funcionalmente vinculada con variables ecológicas, tales como la dieta, ambiente, tipo de biosonar, etc. En este trabajo, analizamos la variación de la forma del periótico de 32 especies de odontocetos utilizando modelos 3D por medio de la Morfometría geométrica y su relación con 8 variables ecológicas (hábitat: costero, oceánico de plataforma y fuera de plataforma; método de alimentación; ambiente: marino y/o estuarial; biosonar; profundidad de buceo; temperatura superficial del ambiente acuático, tamaño de presa). Se reconstruyeron modelos 3D de 98 individuos, utilizando el software *Agisoft metashape*. Se emplearon 138 landmarks anatómicos (28 landmarks, 30 semilandmarks a lo largo de curvas y 80 semilandmarks sobre la superficie) digitalizados con *Viewbox dhal*. Los análisis llevados a cabo fueron: agrupamiento mediante modelos de mixturas finitas Gaussianas con la totalidad de las coordenadas de Procrustes para estudiar la asignación de ejemplares mediante un método analítico no supervisado; análisis de componentes principales (ACP) para visualizar el morfoespacio y reducir dimensionalidad; y un análisis de variables canónicas (AVC) con los ejes del APC que explicaron al menos el 80% de la variación para estudiar la asignación de la conformación de perióticos de los distintos ejemplares a sus correspondientes

familias mediante un método supervisado. Además, para estudiar la influencia de las variables ecológicas, se realizó un Análisis de la Variancia de Procrustes filogenético incorporándolas como variables explicativas de las coordenadas de Procrustes. Finalmente, se estudió la disparidad morfológica de cada familia mediante una comparación de a pares de la varianza de procrustes. Los análisis estadísticos se realizaron en el paquete geomorph en @R software. Los primeros tres ejes del ACP explicaron el 53.5% de la variación total y dichos agrupamientos en el morfoespacio se corresponden con las distintas familias analizadas. Tanto el análisis de agrupamiento, como el AVC lograron asignar correctamente a cada ejemplar dentro de su correspondiente familia. Los Ziphiidae presentan la mayor disparidad en el periótico, mientras que los Phocoenidae poseen una morfología más conservada que los Delphinidae. Esta prueba no mostró diferencias claras en la mayoría de las comparaciones de Physeteridae y Pontoporiidae posiblemente debido al bajo tamaño muestral. Las variables ecológicas que mejor explican la variación de la conformación del periótico son el hábitat (R^2 : 17%), la profundidad de buceo (R^2 =13%), la dieta (R^2 =13%) y la temperatura superficial (R^2 =10.3%). Estos resultados refuerzan el valor taxonómico del periótico (especialmente en niveles de alta jerarquía) pero también la influencia de variables ecológicas en las variaciones morfológicas.

Evolución del Comportamiento

Evaluando el balance entre intervenir en coloración y vocalizaciones en fringílicos, un grupo de passeriformes con señales complejas

Agustín Iván Casale¹; P.L. Tubaro¹; D.A. Lijtmaer¹

¹Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Contacto: agustinivancasale@gmail.com

La interacción entre caracteres sexuales secundarios expresados simultáneamente por un organismo es uno de los aspectos menos comprendidos de la selección sexual. Diferentes interpretaciones acerca del rol de múltiples señales actuando al mismo tiempo predicen que la correlación de su complejidad podría ser positiva, negativa o inexistente, tres posibilidades soportadas por el estudio de diferentes grupos de aves. En este contexto, una correlación positiva sugeriría, por ejemplo, que los machos con plumaje más elaborado también producirán cantos más sofisticados, indicando una presión de la selección sexual en el mismo sentido sobre ambos tipos de caracteres, los cuales podrían estar actuando en conjunto en una suerte de “fenotipo de cortejo”. Por otro lado, una correlación negativa implicaría que los machos que invierten más en un rasgo reducen la inversión en el otro, sugiriendo un compromiso en la complejidad de ambos caracteres. Una falta de correlación, en cambio, sugeriría que ambas señales evolucionaron independientemente, lo que podría indicar que cada carácter tiene una función única en la comunicación y está sujeto a diferentes presiones de selección.

En este contexto analizamos la relación entre la complejidad del color y la elaboración vocal en la familia de aves Fringillidae. Fueron seleccionadas para el estudio dos escalas de análisis: por un lado, se estudió esta relación a nivel de la familia y por el otro, dentro de los géneros *Crithagra* y *Spinus*.

El género *Crithagra* fue elegido debido a la variación gradual de coloración en el plumaje de sus especies, mientras que el género *Spinus* fue seleccionado por exhibir algunos de los cantos más elaborados dentro de las aves, como por ejemplo el Cabecita negra (*Spinus magellanicus*). A nivel de la familia, se evaluaron un total de 916 cantos pertenecientes a 105 especies, mientras que a nivel de los géneros se analizaron 555 cantos de 57 especies.

La complejidad del color se determinó basándonos en la conspicuidad del color de los machos de cada especie, la cantidad de parches de color presentes en cada caso y el nivel de contraste entre los diferentes parches. La elaboración vocal se estimó a partir de tres medidas diferentes que contemplaron la variabilidad de notas utilizadas por cada especie (índice de repertorio), la inversión energética (largo de los cantos y tasa de emisión de sus elementos) y la

performance vocal (una medida de cuánto se exige el sistema vocal al cantar).

Los resultados revelaron una ausencia de asociación entre la complejidad del color y las tres medidas diferentes de elaboración vocal, tanto a nivel de la familia como dentro de los géneros *Crithagra* y *Spinus*. Esta falta de correlación sugiere que los caracteres sexuales secundarios visuales y acústicos en los fringílicos podrían haber evolucionado de manera independiente y, por lo tanto, pueden cumplir funciones distintas en la comunicación, estando sujetos a diferentes presiones de selección sexual.

Por otro lado, y de forma consistente con su notoria complejidad vocal, los fringílicos presentaron una muy alta performance vocal en comparación con otros grupos de aves, sugiriendo que esta familia podría haber experimentado una presión de selección particularmente intensa sobre su comunicación acústica.

En resumen, los resultados en conjunto confirman que los fringílicos tienen señales complejas, especialmente en términos de sus vocalizaciones, y sugieren que no habría correlación entre la conspicuidad de su coloración y su complejidad vocal. Este estudio se suma así a la creciente lista de trabajos que han encontrado esta falta de correlación en distintos grupos de aves y evaluando diversos tipos de señales.

Cuatro décadas de estabilidad y cambios en los cantos del chingolo a lo largo de un gradiente ambiental

Brenda L. Poledri¹; N.C. García¹; D.A. Lijtmaer¹; P.L. Tubaro¹

¹División de Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Contacto: brendapoledri@gmail.com

Los cantos de las aves son señales acústicas que se utilizan en la comunicación a distancia, ya sea tanto para la defensa territorial como para la atracción de pareja. A medida que se propagan en el ambiente, éstos se ven alterados por los efectos de la atenuación y degradación acústica y sufren también enmascaramiento por ecos y diferentes fuentes de ruido ambiental. Por lo tanto el tipo de ambiente donde se transmite el canto puede actuar como un factor de selección en su evolución. En este contexto se ha propuesto la hipótesis de adaptación acústica (HAA), según la cual los cantos de las aves presentan características que reducen los efectos de atenuación, degradación y enmascaramiento, los cuales a su vez van a depender de las particularidades de los ambientes en los que son utilizados. Este es uno de los factores (además de otros como la selección sexual por ejemplo) que podrían explicar la existencia de dialectos, es decir, variantes de canto utilizadas por diferentes poblaciones de una misma especie, así como también sus poco conocidos patrones de estabilidad y cambio a través del tiempo.

Aquí presentamos un estudio de los cantos del chingolo (*Zonotrichia capensis*) en un gradiente ambiental perpendicular a la costa del Río de la Plata, en la localidad de Magdalena (provincia de Buenos Aires). A lo largo de este gradiente se encuentran ambientes abiertos (ribera y

estepa) o cerrados (talar) en función de la densidad vegetal. En concordancia con las predicciones de la HAA, se ha visto en el pasado que los chingolos del ambiente cerrado producen las notas más espaciadas temporalmente, lo cual evitaría que el eco de una nota enmascare la nota anterior (esto no sería un problema en los ambientes abiertos). Nuestro estudio se basa en el análisis de cuatro conjuntos de grabaciones hechas a intervalos de aproximadamente 10 años, abarcando temporadas reproductivas entre 1987 y 2022 y un total de 648 individuos. También, se realizaron grabaciones ambientales durante 2022 utilizando equipos Swift con el objetivo de caracterizar los perfiles acústicos (soundscapes) a lo largo del gradiente ambiental. Todas las grabaciones fueron analizadas con el software Raven 1.6, mediante la realización de sonogramas (análisis de frecuencia vs tiempo) y espectros de potencia (amplitud vs tiempo).

Encontramos una clina vocal en la que los chingolos del talar poseen cantos con trinos lentos (notas temporalmente más separadas) en comparación con los de la ribera y la estepa pampeana y que este patrón se ha mantenido esencialmente estable en posición y características a lo largo del tiempo. No se han observado cambios importantes en la fisonomía de los ambientes durante el período de estudio, lo cual se correspondería con la persistencia temporal de la clina vocal. Detectamos, sin embargo, pequeños cambios en algunas variables acústicas a través del tiempo tales como una disminución de las frecuencias mínimas y un aumento de la lentitud del trino. Estos pequeños cambios direccionales observados podrían ser consecuencia de modificaciones sutiles en las propiedades acústicas dentro de cada ambiente que al día de hoy aún no han podido ser identificadas y que favorezcan ciertos tipos de cantos, o bien a otros factores independientes de la acústica del ambiente.

Comportamiento de atención del nido en *Agelaioides badius* en relación al parasitismo de *Molothrus rufoaxillaris*: ¿una adaptación antiparasitaria?

Natalia Gisela Perusin¹; Rosario Masok¹; María de las Nieves Sabio¹; Adrián Méndez¹; Camila Miravalles Stasta¹; Juan Carlos Rebores¹; María Cecilia De Mársico¹

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución & IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

Las aves parásitas de cría obligadas depositan sus huevos en nidos de individuos de otras especies (hospedadores) que proveen todo el cuidado parental a las crías parásitas, a expensas de su propio éxito reproductivo. Uno de los principales costos del parasitismo es la pérdida de huevos que son removidos o punzados por las hembras parásitas cuando visitan los nidos, por lo cual es esperable que los hospedadores presenten adaptaciones frente a los ataques parásitos. Sin embargo, si bien hay amplias evidencias de que los hospedadores son capaces de reconocer y agredir a los adultos parásitos, la existencia de adaptaciones comportamentales específicas ante la pérdida de huevos ha sido poco estudiada. El músico (*Agelaioides badius*), principal hospedador del tordo pico corto (*Molothrus rufoaxillaris*), presenta un comportamiento que consiste en permanecer dentro del

nido sentándose firmemente sobre los huevos cuando las hembras parásitas visitan los nidos. El objetivo de este trabajo fue estudiar si este comportamiento de atención del nido funciona como una adaptación que reduce la pérdida de huevos por punciones. El parasitismo de *M. rufoaxillaris* en los nidos de *A. badius* ocurre en una estrecha ventana temporal antes del amanecer, por lo que predecimos que: 1) *A. badius* pasará más tiempo atendiendo el nido, y hará menos pausas en la atención, dentro de la ventana temporal en la que ocurren las visitas de *M. rufoaxillaris*, y 2) la presencia del hospedador en el nido estará asociada a una menor ocurrencia de punciones. El estudio se realizó en la reserva El Destino (Magdalena, Provincia de Buenos Aires), durante las temporadas reproductivas 2017-2018 y 2022-2023 (noviembre-febrero), donde se monitorearon y filmaron nidos de *A. badius* durante la etapa de puesta entre las 4:00 y 18:00 hs con el fin de registrar el comportamiento de atención del nido del hospedador, las visitas de *M. rufoaxillaris* y la ocurrencia de punciones. En cada nido se marcaron los huevos con tinta indeleble y se registró diariamente el número de huevos del hospedador y parásitos, y la presencia de punciones y/o desaparición de huevos del hospedador. El análisis de las filmaciones confirmó que las visitas de *M. rufoaxillaris* ocurren en una franja horaria acotada entre las 4:45 y 5:30 de la madrugada (n=25 visitas en 11 nidos). Al comparar el comportamiento de atención del nido durante esa franja horaria *versus* una franja equivalente (45 min) seleccionada al azar del resto del día, se encontró que el número de pausas (ausencias) fue significativamente menor (GLMM: $z = -0.71$, $P = 0.47$), y *A. badius* tendió a pasar una mayor proporción de tiempo dentro del nido (GLMM: $z = -1.84$, $P = 0.066$, n=13 nidos) durante la ventana temporal del parasitismo. La presencia o ausencia del hospedador en el nido durante la madrugada no estuvo relacionada con la ocurrencia de parasitismo (16/17 y 7/8 nidos parasitados con *A. badius* presente y ausente, respectivamente), pero la presencia del hospedador en ese horario redujo la pérdida de huevos (2 de 17 y 5 de 8 nidos con punciones con *A. badius* presente y ausente, respectivamente; Prueba exacta de Fisher: $P = 0.016$). Nuestros resultados apoyan la hipótesis de que el comportamiento de atención del nido en *A. badius* está moldeado por los costos que impone el parasitismo de *M. rufoaxillaris*, y que permanecer en el nido durante las visitas parásitas funciona como una defensa frente a las punciones a través de interponer una barrera física entre los parásitos y los huevos durante los ataques.

Evolución Molecular y Genómica Comparada

Evolución de los genes *Furry* (*Fry*) en vertebrados

Carolina Roa^{1,2}; Ivan Lopez^{1,2}; Flávio S.J. de Souza^{1,2}; Ma. Cecilia Cirio^{1,2}

¹Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias, Universidad de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IFIBYNE, UBA, CONICET).

²Departamento de Fisiología, Biología molecular y celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FBMC, FCEN, UBA).

Los genes emparentados *Furry* (*Fry* y *Fry-like*) codifican proteínas con roles importantes en el desarrollo de vertebrados, incluyendo la división celular y la morfogénesis. Son proteínas que actúan como factores de andamiaje en grandes complejos proteicos regulando la unión y la actividad de otras proteínas, como las quinasas de la familia NDR (*nuclear Dbf2-related*). Previamente, mostramos que *Fry* tiene funciones durante el desarrollo embrionario de la rana *Xenopus laevis*, regulando los movimientos celulares en la gastrulación y el desarrollo del pronefros. A pesar de su importancia, *Fry* y *Fryl* no han sido investigados desde el punto de vista evolutivo, lo que nos llevó a plantear dos objetivos de estudio: i) determinar la filogenia de los genes *Furry* en vertebrados e ii) investigar la expresión de *fry* y *fryl* durante la embriogénesis de *Xenopus*. Para el objetivo i), recolectamos secuencias de proteínas *Furry* de bases de datos genómicos de vertebrados y sus parientes deuterostomados (cordados y equinodermos) y estimamos sus relaciones evolutivas por medio de máxima verosimilitud (*Maximum Likelihood* implementado en el programa PhyML 3.0). Los resultados de la estimación filogenética y de análisis de sintenia muestran que *Fry* y *Fryl* se originaron a partir de un gen ancestral único, probablemente en el primer evento de duplicación genómica (1R) que ocurrió en un ancestro de todos los vertebrados. En cambio, los parálogos de *Fry* y *Fryl* que presumiblemente surgieron a partir del segundo evento de tetraploidización (2R), que ocurrió en un ancestro de los vertebrados gnatostomados, se han perdido tempranamente. Para el objetivo ii), analizamos por hibridación in situ la expresión de *fry* y *fryl* en oocitos y en embriones de *Xenopus* desde estadio S3 (4-células) hasta S35 (brote-caudal), abarcando los eventos de clivaje temprano, gastrulación, neurulación y organogénesis. Los mRNAs de ambos genes comparten dominios y tejidos de expresión, incluyendo los ojos, los arcos branquiales, la notocorda, los somitos y el tejido hematopoyético ventral, mientras que sólo *fry* se expresa en el pronefros de *Xenopus*. En conclusión, *Fry* y *Fryl* son genes parálogos que surgieron al inicio de la evolución de los vertebrados y que parecen haber repartido sus funciones (subfuncionalización) por medio de cambios en la expresión génica durante el desarrollo. La descripción del origen evolutivo y de las diferencias y semejanzas en la expresión de *Fry* y *Fryl* constituyen un arcabazo para el entendimiento de la función de estos genes en vertebrados, incluyendo en seres humanos.

Impacto de la organización centromérica y la heterocromatina en la evolución cromosómica de *Sapajus cay* (Platyrrhini: Cebidae) y *Macaca fascicularis* (Catarrhini: Cercopithecidae)

E.O. Ferreras¹; T. Manzur¹; A.G. Cardozo^{2;3}; A.D. Bolzán^{2;3;4}; M. Nieves^{1;3}

¹Grupo de estudios en Arquitectura Genómica de Mamíferos (arGENma)-Centro de Investigación en Reproducción Humana y Experimental (CIRHE)-CEMIC Saavedra. Unidad Asociada CONICET.

²Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CONICET-UNLP-CICPBA, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

⁴Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Cátedra de Evolución, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

Contacto: estofer20@gmail.com

En eucariotas, la cromatina forma múltiples dominios yuxtapuestos a lo largo del cromosoma. Un elemento altamente conservado y estructuralmente distintivo de los genomas eucariotas es el dominio heterocromatina, con un rol crítico en proteger y mantener su estabilidad. Otro dominio es el centrómero, cuya arquitectura es extremadamente diversa entre los organismos. Si bien su posición cromosómica se creía conservada, ahora se sabe que puede mutar y se lo considera relevante en la arquitectura genómica al promover la evolución cromosómica. Su organización es compleja, incluyendo distintos tipos de ADN repetitivo que conforman la heterocromatina constitutiva, mayoritariamente con acumulación de ADN satélites y relacionada con la función centromérica. En general, las repeticiones centroméricas son especie-específicas e indican secuencias compartidas entre centrómeros. En primates, el motivo repetido se denomina ADN alfa-satélite. Existen también los llamados neocentrómeros o centrómeros evolutivamente nuevos, originados en un cromosoma sin ADN alfa-satélite con posterior adquisición de secuencias repetidas, estabilizando el genoma y fijándose en las poblaciones. Su descubrimiento renovó el interés por estudiar los centrómeros y su evolución. En este trabajo estudiamos a dos especies de primates, *Sapajus cay* (2N=54; Cebidae, Platyrrhini) y *Macaca fascicularis* (2N=42; Cercopithecidae, Catarrhini) que presentan gran similitud genética con el ser humano y proporciones de heterocromatina disímiles. Se analizó la estructura centromérica en el cariotipo de ambas especies, su relación con la presencia de heterocromatina extracentromérica y con la estabilidad cariotípica en términos de evolución cromosómica. A partir de cultivos de linfocitos de sangre periférica de un macho y una hembra de cada especie se realizó la caracterización cariotípica completa. Se realizó Hibridación *in situ* Fluorescente con sondas de regiones centroméricas desarrolladas específicamente para cada especie y con sonda centromérica total humana, y se compararon los patrones observados en cada una. En el caso de *M. fascicularis* observamos 42 señales centroméricas en la hembra y 41 en el macho (ausencia de señal en el cromosoma Y), todas de igual intensidad y tamaño. En *S. cay* observamos 54 señales distribuidas en tres categorías según su intensidad y tamaño: débil (pares 1-7 y cromosoma X), intermedia (pares 11-20) y fuerte (pares 8-10, 21-26 y cromosoma Y). En *S. cay*, los pares con bloques de heterocromatina extracentromérica presentaron señales centroméricas intermedias (los acrocéntricos) y señales débiles a intermedias (los submetacéntricos) similares en

tamaño a las observadas en *Macaca*. No hubo hibridación positiva con la sonda humana ni hibridación recíproca entre las especies. Dada la importancia de la información que alberga el genoma celular, un resultado del proceso evolutivo y fundamental para los organismos es preservar su integridad. En este sentido, la complejidad y diversidad en la organización espacial y dinámica de la cromatina determinan el grado de estabilidad de un genoma. A su vez, se ha propuesto que los neocentrómeros, que se han descrito en varias especies en Primates, serían centrómeros inmaduros o estados intermedios en la evolución cromosómica. Nuestros resultados permiten proponer que la organización centromérica en las dos especies estudiadas es específica y diferente a la descrita para la humana, a pesar de ser todos primates. Asimismo, la organización centromérica en *Sapajus* podría representar un estado aún inmaduro de la evolución cromosómica, mientras que en *Macaca* evidenciaría un estado maduro de la misma, concordante con los estudios genómicos y filogenéticos en Primates. Sin embargo, en términos de integridad de la arquitectura genómica, nuestros resultados apoyan la propuesta de estudios previos sobre una mayor estabilidad del genoma de *Sapajus* versus el de *Macaca*, relacionada con la presencia de grandes cantidades de heterocromatina extracentromérica y la diversidad en el patrón centromérico, tanto en tamaño como en intensidad de señal.

Composición nucleotídica en la dinámica del genoma del mono araña *Ateles chamek* (Primates, Atelidae) y su posible implicancia en la evolución de Atelidae

J. Stramelini¹; M.J. Bressa²; M.D. Mudry¹; E.R. Steinberg¹

¹Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Departamento de Ecología, Genética y Evolución (DEGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Grupo de Citogenética de Insectos, IEGEBA, DEGE, FCEyN, UBA, CONICET.

Contacto: jazminstramelini@outlook.com

Los Primates Neotropicales constituyen un grupo heterogéneo. A nivel cariológico diferentes reordenamientos cromosómicos (principalmente fusiones, fisiones, inversiones y translocaciones), variaciones en regiones heterocromáticas y presencia de sistemas de cromosomas sexuales múltiples han contribuido a su diversidad cariotípica y con ello, muy probablemente a su proceso especiogénico. En este contexto, la caracterización de la cromatina permite analizar los cambios en la organización y estructura de sus genomas. El estudio citogenético mediante tinciones diferenciales revela segmentos cromosómicos específicos de acuerdo con su estructura cromatínica y composición de bases, y pone en evidencia distintas propiedades asociadas a las bandas cromosómicas. El contenido nucleotídico expresado en pares de bases AT/GC estaría asociado a variadas propiedades estructurales y funcionales del genoma tales como densidad génica, tiempo de replicación y

actividad transcripcional, que a su vez determinarían la organización de los cromosomas y los genes en el núcleo celular. En Atelidae, nuestros estudios previos sobre la caracterización del contenido nucleotídico de la eucromatina en especies de *Alouatta* (*A. caraya*, *A. guariba clamitans* y *A. pigra*) mostraron un patrón especie-específico. Hoy describimos la composición y distribución de secuencias de bases específicas (AT/GC) en el genoma de otro atélido, el mono araña de cara negra *Ateles chamek* (ACH). Su distribución geográfica comprende Perú, norte de Bolivia y Brasil, por lo que en la Argentina puede encontrarse únicamente en cautiverio. A nivel cariotípico, *A. chamek* presenta un $2n = 34$ y un sistema sexual simple XX/XY. La metodología de bandas cromosómicas secuenciales fluorescentes (DAPI para regiones ricas en AT/CMA₃ para regiones ricas en GC) se aplicó en preparaciones mitóticas de cinco ejemplares adultos, tres hembras y dos machos, procedentes de zoológicos y centros de cría del país (Zoo de Córdoba, Córdoba; Granja La Esmeralda, Santa Fe; Reserva Experimental Horco Molle, Tucumán; Ecoparque, CABA). Se detectaron bandas DAPI+/CMA₃- en posición intersticial (e.g. pares 1-12 y X) y pericentromérica (pares 1 y 3). Un solo par cromosómico presentó una banda telomérica DAPI+ en el brazo p (par 7). Se observaron bandas DAPI-/CMA₃+ en posición intersticial (e.g. pares 1-6) y pericentromérica (pares 7 y 8). Las regiones teloméricas de uno o ambos brazos resultaron DAPI-/CMA₃+ (e.g. pares 1-5, 7-11, 14 y X). El cromosoma Y se tiñó de forma homogénea con ambos fluorocromos. Comparando estos datos con los resultados obtenidos previamente en los monos aulladores, observamos que el cariotipo del mono araña *A. chamek* posee un menor número de bandas intersticiales DAPI+/CMA₃ que el de los aulladores *A. caraya* (ACA, $2n = 52$, $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y_1Y_2$) y *A. guariba clamitans* (AGUc, $2n = 46$, $X_1X_1X_2X_2X_3X_3$ en hembras y $2n = 45$, $X_1X_2X_3Y_1Y_2$ en machos) (27 en ACH vs 36 en ACA y 32 en AGUc), y un número mayor que el de *A. pigra* (API, $2n = 58$, $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y_1Y_2$) (27 en ACH vs 20 en API). A su vez, el mono araña presentó un menor número de bandas intersticiales DAPI-/CMA₃+ que lo observado en los monos aulladores (8 en ACH vs 21 en ACA y API y 14 en AGUc) y un número similar de bandas teloméricas (15 en ACH vs 12 en ACA, 14 en AGUc y 18 en API). Estas diferencias en los contenidos de G+C y A+T se deberían a diferencias en la estructura de la cromatina correlacionados con una densidad diferencial de secuencias repetitivas moduladoras del genoma que podrían orientar o ser el resultado de reordenamientos de importancia evolutiva. Estos hallazgos, analizados en el contexto evolutivo en Atelidae, contribuyen a una mejor comprensión del posible papel de la arquitectura cromatínica en la evolución del genoma de los Primates Neotropicales.

Mapeo genético del período refractario de la hembra de *Drosophila*, un carácter blanco de la selección sexual postcopulatoria

Johnma J. Rondón¹; Juan Hurtado¹

¹Instituto de Ecología Genética y Evolución de Buenos Aires, Universidad de Buenos Aires.

Las hembras de *Drosophila*, como las de muchos otros animales, tienen un comportamiento poliándrico, pudiendo tener múltiples parejas sexuales por temporada reproductiva. El período refractario (PR) es el tiempo en que una hembra permanece no receptiva después de una cópula. Por

lo tanto, un PR suficientemente corto puede dar lugar a escenarios de competencia espermática intensa. Si bien la variación del PR entre especies del género *Drosophila* está bien documentada, se desconoce la arquitectura genética de este carácter, aunque se sospecha que es compleja y está regulada por múltiples genes. El objetivo de este trabajo es identificar regiones genómicas vinculadas a la variación de la duración del PR entre hembras de especies de *Drosophila* cercanamente emparentadas. Para ello realizamos cruzamientos interespecíficos entre dos especies cactófilas del cluster *buzzatii* (grupo *repleta*): *D. antonietae* (que exhibe un PR corto) y *D. koepferae* (con PR largo). Una vez obtenida la F1, se realizaron tres rondas de retrocruzamientos de las hembras híbridas con machos de *D. koepferae* seguidas por diez generaciones de endocruzamientos. Así, obtuvimos líneas de moscas con un trasfondo genómico de *D. koepferae* introgresadas con material genético de *D. antonietae*. Seguidamente, con el fin de generar una sublínea con PR corto y otra con PR largo en cada una de las líneas introgresadas, se seleccionaron hembras con fenotipos divergentes. Finalmente, las sublíneas se sometieron a un proceso de isogenización mediante cruzamientos entre hermanos por seis generaciones. Previsiblemente, la caracterización fenotípica de las líneas resultantes mostró que aquellas seleccionadas para un PR corto convergieron al fenotipo de *D. antonietae* y aquellas seleccionadas para un PR largo, al de *D. koepferae*. Luego, se secuenciaron los genomas de cada línea resultante y de las líneas parentales con tecnología Illumina y las lecturas generadas se mapearon contra los genomas de referencia. Seguidamente se utilizó el *pipeline* GATK para identificar variantes genéticas especie-específicas. La identificación de regiones genómicas introgresadas en las líneas resultantes se realizó con los siguientes pasos *i*) inferencia de ancestría por métodos basados en modelos ocultos de Markov, *ii*) búsqueda de ancestría global con Admixture, y *iii*) estimación de la distancia genética (*Gmin*) entre híbridos y parentales mediante una estrategia de ventanas. La fracción del genoma parental de *D. koepferae*, en las líneas seleccionadas fue de al menos 93%, y la fracción de genoma de *D. antonietae* introgresado varió entre 6.5% y 0.001%. Para identificar los genes presuntamente responsables del PR corto de las líneas resultantes (genes candidatos), se exploraron las anotaciones de las regiones genómicas introgresadas. Fueron considerados genes candidatos aquellos que solo fueron identificados en las líneas resultantes seleccionadas para PR corto. Finalmente, se identificaron los genes ortólogos en la especie modelo *D. melanogaster* con el fin de realizar un análisis de enriquecimiento funcional.

Análisis filogenéticos revelan genes clave en la biogénesis de cuerpos oleosos en *Marchantia polymorpha*

Juan Ignacio Tolopka¹; Atilio O. Rausch¹; Javier E. Moreno¹

¹Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, UNL-CONICET, Santa Fe, Argentina.

Las hepáticas tienen un metabolismo especializado singular entre las plantas, con más de 1600 compuestos exclusivos del linaje, muchos de los cuales presentan propiedades bioactivas con potenciales aplicaciones terapéuticas. Gran parte de estos compuestos son producidos y almacenados en una organela llamada cuerpo oleoso que es, además, un carácter sinapomórfico del

linaje. Entre los compuestos se destacan los terpenoides (siendo los sesquiterpenoides la clase más abundante), compuestos aromáticos como bibencilos y bis-bibencilos, flavonoides, acetogeninas y otros lípidos. Nuestro grupo demostró que los cuerpos oleosos cumplen un rol en la interacción biótica, en la protección frente a herbivoría y patógenos. Otros roles propuestos, como la tolerancia frente a bajas temperaturas, la desecación y la radiación UV, nunca fueron demostrados experimentalmente.

Entre las hepáticas, el fenotipo de los cuerpos oleosos es polimórfico. Dependiendo de la especie, los cuerpos oleosos pueden hallarse de a uno o muchos en todas las células, de a uno en células especializadas o estar completamente ausentes. Este carácter, como su apariencia, forma y tamaño varían considerablemente entre diferentes especies, siendo útiles frecuentemente como criterio para la clasificación taxonómica y quimiosistemática. En este trabajo, nos propusimos conocer la historia evolutiva de genes vinculados a la formación de cuerpos oleosos que podrían además explicar la asociación entre la diversidad de cuerpos oleosos y el metabolismo especializado del linaje.

Un análisis de RNA-Seq realizado en un estudio previo de la planta mutante *Mpc1hdz* sugiere que entre los genes regulados negativamente se encuentran algunos cuyo patrón de expresión es específico del cuerpo oleoso, los cuales codifican para enzimas de síntesis de isoprenoides del tipo TPS y MTPSL, el factor de transcripción MpMYB02 y la sintaxina MpSYP12B. Algunos estudios posteriores confirmaron la asociación de MpC1HDZ, MpTPS, MpMTPSL, MpERF13 y MpSYPB12B con los cuerpos oleosos.

En este trabajo exploramos la distribución de estos genes relacionados a los cuerpos oleosos y su asociación con el polimorfismo del cuerpo oleoso mediante un enfoque de filogenómica funcional. Para eso analizamos los transcriptomas de hepáticas disponibles del Proyecto 1KP y los superponemos con la filogenia a lo largo de las tres clases: Haplomitriopsida (foliosas o “leafy-like”), Marchantiopsida (talosas complejas) y Jungermanniopsida (talosas simples y foliosas). Esta filogenia, junto con la evidencia fósil, puede ser útil para inferir el carácter ancestral del cuerpo oleoso, identificar los eventos de pérdida y/o ganancia de dicho carácter y encontrar asociaciones entre caracteres, como el tipo de cuerpo oleoso, la complejidad en la arquitectura del talo y el perfil metabólico. La exploración de los genomas y transcriptomas disponibles podría brindar información clave para identificar los genes mínimos requeridos para la biogénesis de esta organela.

Los análisis preliminares muestran una fuerte asociación entre la ausencia del cuerpo oleoso y la ausencia de homólogos para *MYB02*, *SYP12B* y *ERF13*. En consonancia con la ausencia de esta organela y la consecuente deficiencia en la síntesis de mono- y sesquiterpenoides, estas especies exhiben un menor número de genes *TPS*, sugiriendo la pérdida selectiva de los mismos.

Análisis genómico de dos cepas de *Wolbachia pipientis* asociadas con la partenogénesis en la tribu Naupactini (Coleoptera, Curculionidae)

L. Fernandez Goya¹; P. Vera²; M.D. Farber²; M.S. Rodriguez^{1,3}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. CABA, Argentina

²INTA-CONICET. Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular. PBA, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)– Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB). CABA, Argentina.

Naupactini es una tribu de gorgojos de rostro corto de distribución Neotropical, principalmente en América del Sur, cuya dispersión y colonización de nuevos ambientes ha sido favorecida por la asiduidad de la partenogénesis telitóquica en numerosas especies que la conforman. El descubrimiento de *Wolbachia* en un gran número de naupactinos partenogenéticos y su estrecha relación con la reproducción sugiere la posibilidad del origen infeccioso de la partenogénesis en esta tribu. El sistema de determinación del sexo de estos insectos complejiza la demostración formal de esta hipótesis a través de experimentos de cura con antibióticos e invita a utilizar aproximaciones indirectas. En este sentido, la secuenciación de genomas de *Wolbachia* y su análisis a través de enfoques comparativos con cepas que inducen partenogénesis tanto en artrópodos con sistemas de determinación del sexo haplo-diploide como diplo-diploide alienta la obtención de resultados sólidos que permitan discernir si la partenogénesis en la tribu Naupactini tiene un origen infeccioso.

En el presente trabajo se obtuvieron las secuencias genómicas de las cepas de *Wolbachia* wNau1 y wNau5 asociadas a distintas especies partenogenéticas de Naupactini (*Pantomorus postfasciatus* y *Naupactus cervinus*, respectivamente). Se adoptó un enfoque metagenómico para la secuenciación dado que *Wolbachia* no es una bacteria cultivable, utilizando dos plataformas distintas de secuenciación que producen lecturas cortas y largas (Illumina y Oxford Nanopore respectivamente). Se realizó un ensamblado híbrido, lo que permitió obtener *contigs* más informativos. Se utilizaron los genomas disponibles de cepas de *Wolbachia* inductoras de partenogénesis en hexápodos haplo-diploides (wTpre, wLcla y wUni) y diplo-diploides (wFol) para realizar los análisis comparativos. Finalmente, se realizó la anotación funcional de cada genoma y la identificación de genes ortólogos compartidos entre las distintas cepas.

Para la cepa wNau1 se obtuvo un ensamblado híbrido de 1,50 Mb de longitud, distribuido en 23 *contigs* y con un 95,30% de completitud. El ensamblado híbrido de la cepa wNau5 presentó una longitud de 1,27 Mb distribuida en 56 *contigs* y con un 76,58% de completitud. Los resultados del ensamblado de los genomas de ambas cepas de Naupactini se encuentran dentro del rango de tamaño reportado para otras cepas de *Wolbachia* y también evidenciaron un contenido de GC consistente con otros reportes.

La comparación de ANI entre los genomas obtenidos en este trabajo y las cepas de otras especies partenogenéticas evidenció que los valores obtenidos para cepas del mismo supergrupo (i.e., wNau1, wNau5, wTpre y wLcla) concuerdan con lo reportado en la bibliografía. Luego, se identificaron 541 ortogrupos compartidos entre todas las cepas que representan no solo el genoma

core de *Wolbachia* propiamente dicho, sino la sumatoria de este y otros genes compartidos que incluyen la porción del genoma que podría estar exclusivamente asociada con hospedadores partenogenéticos. Adicionalmente, la identificación de 42 ortogrupos exclusivos de Naupactini constituye el primer eslabón para identificar las bases genéticas de la relación entre *Wolbachia* y los curculiónidos en general. Además, se identificaron 43 ortogrupos específicos de cepas pertenecientes al supergrupo B que podrían aportar información sobre los factores que influyen sobre la factibilidad de la infección con esta bacteria, en especial considerando que los supergrupos comprenden unidades evolutivas divergentes. Por otro lado, la identificación de 36 grupos ortólogos exclusivos de las cepas asociadas a hospedadores partenogenéticos diplo-diploides (*wNau1*, *wNau5* y *wFol*) y 30 ortogrupos compartidos entre las cepas de Naupactini y las cepas que infectan a avispas partenogenéticas (*wTpre*, *wLcla* y *wUni*) podrían contribuir al esclarecimiento de los procesos que regulan la unisexualidad en naupactinos.

Evolutionary analysis reveals emerging properties of the different forms that proteins can adopt

Juan Mac Donagh¹; Diego Zea²; Nicolas Palopoli¹; María Silvina Fornasari¹; Gustavo Parisi¹

¹Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité (ISYEB - UMR 7205, CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, EPHE, SU, UA), 57 rue Cuvier, 75005, Paris, France

²Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes - CONICET, Roque Sáenz Peña 352, Bernal, B1876BXD, Buenos Aires, Argentina.

Proteins can adopt multiple forms which can mainly be divided into those that exist as single entities and those that participate in building permanent or transient complexes maintaining a given stoichiometry between their subunits. These forms are commonly called “native” forms, while they can be either natively ordered (this is, having a defined set of conformations) or natively disordered (proteins that cannot be pinned down to one conformation, having a large span of assemblies). Another type of form that proteins can adopt are condensed forms, composed of multiple copies of single proteins, called amyloids, or composed of a single or different protein, mostly in companion with other macromolecules such as RNAs, called droplet states, or LLPs (*liquid-liquid phase separation*). Ordered native states are the paradigms of the protein structure-function relationship. In these proteins prevail the occurrence of highly specific intra-molecular interactions, showing almost rigid to moderate motions between their conformers. Intrinsically disordered proteins (IDPs) are characterized by complex conformational ensembles with abundant non-specific intra-molecular interactions. On the other hand, amyloids are characterized by the abundance of specific, inter-molecular interactions and lastly, the droplet state is formed after a process called LLPs. LLPs is driven by the hydrophobic effect and stabilized by a dynamic network of inter and intra-molecular interactions. These types of structures compose the universe of states that any protein can adopt, and their interconversions and relative propensities to adopt them give the bases to understand protein biology.

In this work we explored how evolutionary information could reveal properties and differential tendencies to adopt the aforementioned states that proteins can adopt. Evolutionary rates were derived comparing different pairs of human orthologous proteins in different species. We also described each human protein with different sort of parameters (protein based parameters such as disorder, conformational diversity, chaperone interactions, and predicted fibril formation propensity) and metabolic parameters (protein abundance, RNA expression level and supersaturation). We found that their evolutionary rates better correlates with the expression level and disorder. Furthermore, we found that evolutionary rates can be used as proxies to adopt a given condensed state. We found that droplet and amyloid states are adopted by proteins with very high expression levels. Contrary to what is expected, amyloids are among the fastest-evolving proteins in the proteome. This property is probably related to different levels of conformational quality assessment systems which are exposed during their synthesis to avoid the formation of fibrils. However, amyloid proteins which can also adopt the droplet form, are slow-evolving proteins in humans, undistinguished from proteins that only adopt the droplet state. According to these results, droplet-forming proteins are subjected to a strong purifying selection to avoid the formation of amyloid forms, as would be expected for proteins with such high expression levels and abundance. Interestingly, mostly natively ordered and disordered proteins show averaged properties between the droplet and amyloid states. Meanwhile, LLPs proteins evolve slower than the rest of the proteome.

Our results unveil the importance of how sequence divergence is constrained during evolution by the dynamic nature of proteins and their multiple states they can adopt.

Diversidad intraespecífica de ADN foráneo en la mitocondria de una planta holoparásita

Leonardo Martin Gatica-Soria^{1,2}; M. Emilia Roulet¹; L. Federico Ceriotti^{1,2}; M. Virginia Sanchez-Puerta^{1,2}

¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Universidad Nacional de Cuyo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Almirante Brown 500, M5528AHB, Chacras de Coria, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Padre Jorge Contreras 1300, Universidad Nacional de Cuyo, M5502JMA, Mendoza, Argentina.

La mayoría de los genomas mitocondriales (ADNmt) constan de un único cromosoma circular. Sin embargo, en ciertos linajes eucariotas, se han descrito genomas mitocondriales con estructuras multicromosómicas circulares. No obstante, no hay una explicación clara acerca de cómo surgen y se mantienen estos nuevos cromosomas en los mitogenomas. Se han propuesto diversos mecanismos para explicar la adquisición de nuevos cromosomas mitocondriales, entre ellos se encuentra la transferencia horizontal de genes (THG). El fenómeno de THG implica el movimiento de ADN entre organismos que no se reproducen entre sí, y ha sido ampliamente descrito en los ADNmt

de las plantas. Las plantas parásitas son especialmente susceptibles a la THG debido a sus estrechas conexiones con sus plantas hospedantes. *Lophophytum mirabile* subsp. *bolivianum* (Balanophoraceae) es una planta holoparásita de raíces que carece de clorofila y depende por completo de su planta hospedante (clado mimosoid, Fabaceae). Aproximadamente el 80% del ADNmt de un individuo de *L. mirabile* muestreado en la localidad de Calilegua (LmCal1), provincia de Jujuy, consiste en fragmentos transferidos de su planta hospedante. Este ADNmt (821 kb) se ensambla en 64 cromosomas circulares, de los cuales 24 tienen genes y 40 son no codificantes. Debido al gran impacto de la THG en el ADNmt de *L. mirabile* y a su estructura multicromosómica, esta especie se convierte en un excelente modelo para estudiar la adquisición de nuevos cromosomas mitocondriales. El objetivo del presente estudio es evaluar la variabilidad en presencia/ausencia y origen de cromosomas circulares del ADNmt en diferentes individuos de *L. mirabile*. Para ello, se extrajo ADN total de las inflorescencias de tres individuos de *L. mirabile* que crecen en las localidades de Santa Clara (LmSC) y Calilegua (LmCal2), en la provincia de Jujuy, y en Santa Cruz, Bolivia (LmBol). Estos tres individuos se secuenciaron utilizando la tecnología DNBseq y se realizó el ensamble de los ADNmt utilizando los programas SPAdes v.3.15.2 y CONSED v.29. Los ADNmt de LmSC y LmCal2 se ensamblaron en 66 y 60 cromosomas circulares, respectivamente, y con una longitud total de 811 y 745 kb. Por último, el ADNmt de LmBol se ensambló parcialmente en 33 cromosomas circulares y 65 contigs lineales, con una longitud total de 767 kb. El ensamble parcial del ADNmt de LmBol se explica por la baja profundidad de lectura promedio del genoma (21x en LmBol, 347x en LmSC y 37x en LmCal2). Al comparar los ADNmt de los individuos de *L. mirabile*, se encontró una amplia variación en la presencia o ausencia de cromosomas circulares. Esto resulta en una considerable diversidad de cromosomas en la especie, con un total de 92 cromosomas mitocondriales circulares, teniendo en cuenta todos los individuos analizados. De los 92, existen 31 cromosomas exclusivos (aquellos que se encuentran únicamente en un solo individuo), ninguno de los cuales contiene genes. Finalmente, se determinó que 26 de los 31 cromosomas exclusivos son completamente foráneos, presentando un alto porcentaje de identidad (>98%) y cobertura (>80%) con el ADNmt de sus hospedantes. Este resultado indica que estos cromosomas se adquirieron a través de THG, siendo este el mecanismo que explicaría la ganancia de nuevos cromosomas mitocondriales en *L. mirabile*.

Horizontal gene transfer in the nuclear genome of parasitic flowering plants

Luis Federico Ceriotti^{1,2}; Leonardo Gatica-Soria^{1,2}; Maria Emilia Roulet¹; Laura Evangelina Garcia^{1,2}; M. Virginia Sanchez-Puerta^{1,2}

¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Universidad Nacional de Cuyo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Almirante Brown 500, Chacras de Coria, M5528AHB, Mendoza, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Padre Jorge Contreras 1300, Universidad Nacional de Cuyo, M5502JMA, Mendoza, Argentina.

Contacto: ceriotti.fede@gmail.com

Horizontal gene transfer (HGT) is the transmission of genetic material between unrelated species. In prokaryotes, HGT is rampant and has long been recognized as an important evolutionary factor. In eukaryotes, it is relatively common in unicellular organisms, gaining increasing appreciation as a driving force in their evolution, while in multicellular organisms its role is far less clear and has largely been considered rare. However, in land plants, foreign genes are associated with major evolutionary transitions and are involved in numerous physiological and developmental processes, which suggests a great evolutionary impact. Among the three DNA-containing compartments in the plant cell, there is a great incidence of HGT in the mitochondria and the detection of foreign genes in the nucleus is increasing, while foreign DNA is rarely found in plastids. In angiosperms, HGT is particularly frequent in parasitic plants likely due to the intimate vascular connections they establish with the host plant through a modified invading root called haustoria. The best evidence for the adaptive role of HGT perhaps comes from the convergent HGTs in *Cuscuta* (Convolvulaceae) and Orobanchaceae, where the same genes have been acquired independently from host plants and are highly expressed in the haustoria. Exceptional incidence of HGT characterizes the mitochondrial genomes of the parasites *Lophophytum* and *Ombrophytum* in the family Balanophoraceae (Santalales). *Lophophytum* spp. parasitize exclusively species from the mimosoid clade (Fabaceae), while *Ombrophytum* is considered a generalist parasite and it has been found associated with diverse hosts, especially Asteraceae, but also Fabaceae and Lamiaceae among others. Large amounts of foreign DNA derived from their host plants were reported in the mitochondria of *Lophophytum* spp. and *Ombrophytum subterraneum*. In this study, we assessed the impact of HGT from Asteraceae, Fabaceae, and Lamiaceae in the nuclear genomes of *Lophophytum mirabile*, *L. pyramidale*, and *Ombrophytum subterraneum*. Total RNA was extracted from the three parasites and from the host of *L. mirabile*, *Anadenanthera colubrina* (mimosoid, Fabaceae), and sequenced with Illumina technology. Transcriptomes were assembled with TRINITY and open reading frames (ORFs) longer than 300 bp were identified from mature transcripts. ORFs with BLASTx hits against non-plant lineages were removed. Ortholog groups were predicted with OrthoFinder using a local database composed of 31 species from 20 angiosperm orders, enriched with Balanophoraceae/Santalales, Asteraceae, mimosoid/Fabaceae, and Lamiaceae representatives. ORFs with the best BLAST hit against host lineages (*i.e.* foreign gene candidates) were distributed in 2,559 gene families, of which 2,442 were analyzed phylogenetically. Highly supported affiliations of *Lophophytum* and/or

Ombrophytum with their hosts were recovered in 500 gene families, especially with Fabaceae (93%). *L. mirabile* exhibited the highest levels of HGT (in 372 gene families), followed by *L. pyramidale* (330), and *Ombrophytum* (238) to a lesser extent. The origin of these genes is the result of both ancestral and more recent transfer events, including cases of convergent HGT in which the same genes were impacted independently. Overall, the extent of nuclear HGT in *Lophophytum* spp. and *Ombrophytum* correlates with the levels of HGT documented in their mitochondrial genomes, and exceeds the HGT reported in the nuclear genome of other parasitic angiosperms. Future analyses on foreign gene functions will shed light on the evolutionary impact of HGT in these parasites.

BGC como mecanismos de presión de selección en la recurrencia del cáncer de vejiga

M. Sergio Bayo¹; Michele Bianchini²

¹Hospital Dr Bernardo Houssay de Vicente López.

²Centro de Investigaciones Oncológicas (CIO) Alexander Fleming.

Las teorías evolutivas permiten comprender el desarrollo del cáncer en las especies y a nivel celular. Muchas hipótesis plantean que el cáncer presenta comportamientos similares a los sistemas biológicos complejos y dinámicos con características de no linealidad que evolucionan, pero hasta ahora existen muy pocas evidencias experimentales que las respaldan. Los tratamientos anticancerígenos pueden inducir ventajas evolutivas a un tipo de células respecto a otras. La BCG como tratamiento contra el cáncer vesical puede actuar como un factor de presión de selección que promueve la expresión de PD-L1 y permite al tumor evadir al sistema inmune, tornándolo más agresivo y recidivante.

Especialización ecológica en polillas del género *Cactoblastis*: explorando su historia evolutiva con un enfoque filogenómico

Nicolás Nahuel Moreyra^{1,2}; Daniel Poveda-Martinez^{1,2}; Florencia Barbarich³; Esteban Hasson^{1,2}; Laura Varone⁴

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), UBA-CONICET.

²Departamento de Ecología, Genética y Evolución (EGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires.

³Laboratorio de Arquitecturas Andinas y Construcción con Tierra (LAAyCT), UNJu-CONICET.

⁴Fundación para el estudio de especies invasivas (FuEDEI).

Este estudio comparativo está enfocado en las tres especies de polillas del género *Cactoblastis* (Lepidoptera), nativas de Argentina, cuya importancia radica en que se han especializado en el uso de cactáceas como plantas hospederas, que cuentan con características químicas que presentan desafíos diferenciales para la herbivoría. Estas relaciones insecto-planta también tienen relevancia a nivel económico y cultural: *C. cactorum* es una generalista que afecta especies del género *Opuntia*, y es plaga de la tuna (*O. ficus-indica*), de gran importancia en la agroindustria argentina; *C. bucyrus* es especialista y plaga del cardón (*Trichocereus atacamensis*), cactus emblemático para los pueblos originarios del noroeste argentino; y *C. doddi* es especialista de *O. sulphurea*. Es importante también resaltar que las especialistas *C. bucyrus* y *C. doddi* son simpátricas en su distribución natural, mientras que *C. cactorum*, aunque se superpone parcialmente en este rango, tiene una amplia distribución Argentina y ha llegado incluso a los EEUU, donde representa una amenaza significativa.

Dado este contexto, resulta esencial comprender los mecanismos genéticos vinculados con el uso diferencial de recursos biológicos por parte de estas especies y con posibles huellas de hibridación entre las mismas, con el fin de diseñar, en un futuro, estrategias de control biológico. En este estudio, aplicamos enfoques de última generación en secuenciación y genómica para investigar los procesos evolutivos que impulsaron la especialización ecológica dentro de este género. Por esto, hemos secuenciado y ensamblado de novo los genomas de las tres especies, obteniendo ensamblados con altos valores de contigüidad y completitud. Además, hemos generado tanto las librerías de repeticiones y familias de transposones como las anotaciones génicas en cada caso. Los tres proteomas anotados consistieron de entre 15900 y 16900 secuencias, con alta completitud de genes de copia única conservados para lepidópteros, que fueron identificados con el software BUSCO, lo que permitió análisis filogenómicos y comparativos.

Para describir las relaciones filogenéticas entre estas especies, desarrollamos y distribuimos libremente el pipeline bioinformático BUSCO2Tree, que automatiza todo el proceso de construcción del árbol de especies a partir de las salidas del análisis de completitud para cada genoma o proteoma. Las relaciones inicialmente recuperadas por este enfoque relevaban discordancias con respecto a reportes previos para las mismas especies. Esto se atribuye a la baja divergencia entre las tres especies, que se reflejó en la escasez de sitios informativos en los alineamientos de una gran parte de los genes en la filogenia. Para abordar esta limitación, ampliamos la búsqueda a todos los ortólogos de copia única presentes en los proteomas, logrando un enfoque más efectivo que

recuperó con mayor precisión las relaciones filogenéticas a partir de 5576 genes. Además, el análisis comparativo de los proteomas permitió identificar un conjunto de más de 600 genes que están restringidos taxonómicamente al género *Cactoblastis* y decenas de genes que son huérfanos candidatos en cada especie. Estos genes candidatos podrían estar asociados con las innovaciones genómicas subyacentes a la biología y la ecología de estas especies, y abren paso a la identificación de sus funciones biológicas y a la evaluación de su participación en el reconocimiento del hospedador. Paralelamente, estamos llevando a cabo la anotación funcional de estos genes junto con la identificación de todos los genes pertenecientes a las familias quimiosensoriales *gustatory receptors* (GRs), *olfactory receptors* (ORs) y las *ionotropic receptors* (IRs). Estas familias han sido ampliamente relacionadas con el reconocimiento de hospedadores en insectos y nuestras investigaciones apuntan a encontrar objetivos específicos en cada especie para su potencial control biológico.

Evidencia del Factor de Veneno en Cocodrilianos

T. Cordero^{1,3,4}; P. Amavet^{2,3}; B. Marelli⁴; P.A. Siroski^{1,3,4,5}

¹Laboratorio de Ecología Molecular Aplicada (ICiVET - UNL, CONICET), Santa Fe, Argentina.

²Laboratorio de Genética, Departamento de Ciencias Naturales (FHUC - UNL), CONICET, Santa Fe, Argentina.

³Laboratorio de Zoología Aplicada: Anexo Vertebrados (FHUC - UNL /MMA), Santa Fe, Argentina.

⁴Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral (ICiVet-Litoral), CONICET, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina.

⁵Ministerio de Medio Ambiente y Cambio Climático, Santa Fe, Argentina.

Contacto: trinidad.cordero@icivet.unl.edu.ar

Los arcosaurios, incluidos los cocodrilianos, se consideraban tradicionalmente un grupo de animales no venenosos; sin embargo, se han identificado algunas secuencias similares al factor del veneno de la cobra (CVF) en el genoma de los cocodrilianos, lo que puede desencadenar importantes debates y generar interesantes hipótesis. El CVF es una proteína no tóxica, presente en el veneno de muchas serpientes de la familia Elapidae. Posee la función de activar el sistema de complemento y provoca su consumo cuando entra en contacto con el suero humano o de mamíferos por envenenamiento, después de que una cobra muerde a una presa o a una víctima humana. La acción del CVF se relaciona con la del complemento C3, que es el componente central de todas las vías de activación del sistema de complemento y es el más antiguo de la inmunidad innata, que evolucionó hace más de 1.000 millones de años. De hecho, los dominios funcionales del componente C3 humano se conservan en corales y cnidarios. La antigüedad, las características y la abundancia del complemento C3 en el suero humano indican su importante papel como componente clave de la inmunidad contra la infección y en la discriminación entre “lo propio” y “lo no propio” del organismo. El objetivo de esta investigación fue identificar la presencia de alguna secuencia similar al CVF en el ADN de *Caiman latirostris*. Para lograrlo se realizó PCR convencional empleando muestras de C.

latirostris, y cebadores específicos para la especie. Las secuencias obtenidas se analizaron en la plataforma BLAST (Altschul et al., 1990) y se comprobó que poseen un 60 % de similitud secuencial con el CVF. Se desarrollaron análisis bioinformáticos que tuvieron como objetivo la búsqueda y caracterización de la secuencia genética del factor de veneno en cocodrilianos (CrocVF) en el genoma de *C. latirostris*. A continuación, se descargaron secuencias del CVF y del complemento C3 de especies cercanas a los cocodrilianos y de serpientes de la familia Elapidae de bases de datos para realizar análisis filogenéticos; estos se hicieron con el programa multiplataforma de análisis bayesiano de secuencias moleculares (BEAST v1.10.4) y con Starbeast3 (BEAST v2.7.5), el cual permite la estimación de un árbol de especies a partir de secuencias multilocus. Los resultados demostraron la presencia del CrocVF en *C. latirostris* y una fuerte homología entre el CrocVF y el complemento C3 de la especie, indicando una probable paralogía entre ambas proteínas en los cocodrilianos. Estos hallazgos representan una contribución para conocer y comprender el sistema inmunitario de los cocodrilianos; además apoyan la presencia de componentes del veneno de serpientes en otros reptiles no venenosos. Sin embargo, es necesario realizar estudios complementarios para profundizar los conocimientos sobre CrocVF, principalmente orientados a indagar en la estructura de esta proteína y posteriormente hacer predicciones sobre su posible función en los cocodrilianos.

Caracterización transcripcional de ribotoxinas adquiridas horizontalmente en insectos

Walter J. Lapadula¹; Maximiliano Juri Ayub¹

¹Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas de San Luis, IMIBIO-SL-CONICET y Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis, San Luis Argentina.

Las Proteínas Inactivantes del Ribosoma (RIPs) son un grupo de toxinas que inhiben la síntesis de proteínas como consecuencia de su actividad ARN *N*-glicosidasa, la cual consiste en la depurinación específica de un residuo de adenina en una región altamente conservada del ARNr 28s, llamado *sarcin/ricin loop* (SRL). Los genes codificantes de estas toxinas están presentes en plantas y bacterias. Algunos ejemplos destacados incluyen las toxinas ricina, presente en *Ricinus communis*, y shiga, presentes en bacterias enteropatógenos y causantes del Síndrome Urémico Hemolítico. En nuestro grupo hemos demostrado la presencia de estas toxinas en diversas especies de hongos y, más llamativamente, en metazoos donde su distribución está acotada a algunas pocas especies de insectos. En esta clase la presencia de genes RIP se encuentra restringida a mosquitos de la subfamilia Culicinae (por ejemplo, *Aedes aegypti*), moscas blancas de la familia Aleyrodidae (por ejemplo, *Bemisia tabaci*) y dos especies de moscas de la superfamilia Sciaroidea (incluyendo *Contarinia nasturtii* y *Bradysia odoriphaga*). Nuestros estudios revelaron que los tres grupos de genes derivan de tres eventos independientes de Transferencia Horizontal de genes (HGT), probablemente de donantes bacterianos (para moscas y mosquitos) y vegetales (para moscas blancas). La comparación de codones entre secuencias, mostraron que el cociente entre la tasa de

sustituciones sinónimas y no sinónimas, es mayor que lo esperable por azar. Esto implica que los cambios que modifican la secuencia aminoacídica han sido purgados mediante selección natural, lo que sugiere que estos genes tienen un impacto positivo en el *fitness* de los hospedadores. Ha sido reportado que una de las estrategias defensivas utilizadas por insectos a lo largo de su evolución consiste en el uso de toxinas proporcionadas por otros organismos, ya sea a través de interacciones simbióticas o por HGT. Trabajos recientes proponen que los genes RIP presentes en la bacteria *Spiroplasma poulsonii*, endosimbiontes de *Drosophila*, desempeñan un rol defensivo cuando los insectos se enfrentan a ciertos parásitos que pueden afectar su viabilidad. Estas evidencias indican la relevancia evolutiva que implicaría para los insectos tener sus propios genes RIPs, originando la hipótesis de que estas toxinas son moléculas efectoras del sistema inmune de insectos. Aquí, mostramos los resultados de analizar experimentos transcriptómicos, disponibles en bases de datos públicas, los cuales nos permitieron describir los perfiles de expresión temporales y espaciales para estos genes foráneos en los tres grupos de insectos donde los encontramos. Los análisis transcripcionales en los diferentes estadios del desarrollo de estos insectos mostraron que en los tres linajes la expresión de los genes RIP es modulada a lo largo de la ontogenia, encontrándose los mayores niveles de transcriptos en los estadios tempranos. Este patrón de expresión es compatible con el mostrado por algunas moléculas efectoras del sistema inmune de insectos. En cuanto a la expresión espacial pudimos confirmar que los transcriptos de los genes RIP están presentes en las regiones del tórax y abdomen, que es donde se localizan varios tejidos inmunes como cuerpo graso, hemocitos e intestino. Por otro lado, durante la búsqueda de factores que modulen la expresión de estos genes encontramos que transcriptomas pertenecientes a cepas de *A. aegypti* refractarias y susceptibles a la infección del nemátodo *B. malayi*, mostraron una inducción en la expresión de los genes RIP presentes en el mosquito luego de ser infectados, siendo mayores los niveles de transcriptos encontrados en las cepas refractarias. Más interesante resultó que tras analizar, en dichos experimentos, las regiones del SRL del ARNr del nemátodo, pudimos confirmar la presencia de lecturas depurinadas, siendo mayor el número de las mismas en las muestras correspondientes a la cepa refractaria. Estos resultados apoyan fuertemente la hipótesis planteada sugiriendo un posible papel de estos genes foráneos como efectores inmunes en insectos.

Cromosomas foráneos circulares en mitogenomas de plantas holoparásitas

Maria Emilia Roulet¹; Luis Federico Ceriotti^{1,2}; Leonardo Gatica-Soria ^{1,2}; Maria Virginia Sánchez-Puerta^{1,2}

¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Universidad Nacional de Cuyo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Almirante Brown 500, M5528AHB, Chacras de Coria, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Padre Jorge Contreras 1300, Universidad Nacional de Cuyo, M5502JMA, Mendoza, Argentina.

Contacto: meroulet@gmail.com

La Transferencia Horizontal de Genes (THG), el movimiento de información genética entre especies no relacionadas, ha sido ampliamente documentada en procariontes. Sin embargo, en eucariotes multicelulares existen aspectos poco claros acerca de la incidencia de THG y los mecanismos involucrados. El proceso de THG entre plantas se ha reportado más comúnmente en las mitocondrias, con notable ausencia en los cloroplastos. En el núcleo, este fenómeno está siendo reportado cada vez con mayor frecuencia dada la creciente acumulación de datos genómicos en bases de datos públicas. Se propuso un modelo de compatibilidad de fusión mitocondrial para la THG entre mitocondrias de plantas que consiste en la adquisición de mitocondrias foráneas enteras desde el donante seguida por la fusión y recombinación de sus genomas mitocondriales (ADNmt). Los genomas de plantas parásitas concentran una gran cantidad del ADN foráneo del total de eventos de THG reportado para las angiospermas, tanto en sus mitocondrias como en el núcleo. Por lo tanto, la íntima conexión vascular establecida entre las plantas parásitas y sus hospedantes representa un sistema muy valioso para estudiar la THG en eucariotes. Las plantas parásitas se caracterizan por su capacidad de alimentarse directamente de otras plantas, invadiendo las raíces o los tallos de sus hospedantes a través de una raíz especializada denominada haustorio. Este contacto vascular permite el paso de agua, de nutrientes y de ácidos nucleicos que facilitan la THG. Recientemente, se han descrito casos sorprendentes de THG mitocondrial en dos especies de holoparásitas de la familia Balanophoraceae: *Lophophytum mirabile* y *Ombrophytum subterraneum*. Por ello, secuenciamos, ensamblamos y analizamos el ADNmt de la especie *L. pyramidale* y realizamos un análisis comparativo y evolutivo para evaluar la incidencia, los mecanismos involucrados, y el impacto de los eventos de transferencia de sus hospedantes mimosoideas (Fabaceae) a *Lophophytum* spp. El ADNmt de *L. pyramidale* tiene una longitud de 806.114 pb y se ensambla en 81 cromosomas circulares de 5-15 kb de longitud. Esta estructura multicromosómica también se ha descrito en mitogenomas de otros representantes de la familia, pudiendo ser un carácter ancestral, en la que el número de los cromosomas es muy variable. Los análisis filogenéticos mostraron que el ADNmt de *L. pyramidale* contiene seis genes foráneos, 13 quiméricos y 18 nativos. En general, el impacto de la THG en las regiones codificantes ha sido mayor para *L. mirabile* con 29 genes foráneos o quiméricos en comparación con 19 en *L. pyramidale*. El origen de estos genes es el resultado de eventos THG ancestrales y recientes, incluyendo casos de THG convergente en los que los mismos genes se vieron afectados de forma independiente en *L. mirabile* y *L. pyramidale*. Un análisis del mitogenoma

completo reveló que el 60% y el 74% de *L. pyramidale* y *L. mirabile*, respectivamente, se adquirieron de sus hospedantes mimosoideas. La evidencia de un origen foráneo se basa en una fuerte afiliación con Fabaceae en los árboles filogenéticos y/o en la identidad de longitud y secuencia de las regiones compartidas con Fabaceae. Además, un total de 59 cromosomas circulares en el ADNmt de *Lophophytum* spp. son totalmente foráneos, y se mantienen en el mitogenoma como moléculas similares a plásmidos. Proponemos un nuevo modelo de THG denominado THG mediada por círculos (“circle-mediated HGT”) en el que *Lophophytum* spp. adquieren ADNmt foráneo de sus hospedantes, donde regiones de 5-15 kb se circularizan ganando estabilidad y facilitando su perpetuación. Estos cromosomas circulares pueden ocasionalmente recombinarse con otros cromosomas o perderse por azar. Este mecanismo de THG es único en las mitocondrias de plantas y otros orgánulos eucariotas y proporciona información valiosa sobre la formación de moléculas circulares dentro de los mitogenomas.

Relaciones filogenéticas de una nueva familia de proteínas hiperestables de huevos de caracoles manzana

M. Y. Pasquevich^{1,2}; M. S. Dreon^{1,2}; M. E. Diupotex-Chong³; H. Heras^{1,4}

¹Instituto de Investigaciones Bioquímicas de La Plata “Prof. Dr. Rodolfo R. Brenner” (INIBIOLP), Universidad Nacional de La Plata (UNLP) —CONICET CCT-La Plata, La Plata, Argentina.

²Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, UNLP, Argentina.

³Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

⁴Cátedra de Química Biológica, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, Argentina.

La estabilidad de las proteínas afecta su capacidad de evolución, lo que establece un estrecho equilibrio entre la capacidad de acumular mutaciones y la ganancia de funciones manteniendo un nivel adecuado de estabilidad. Sin embargo, no hay muchos ejemplos estudiados en la naturaleza que relacionen estos aspectos. En su mayoría se realizan en el laboratorio mediante evolución dirigida o mediante modelos teóricos. En nuestro grupo investigamos las relaciones filogenéticas de los ortólogos de Perivitelina-1 (PV1) de los huevos de caracoles manzana del género *Pomacea* (Caenogastropoda: Ampullariidae), caracoles neotropicales de origen gondwánico. Las PV1 son una nueva familia de proteínas hiperestables, de estructura oligomérica formada por 6 monómeros parálogos entre sí, que han evolucionado exclusivamente en la familia Ampullariidae y carecen de homólogos fuera de la misma (genes huérfanos). Los caracoles manzana son un modelo emergente para estudios evolutivos debido a su gran diversidad y amplia distribución geográfica. Son caracoles anfibios que han desarrollado una estrategia reproductiva inusual, poniendo huevos fuera del agua. Esta transición a oviposición terrestre fue acompañada de la adquisición de notables cambios moleculares y bioquímicos, particularmente en las proteínas reproductivas de los huevos. Las PV1s son carotenoproteínas pigmentadas del huevo cruciales para la exitosa estrategia reproductiva del caracol. Hemos demostrado que estas proteínas son altamente estables y han

adquirido funciones protectoras características en cada linaje. En este trabajo estudiamos la PV1 de *P. patula*, llamada PpaPV1, perteneciente al clado Flagellata, el clado más basal de *Pomacea*, mediante metodologías bioquímicas y biofísicas, y lo comparamos con las PV1s de los dos clados más derivados: clado Bridgesii y clado Canaliculata. Su peso molecular, tamaño y resistencia a la proteólisis son rasgos similares y compartidos entre las PV1s de todos los linajes. Sin embargo, se observaron marcadas diferencias en las características espectrales de PV1, en la coloración asociada del huevo, y en la actividad lectina (proteínas con capacidad de unión a azúcares específicos), indicativos de cambios en la estructura y función de las proteínas a lo largo de la evolución del género. PpaPV1 es la PV1 más estable, más resistente a desplegarse con detergentes y posee una vida media de desnaturalización con cloruro de guanidinio mucho mayor que las PV1s de los clados Canaliculata y Bridgesii. Esto indicaría una pérdida de estabilidad cinética en los clados derivados. De hecho, PpaPV1 se encuentra entre las proteínas más hiperestables descritas en la naturaleza. La unión a glicanos y especificidad de la PpaPV1 por estos, es más débil y menor, respectivamente, que las de su clado hermano, el clado Bridgesii. Nuestros resultados proporcionan evidencia de los cambios en estabilidad estructural y cinética, así como en los roles defensivos que una nueva familia de proteínas de huevos de invertebrados sufrió a lo largo de la evolución. Demostramos que en el linaje Bridgesii, la PV1, adquirió una fuerte actividad lectina, mientras que en el clado Canaliculata, esa capacidad se pierde pero las PV1 adquieren una llamativa coloración de advertencia contra los depredadores. Estos rasgos de las proteínas defensivas de los huevos acompañaron la diversificación del género y pueden haber contribuido a la notable invasividad de los caracoles manzana del clado Canaliculata.

Filogenia y Biogeografía

Develando la diversidad del grupo de geckos neotropicales *Homonota horrida*

A.C. Millan Lugo¹; KI Sanchez²; L.J. Avila²; J.W. Jr Sites³; M. Morando^{1,2}

¹Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Bv. Almte Brown 3051, U9120ACD, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

²Grupo de Herpetología Patagónica, Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IPEEC-CONICET), Boulevard Almirante Brown 2915, Puerto Madryn, CT U9120ACD, Argentina.

³4380 Hammacksville Rd, Trenton, Kentucky 42286, USA.

Contacto: avilacnp@gmail.com

La diversidad críptica en muchos grupos de lagartijas representa un desafío a la hora de estudiarlos, ya que se trata de individuos muy similares morfológicamente con grandes diferencias a nivel molecular, lo que dificulta su delimitación y comprensión en términos de evolución y biodiversidad. En este trabajo nos enfocamos en el grupo de especies de geckos (Squamata: Gekkota: Phyllodactylidae) neotropicales *Homonota horrida*, cuya diversidad hasta el momento no ha sido estudiada en profundidad. En la actualidad cuenta con 5 especies descritas (*H. horrida*, *H. septentrionalis*, *H. marthae*, *H. itambere* y *H. underwoodi*), que se distribuyen en zonas del centro y sur de Sudamérica. Este grupo se caracteriza por presentar escasa diferenciación morfológica y es a través del empleo de herramientas moleculares que se hace posible una mejor evaluación de su diversidad taxonómica. Anteriormente, se contrastaron los resultados de dos métodos de delimitación de especies para árboles genéticos construidos a partir del análisis de secuencias del gen mitocondrial Citocromo-b de ejemplares de 4 de las 5 especies que integran el grupo (excepto *H. itambere* de Paraguay). Los métodos empleados en esa oportunidad, GMYC y mPTP, coincidieron en reconocer un nuevo linaje diferenciado dentro de *H. horrida*. Ese árbol génico se utilizó como hipótesis a contrastar con los análisis multi-locus que se presentan en este trabajo. Se emplearon un total de 13 marcadores genéticos, 2 de ellos mitocondriales (Citocromo-b y 12S) y 11 nucleares (19B, 30B, 32B, ACA4, DMXL, MFSD4, MXRA5, NKTR, PLRL, RBMX y SNCAIP), de 4 de las 5 especies que integran el grupo (N de individuos = 34). Se utilizó el método basado en inferencia Bayesiana BPP para evaluar la hipótesis inicial. El primer paso consistió en inferir el árbol de especies para el grupo y en una etapa subsiguiente se estimó la probabilidad posterior para distintas hipótesis de delimitación. Los resultados obtenidos mediante este análisis sugieren que el nuevo clado, distribuido en La Rioja y Catamarca, que se reconoce dentro del grupo *H. horrida* se trataría de una especie distinta a las descritas hasta el momento. Sin embargo, resulta fundamental incluir otro tipo

de información, como datos morfológicos para realizar un estudio integral y evaluar el soporte de estos resultados.

Análisis de poblaciones de *Temnocephala lamothei* (Platyhelminthes, Dalytyphloplanida) mediante el uso de redes de haplotipos

A. Zivano¹; S.A. Seixas¹; A. Colmenares^{1,4}; C. Noreña Janssen³; C. Damborenea^{1,2}

¹División Zoología Invertebrados - Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad de La Plata (FCNyM, UNLP).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

³Museo Nacional de Ciencias Naturales. Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), España.

⁴Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT).

Los temnocéfalos (Platyhelminthes, Temnocephalidae) son un grupo de platelmintos comensales de diferentes taxones hospedadores, incluyendo moluscos, crustáceos, insectos y quelonios. *Temnocephala lamothei* Damborenea & Brusa, 2008 vive asociada a gasterópodos de la familia Ampullariidae. A la fecha se la conoce por su descripción original, y sólo se la ha registrado en su localidad tipo en la provincia de Misiones, y asociada a su hospedador tipo, *Pomacea megastoma* (G. B. Sowerby, 1825). En este trabajo, se colectó material de tres localidades de la misma provincia: Río Uruguay cerca de la desembocadura del Canal Torto, Río Uruguay y Arroyo Yabotí Guazú (las últimas dos pertenecientes al Parque Provincial Moconá); y de dos hospedadores diferentes: *P. megastoma* y *Felipponea neritiformis* (Dall, 1919). De los temnocéfalos estudiados, la porción posterior fue preparada en polivinil-lactofenol para su identificación específica mediante morfología del estilete peniano, y la porción anterior se utilizó para análisis moleculares. Luego de la extracción de ADN, un fragmento del gen COI fue amplificado mediante PCR y luego enviado a secuenciar. Las secuencias consenso (previa edición y ensamblado), fueron alineadas con MAFFT, y su marco de lectura fue verificado en MEGA-X. El alineamiento obtenido fue utilizado en análisis de Inferencia Filogenética y Máxima Verosimilitud, utilizando como *outgroup* secuencias de otras especies del género obtenidas para este trabajo (*Temnocephala chilensis* (Moquin-Tandon, 1846), *Temnocephala iheringi* Haswell, 1893 y *Temnocephala digitata* Monticelli, 1902), y de una especie de un género afín extraída de GenBank (*Temnosewellia fax* Sewell, Cannon & Blair, 2006). A su vez, el alineamiento fue utilizado como base para generar redes de haplotipos mediante TCS en el programa PopART, a fin de dilucidar las relaciones entre las poblaciones comensales y la influencia de la geografía y de las diferentes especies hospedadoras sobre ellas. Los árboles filogenéticos obtenidos muestran una clara delimitación de las diferentes especies. En cuanto a *T. lamothei*, las secuencias de sus individuos muestran cierta estructuración por hospedador y localidad, reconociéndose 13 haplotipos a partir de las 20 secuencias obtenidas de esta especie. Las redes resultantes reflejan la estructura evidenciada en los árboles de inferencia filogenética. Se reconocen tres grupos separados por un mínimo de 25 mutaciones. El grupo mayor incluye 10 haplotipos asociados a ambas especies hospedadoras y a las

dos localidades del Parque Provincial Moconá. Los otros dos grupos, uno conteniendo dos haplotipos del Río Uruguay P. P. Moconá y el otro representando el único haplotipo del Río Uruguay cerca de la desembocadura del Canal Torto, comparten el mismo hospedador (*P. megastoma*). Si bien las redes obtenidas muestran agrupaciones tanto por localidad como por hospedador, no es posible reconocer una clara dominancia de la geografía o las especies hospedadoras sobre la estructura. Si se consideran los haplotipos por localidad, en el Río Uruguay (P. P. Moconá) se reconoce una mayor cantidad de sustituciones separando a los comensales de las diferentes especies hospedadoras que con respecto a las otras localidades. Lo mismo ocurre si se observa la red tomando en cuenta los hospedadores, resultando cercanos los haplotipos asociados a *F. neritiformis* y más separados entre sí aquellos asociados a *P. megastoma*. Es decir, los haplotipos de los comensales de las dos especies hospedadoras en el Arroyo Yabotí Guazú están estrechamente relacionados, así como aquellos asociados a *F. neritiformis* de ambas localidades, resultando más lejanos los grupos de las otras combinaciones. Para comprender en profundidad estas relaciones, es necesario contar con más información acerca de los hospedadores y sus hábitats, y con comensales provenientes de más localidades.

New phylogenetic proposal for Procellariiformes (Aves) based exclusively on morphological data

Alejandra Piro¹

¹División Paleontología Vertebrados, Museo de La Plata, Paseo del Bosque S/N.

Facultad Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

Contacto: apiro@fcnym.unlp.edu.ar

Procellariiformes is an order of cosmopolitan seabirds commonly known as albatrosses, petrels and shearwaters. They are represented by a wide spectrum of forms that are usually grouped into four living families (Procellariidae, Diomedidae, Oceanitidae and Hydrobatidae), plus the completely extinct Diomedoididae. The internal relationships are controversial, and phylogenies based on non-exhaustively explored morphological data are not consistent with the most spread molecular proposals. The abundant fossil specimens require a proper context to analyze their phylogenetic relationships, but unfortunately, the analyses of osteological data are only abundant for the extinct family, leaving a huge information gap for the analysis of the remaining forms. A data matrix with 564 characters and 35 taxa (6 Galloanserae as outgroup, 4 Diomedidae, 21 Procellariidae, 2 Oceanitidae, and 2 Hydrobatidae) was made using Mesquite 3.8. Since Procellariidae is the most diverse family, a higher number of species were included. All the characters are discrete (continuous characters were transformed into discrete) and not ordered. The phylogenetic analysis was made using TNT with a traditional search, with 100 replicants, TBR with 1000 trees to save per replication, collapsing trees after the search and replacing existing trees. This was tested using equally weighted characters and with different implied weightings, and with no constraints. Absolute and Relative Bremer Support was calculated, using up to 50 suboptimal trees.

Resampling using Jackknife with 1000 replicants. As a result, traditional search with equally weighted characters showed only one tree (length = 2286, CI= 0.383 and RI= 0.602), no polytomies. The nodes of the order and families are recovered. The number of synapomorphies recovered for the order were 69, 34 for Diomedidae, 18 for “Procellariidae” (37 for Oceanitidae + Hydrobatidae). All nodes of the order and families were well supported. Jackknife collapsed two nodes. Using un-equal weightings leads to one tree too in each case. The tree with more steps was K=3 (length= 2296, CI= 0.382 and RI= 0.599) and with lesser steps K= 20 (length= 2287, CI=0.383 and RI=0.602). Higher values of K resulted in the same length and indices until K hit 68 in which it gave the same tree as the equally weighted analysis (also same length and indices). When characters were un-equally weighted, Procellariidae presented different internal topographies. The phylogeny was also tested with Sphenisciformes as outgroup (instead of Galloanserae), like is usually done in most of the phylogenetic proposals. In that case the relationships between taxa varied, resulting in 2 trees with more steps. Although Sphenisciformes is the traditional sister group of Procellariiformes, it presents too many adaptive modifications, mostly in the forelimb. Due to this, the state characters between them are less homologous. Galloanserae, a clade considered traditionally as basal, presents less specific adaptations compared to Sphenisciformes, which would help to polarize characters better. As a conclusion, the equally weighted tree presented lesser steps. The presence of a single tree with the least score, the traditional 4 families represented in the tree, and the good values of BS, would be indicating that the characters analyzed here are relevant and informative. *Puffinus* would be paraphyletic and the tribe “Puffini” (= *Puffinus* + *Ardenna*) would be polyphyletic (these genera are controversial). The topology of the tree would indicate that Oceanitidae and Hydrobatidae would have derived from Procellariidae, also ‘Pelecanoididae’ (*Pelecanoides* spp.) is recovered as possible sister taxa of Oceanitidae + Hydrobatidae. *Macronectes giganteus* would be the most basal species from “Procellariidae”, and the smaller species would be the most derived. Altogether with the previous results and due to Diomedidae being the most basal family, this order would have a tendency to develop smaller forms.

Filogenia e historia evolutiva del género *Arjona* (Schoepfiaceae, Angiospermae)

Carlos A. Zavaro Pérez^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Belgrano.

El género *Arjona* Cav., cuenta con 21 taxa -agrupados en tres secciones-, algunos de los cuales han sido sinonimizados aun cuando no exista acuerdo al respecto entre los diferentes autores. Estudios recientes, basados en evidencia molecular, conjuntamente con *Quinchamalium* en la familia Schoepfiaceae. Dentro de esta familia, tanto las especies de *Arjona* como su grupo hermano, *Quinchamalium*, presentan vástagos aéreos y un rizoma ramificado provisto de raíces con haustorios distales a modo de ganchos. No obstante, la presencia de un espolón en el extremo distal de cada

lóbulo del tubo de la corola y las brácteas concrecentes que conforman una urceola en la base de las flores, permiten distinguir a las especies de *Quinchamalium* de aquellas que integran *Arjona*, donde ambos caracteres están ausentes.

Con el propósito de conocer la historia del grupo, se realizó un análisis filogenético a partir de una matriz de 37 caracteres. La elección del grupo externo se realizó en base a los resultados del cladograma obtenido con caracteres moleculares. Los datos fueron procesados bajo el principio de parsimonia. El análisis filogenético se realizó utilizando métodos heurísticos (TBR y el algoritmo de Wagner), obteniéndose un total de tres árboles parsimoniosos con una longitud de 107 (L= 107) pasos y un índice de consistencia de 0,62.

El cladograma confirma que *Misodendrum* (Misodendraceae) constituye el grupo hermano de los géneros *Arjona* y *Quinchamalium*. Estos dos últimos comparten sinapomorfías como el hermafroditismo de la flor y la cantidad de estambres, que en ambos géneros son cinco y resultan ser epipétalos. Otras sinapomorfías que sostienen el nodo, como el tipo de rizoma, la forma de las hojas, la presencia de mucrón en el ápice de las hojas, el tipo de inflorescencia, la concrecencia de las brácteas y la presencia quilla en los lóbulos de la corola, si bien resultan novedades evolutivas, presentan estados diferentes en las especies del género *Arjona*.

El género *Arjona* es monofilético. La secuencia de transformación de los caracteres constituye evidencia de los procesos de especiación porque la adquisición de nuevos estados para un carácter, constituye tanto evidencia de ancestría como de homología asociada a la cladogénesis. Comprender la segregación de los diferentes estados en atención a la historia compartida de las especies permite corroborar la monofilia y formular hipótesis respecto de los cambios estructurales que implican los eventos de cladogénesis. No obstante, en ese proceso no siempre los individuos pueden ser adjudicados taxativamente a una u otra especie debido a que las barreras que las separan no siempre resultan infranqueables y por lo tanto suelen aparecer mosaicos de caracteres, que se refleja en el material consultado.

A partir de las relaciones filogenéticas que se reconstruyen en el cladograma obtenido: (MIS(QUI(QUL(PUS(CHU(LON(((TUB-CRT)(TAN-TAR))((RUS-RUC)PAT))))))) es posible inferir que las secciones *Psilarjona* y *Xylarjona* resultan irrelevantes y por tanto sostenerlas como categoría infragenérica no reviste importancia en términos filogenéticos, en tanto la sección *Euarjona*, que reuniría a las especies restantes, es polifilética.

Un nuevo registro de parasitoidismo por *Microctonus* sp. (Hymenoptera: Braconidae) en dos especies de gorgojos revela una inesperada diversidad dentro del género en Sudamérica

Cristian R. Amaya¹; Lucia Fernandez Goya²; Daniel A. Aquino¹; M. Guadalupe del Río; Marcela S. Rodriguero^{2,3}

¹División de Entomología, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), CONICET – Universidad de Buenos Aires (UBA), Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina.

³Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN, UBA), CABA, Argentina.

Los parasitoides de gorgojos, en su mayoría, son avispas de las superfamilias Chalcidoidea e Ichneumonoidea (especialmente a la familia Braconidae). El género *Microctonus* Wesmael, 1835 (Hymenoptera: Braconidae), de gran importancia económica, está ampliamente distribuido en América del Sur, desde donde varias especies han aumentado su rango de distribución al ser introducidas con éxito desde 1991, como agentes de control biológico de gorgojos exóticos y plagas en EE. UU., Europa y Nueva Zelanda. Los hospedadores de estos parasitoides mayormente son coleópteros fitófagos de la familia Curculionidae, tales como *Ceutorhynchus* Germar 1823 (Alemania), *Cylindrocopturus* Heller 1895 (América y Noreste Pacífico), *Listronotus bonariensis* Kuschel 1955 (Argentina, Brasil, e introducido en EE. UU y Nueva Zelanda), varias especies de *Sitona* Germar 1817 (Europa e introducido en EE. UU), y *Naupactus cervinus* Boheman 1840 (Argentina y Brasil e introducido en varios continentes). En Argentina se han encontrado más de 15 especies de parasitoides de la familia Braconidae en larvas y adultos de gorgojos plaga. En este trabajo reportamos la ocurrencia de un nuevo registro del género *Microctonus* que, presumiblemente, se trataría de una nueva especie en base a la determinación morfológica. Este microhimenóptero endoparásito fue registrado en individuos adultos de dos especies de la tribu *Naupactini* Gistel, 1848 (Curculionidae: Entiminae) nativas de América del Sur: el “gorgojo de las raíces” *Naupactus versatilis* Hustache 1947, plaga ocasional de cítricos en Argentina, Brasil y Paraguay, que es uno de los gorgojos con mayor extensión geográfica en Argentina, y el “capachito de los frutales” o “gusano de las rosáceas” *Naupactus cervinus* Boheman 1840, también conocido como “Fuller’s rose weevil”, una especie partenogenética distribuida mundialmente debido a su asociación con cultivos de importancia económica y perjudicial para cítricos (Rutaceae), alfalfa (Fabaceae), plantas ornamentales y frutales de la familia Rosaceae y en la que ya se han reportado dos casos de parasitoidismo por diferentes especies de *Microctonus*. Los ejemplares fueron capturados e identificados en el predio de la Ciudad Universitaria de la Universidad de Buenos Aires (Ciudad Autónoma de Buenos Aires). Los hospedadores se mantuvieron en condiciones de laboratorio durante un período de 14 días aproximadamente con el fin de visualizar posibles parasitoidosis. Se obtuvieron larvas y adultos de *Microctonus* sp. de *N. versatilis* y solo larvas de *N. cervinus*. En base a dichos ejemplares, se está desarrollando un estudio de *DNA barcoding* mediante la secuenciación de

un fragmento del gen que codifica para la subunidad I de la enzima mitocondrial citocromo C oxidasa (COI) y el diagnóstico de la infección con parásitos reproductivos por PCR. A partir de las secuencias obtenidas se realizará un análisis filogenético a nivel de género, incluyendo secuencias de *Microctonus* publicadas en bases de datos como GenBank (NCBI) e IBoL. Además, se cuantificarán las distancias genéticas entre las especies de *Microctonus* ya reportadas para el gorgojo *N. cervinus* con el fin de estimar la cantidad de especies en Argentina. Hasta el momento, el análisis morfológico sugiere que las muestras de ambos gorgojos son parasitoidizadas por una única especie de *Microctonus* sp. y diferentes de las ya reportadas en la región. Además, sería interesante dilucidar si se trata de una especie diferente de las dos ya reportadas como parasitoides de *N. cervinus*, considerando que en las previas identificaciones no se logró determinar la especie por falta de ejemplares adultos de los parasitoides. En este trabajo se reporta por primera vez el parasitoidismo por un microhimenóptero en *N. versatilis* en Argentina, y contribuye a incrementar el conocimiento de la megadiversidad de *Microctonus* y a proporcionar una mayor perspectiva de este parasitoides como potencial controlador biológico de dos plagas de gorgojos ampliamente distribuidas.

Explorando los límites entre especies del grupo *M. stelzneri* (Anura: Bufonidae: *Melanophryniscus*) empleando evidencia molecular

Emilce Guadalupe Diaz Huesa¹; Claudio Borteiro²; Francisco Kolenc²; Juan Diego Baldo³; Néstor Guillermo Basso¹.

¹Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Puerto Madryn, Argentina.

²Museo Nacional de Historia Natural, Sección Herpetología, Montevideo, Uruguay.

³Instituto de Biología Subtropical (IBS, UNaM-CONICET), Posadas, Argentina.

Melanophryniscus es un género de sapos sudamericanos compuesto actualmente por 31 especies, la mayoría de ellas distribuidas en tres grupos fenéticos (grupos *M. moreirae*, *M. stelzneri* y *M. tumifrons*). En estudios filogenéticos previos, se recuperó dentro del grupo *M. stelzneri* un clado compuesto por las especies de distribución más austral del género (*M. cupreuscapularis*, *M. diabolicus*, *M. dorsalis*, *M. estebani*, *M. montevidensis*, *M. nigricans* y *M. stelzneri*; clado pampeano). Sin embargo, las especies que componen este clado no se recuperaron como monofiléticas y, a su vez, manifiestan un elevado polimorfismo en sus patrones de coloración. Estos aspectos dificultan la asignación taxonómica de los individuos. Por lo tanto, en este trabajo nos propusimos: a) explorar los límites de las especies del clado pampeano empleando métodos de delimitación de especies basados en un solo locus y b) cuantificar la variabilidad genética de los distintos agrupamientos inferidos. Para ello, se obtuvieron secuencias del gen citocromo b de 71 individuos asignados a las especies *M. cupreuscapularis*, *M. diabolicus*, *M. dorsalis*, *M. estebani*, *M. montevidensis* y *M. stelzneri*. Las relaciones entre los individuos se estimaron mediante red de haplotipos y genealogías (máxima parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia bayesiana). Posteriormente, se aplicaron distintos algoritmos de delimitación de especies a partir de distancias genéticas (ASAP) y árboles génicos (mPTP, GMYC y bGMYC). Se detectaron 38 haplotipos separados, en su mayoría, por escasos pasos

mutacionales y sin evidencia de estructuración geográfica. El número de entidades delimitadas varió entre los distintos métodos aplicados; sin embargo, no se pudo descartar la hipótesis nula de panmixia o que todos los individuos analizados pertenecen a un único agrupamiento. Teniendo en cuenta que estos resultados no fueron concluyentes, las distancias genéticas intra- e interespecíficas se calcularon teniendo en cuenta la taxonomía actual. Se observaron divergencias genéticas muy bajas entre las especies, asemejándose incluso a las divergencias genéticas intraespecíficas. Los resultados incongruentes de los diferentes métodos de delimitación, sumados a las limitaciones propias de estos métodos y a las escasas divergencias genéticas observadas, refuerzan la necesidad de abordar con mayor detalle los límites específicos en este grupo de anfibios. Esto requerirá del empleo de marcadores moleculares adicionales y la incorporación de otras fuentes de evidencia como, por ejemplo, atributos fenotípicos.

Resultados preliminares en la exploración de las conexiones bióticas entre el sur de Sudamérica y sus islas cercanas: una perspectiva desde *Lagenophora* Cass. (Asteraceae)

Gisela Sancho¹; R. Scherson²; J.N. Viera Barreto¹; M. Donato³; J. M. Bonifacino⁴; J. G. Burleigh⁵

¹División Plantas Vasculares, Museo de La Plata - Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNYM, UNLP).

²Departamento de Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.

³Instituto de Limnología Dr. Raúl A. Ringuelet (ILPLA) - FCNYM, UNLP - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

⁴Facultad de Agronomía, Departamento de Biología Vegetal, Laboratorio de Botánica. Casilla de Correo 1238, Montevideo, Uruguay.

⁵Department of Biology, University of Florida.

Algunos taxones, basados en su morfología, distribución y mecanismos de dispersión, pueden proporcionar pistas sobre los eventos biogeográficos que dieron forma a la biota del sur de América del Sur y sus conexiones continente-isla. Por ejemplo, *Lagenophora* Cass. perteneciente a la familia Asteraceae ha llamado la atención de los investigadores por su distribución austral, transpacífica y la ausencia del mecanismo de dispersión típico de la familia, el vilano. Los frutos pegajosos de este género, en los que la cabeza fructífera se eleva por encima de la vegetación circundante, aparentemente sirven como una estructura de dispersión eficiente que involucra varios vectores potenciales de dispersión, como las aves, entre otros. Alternativamente, se podría postular dispersión exitosa a través del agua al considerar que la cubierta de oleosa del fruto ayuda en la flotación (Sancho et al., 2015). *Lagenophora* en sentido amplio vive en Australia, Nueva Zelanda, el sur de Asia oriental y el sur de América del Sur. Las tres especies sudamericanas se recobraron en un grupo monofilético (Sancho et al., 2015) y ocurren en los Andes de Argentina continental y Chile, restringidas a ciertos ambientes, generalmente como elementos del sotobosque y los claros de los bosques Subantárticos. Dos de estas especies extienden su área de distribución a islas cercanas como

Tierra del Fuego e Isla de Los Estados y archipiélagos más distantes: *L. nudicaulis* (Comm. ex Lam.) Dusén se extiende hacia el este hasta las Islas Malvinas, Isla Gough y las islas de Tristan da Cunha y *L. hariottii* Franch. Al Archipiélago Juan Fernández.

Una filogenia datada de este género (Sancho et al., 2015) ha proporcionado evidencia de que la Antártida desempeñó un papel clave en las conexiones entre Nueva Zelanda y América del Sur, actuando como corredor para la migración de los ancestros de *Lagenophora* sudamericanos hasta la expansión total del hielo continental en el Cenozoico tardío.

El objetivo de este estudio es reconstruir la historia biogeográfica de las especies de *Lagenophora* sudamericanas con su distribución en el continente e islas circundantes. A través de esta investigación, esperamos comprender los eventos que contribuyeron a la distribución actual de estas dos especies y el impacto de los cambios climáticos del Cuaternario en la distribución de la biota más austral de América del Sur. Para lograr este objetivo, generaremos datos de secuencia nuclear utilizando la secuenciación de enriquecimiento target para crear árboles filogenéticos que incluyan individuos de *L. hariottii* y *L. nudicaulis* de poblaciones continentales e insulares, es decir, Tierra del Fuego, Isla de los Estados, Islas Malvinas y Archipiélago Juan Fernández. También realizaremos en un futuro modelos de distribución para diferentes escenarios climáticos pasados, reconstrucción de áreas ancestrales y comparaciones de espacios climáticos.

Los resultados preliminares de nuestro trabajo muestran que los ancestros de *Lagenophora* en América del Sur probablemente se asentaron en el extremo sur de Chile, en la región de Magallanes. Desde allí podrían haber llegado al Archipiélago de Juan Fernández y expandirse hacia el norte por toda la cordillera de los Andes. Las poblaciones de las islas de Tierra del Fuego estarían más emparentadas con las de la Patagonia centro-sur andina que con las del extremo sur de Chile. Un análisis más detallado ayudará a confirmar estos hallazgos.

Lomechusini neotropicales (Coleoptera, Staphylinidae, Aleocharinae): historia evolutiva y asociaciones mutualistas

Juliette Gualdrón^{1,2}; Melisa Olave^{1,3}; Mariana Chani^{1,3}

¹Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), CCT, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Mendoza, Argentina.

²Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

³Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

Contacto: jgualdron@mendoza-conicet.gob.ar

Un estimado de 10,000 especies de artrópodos ha desarrollado asociaciones mutualistas con hormigas, conocida como mirmecofilia. Los organismos mirmecófilos pueden estar asociados en diferentes etapas de su vida y tener distintos papeles dentro de la colonia de hormigas hospederas, aprovechando los recursos que las colonias de hormigas les ofrecen. En Coleoptera, la evolución de la mirmecofilia está sesgada hacia ciertos grupos como Histeridae y Staphylinidae, donde el

mutualismo ha surgido de manera repetida e independiente. Dentro de Staphylinidae, esta convergencia ha implicado cambios drásticos en el comportamiento, ecología química, anatomía e historia de la vida, dando lugar a fenotipos extremos que se integran en la estructura social del nido.

Dentro de Staphylinidae, la subfamilia Aleocharinae destaca como la más diversa y contiene a Lomechusini, tribu donde la mayoría de sus representantes forman asociaciones mutualistas tanto con hormigas como con termitas. Aunque esta última asociación ha sido poco estudiada. Actualmente, la tribu tiene 2513 especies y subespecies descritas, distribuidas en tres subtribus y 224 géneros. El Neotrópico, con 61 géneros y subgéneros, es la tercera región en poseer la mayor diversidad, después de las regiones Afrotropical y Oriental. Estudios filogenéticos previos cuestionan la monofilia de Lomechusini, sugiriendo que muchos de sus representantes neotropicales, denominados "falsos Lomechusini", están relacionados a otros clados dentro de la tribu Athetini. Por lo tanto, el objetivo de este proyecto es reconstruir y calibrar temporalmente la filogenia de Lomechusini, centrándose especialmente en sus representantes neotropicales, e investigar la evolución convergente de sus asociaciones mutualistas.

El enfoque del estudio implicó la inclusión de representantes con y sin asociaciones mutualistas a nivel genérico y de grupos de especies, buscando un muestreo taxonómico representativo de la diversidad de Lomechusini. Para cada caso, se seleccionó el género o la especie tipo representante de cada grupo. Los datos moleculares se obtuvieron a partir de los datos encontrados en el Genbank y a través de la extracción y secuenciación de material disponible. Los análisis filogenéticos incluyeron nueve fragmentos de genes, 6 mitocondriales y 3 nucleares y se emplearon diferentes métodos filogenéticos para reconstruir la historia evolutiva del grupo. Adicionalmente se realizó un análisis de coalescencia en para evaluar el nivel de discordancia entre los árboles de genes.

Como resultados preliminares, hemos adicionado 17 taxa a los análisis filogenéticos previos, 15 de ellos hacen parte de los "falsos Lomechusini", los cuales son consistentes con los caracteres morfológicos observados. Nuestros análisis filogenéticos a partir de una aproximación de maximum likelihood soportan la hipótesis de los "falsos Lomechusini" como un clado dentro de Athetini. Adicionalmente, también recuperamos algunos de los clados encontrados en los análisis previos. Por último, discutimos las posibles causas de los resultados discordantes entre los diferentes métodos empleados. En nuestras próximas etapas, se pretende ampliar los análisis, no sólo con datos moleculares, sino también incorporando información de datos morfológicos. Asimismo, complementaremos los estudios evolutivos examinando los caracteres que puedan indicar posibles convergencias entre los grupos con asociaciones mutualistas y se evaluarán las presiones de selección como una posible explicación para la evolución convergente de múltiples rasgos relacionados con estas asociaciones.

Cuando las apariencias engañan las herramientas filogenéticas nos ayudan a entender la diversidad de especies crípticas de planarias terrestres

Lisandro Negrete^{1,2}; Agustina Zivano¹; Marina Lenguas Francavilla¹; Cristina Damborenea^{1,2}; Francisco Brusa^{1,2}

¹División Zoología Invertebrados - Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

El género *Choeradoplana* incluye 24 especies de planarias terrestres (Platyhelminthes: Tricladida: Geoplanidae) que, a excepción de dos especies, han sido registradas en remanentes de la Mata Atlántica (Brasil). De las restantes dos especies, *Ch. crassiphalla* fue hallada en la Selva Paranaense (Misiones) mientras que *Ch. langi* posee registros, aunque dudosos, en Argentina (Buenos Aires), Paraguay y Brasil.

La característica más notable de las especies de este género es la tendencia, cuando están activas, a enrollar la extremidad cefálica hacia atrás. Este comportamiento es realizado por la contracción de una musculatura retractora cefálica cuya morfología posee importancia sistemática a nivel genérico.

En los últimos años, el uso de marcadores moleculares ha permitido, junto con la reevaluación de ciertos caracteres morfológicos, la identificación de especies crípticas de *Choeradoplana* (entre otros géneros), cuyas diferencias anatómicas sutiles eran asumidas como plasticidad fenotípica.

En la presente contribución, se describe una especie de *Choeradoplana* hallada en ambientes de selva marginal de la provincia de Buenos Aires. Los ejemplares recolectados fueron observados y fotografiados vivos en el campo, y en laboratorio fijados en formol 10% y conservados en etanol 70%. Los mismos fueron deshidratados e incluidos en Paraplast. Posteriormente fueron cortados (con micrótopo de manera seriada a 6–8 µm de espesor) transversal y sagitalmente. Los preparados histológicos, teñidos con tricrómico de Masson, fueron observados con microscopio óptico y se llevó a cabo la reconstrucción del aparato copulador a partir de cortes sagitales. De algunos ejemplares se fijó una porción de tejido en etanol 100% para estudios moleculares. Se llevó a cabo la extracción de ADN, la amplificación de una porción del gen mitocondrial COI y su posterior secuenciación. Se obtuvieron dos secuencias de la especie a estudiar, las cuales fueron comparadas con 25 secuencias pertenecientes a ocho especies de *Choeradoplana* y 9 secuencias de otros géneros de Geoplanidae. Las secuencias fueron alineadas con MAFFT, calculándose la distancia genética media dentro y entre las especies mencionadas con MEGA-X. Se obtuvieron árboles filogenéticos a partir de los análisis de Inferencia Bayesiana (IB) y Máxima Verosimilitud (MV). Adicionalmente, se analizaron delimitadores de especies: mPTP (basado en árboles de IB y MV) y ASAP (basado en el alineamiento).

El patrón de pigmentación del dorso de la especie estudiada posee una banda mediana de color amarillento, atravesada longitudinalmente por una hilera mediana negra, dos bandas laterales amarillentas sobre las cuales se esparcen pequeñas manchas negruzcas dando un aspecto jaspeado, dos hileras para-marginales negras (formadas por la acumulación de dichas manchas) y dos bandas

marginales amarillentas. Este patrón se asemeja al de otras tres especies del género: *Ch. langi*, *Ch. minima* y *Ch. gladismariae*. Asimismo, la anatomía interna es semejante a la de *Ch. gladismariae*, principalmente debido a la presencia de una capa muscular cutánea longitudinal cuyos paquetes musculares están duplicados tanto dorsal como ventralmente, una vesícula prostática cuyas paredes plegadas dan la apariencia de un fuelle, y la ausencia de papila peneana. Es por ello que ambas especies pueden ser consideradas crípticas. Sin embargo, la especie aquí descrita se diferencia de *Ch. gladismariae* por sutiles detalles anatómicos e histológicos, lo que indica que morfológicamente son especies distintas. Las reconstrucciones filogenéticas (IB y MV) basadas en secuencias del gen COI no sólo soportan la inclusión de la especie aquí descrita en el género *Choeradoplana* sino que también muestran una estrecha relación con *Ch. gladismariae*, aunque diferenciándolas, todo ello reflejando la gran semejanza morfológica entre ambas especies. Los delimitadores (mPTP y ASAP) son congruentes con la morfología y la inferencia filogenética. Estos resultados refuerzan la utilidad de múltiples fuentes de información y análisis de datos en la descripción de la diversidad de especies.

Patrones de distribución de las gramíneas nativas del Cono Sur: un análisis de Diversidad Filogenética

M. A. Scataglini¹; D. L. Salariato¹; J. M. Acosta¹; S. S. Denham²; C. Delfini¹; L. Agesen¹

¹Instituto de Botánica Darwinion, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IBODA, CONICET). Labardén 200, San Isidro.

²Laboratorio de Investigaciones en Biotecnología Sustentable, Departamento de Ciencia y Técnica, UNQ.

Con el fin de estimar los patrones de distribución de la diversidad de las gramíneas nativas del cono sur de Sudamérica, calculamos índices estadísticos de diversidad filogenética. Para ello, compilamos dos fuentes de datos: por un lado extrajimos de GBIF y la base de datos del IBODA “Documenta Florae Australis” (DFA), las ocurrencias de las especies nativas de pastos del cono sur y las registramos con QGIS en una grilla de celdas de 100 x 100 km; por otro lado, confeccionamos una filogenia molecular de 150 géneros, muestreando 99% del total de géneros de Poaceae con linajes nativos en cono sur. Combinamos ambas fuentes de datos en un análisis de filogenia espacial, realizado con el programa Biodiverse.

Los resultados mostraron que la diversidad filogenética de los pastos, al igual que su riqueza taxonómica, siguió el gradiente latitudinal general, siendo más alta en las regiones tropicales húmedas, asociada fundamentalmente a tres regiones: los pastizales de altura entre las Yungas y la Puna, el Chaco Húmedo y la Mata Atlántica. Estas regiones albergan un mosaico de hábitats de bosques y sabanas tropicales, similares a aquellos que jugaron un papel importante en la historia temprana de diversificación de los pastos. La alta diversidad filogenética que se encuentra en estos hábitats, que requieren poca o ninguna evolución del nicho original de los pastos, sugiere que el conservadurismo de nicho domina el patrón de diversidad filogenética de Poaceae en el cono sur.

A su vez, tanto la riqueza como la diversidad filogenética disminuyeron con el aumento de la aridez, particularmente en el Chaco Árido, sur de la Estepa Patagónica y zonas de la Sabana Uruguaya, regiones en donde la diversidad filogenética se volvió significativamente baja. Estos valores significativamente bajos indican que en estas tres zonas se encuentra menos historia evolutiva regional de lo esperado por azar y sugieren la presencia de un “filtrado ecológico”, probablemente causado por condiciones que requieren una cierta cantidad de evolución de caracteres para sobrevivir en dichos hábitats. Es así que, en dichas regiones, encontramos una flora filogenéticamente poco diversa, formada casi exclusivamente por miembros de la subfamilia Pooideae en la Estepa Patagónica y de Chloridoideae y Panicoideae en el Chaco Árido.

Los resultados de diversidad filogenética combinados con índices significativos de diversidad filogenética relativa, permiten obtener una visión más detallada del patrón de distribución espacio-temporal. En la Sabana Uruguaya encontramos valores significativamente bajos de diversidad filogenética relativa, lo que indicaría que la diversificación reciente ha jugado un papel importante en el patrón de distribución de gramíneas; mientras que, a lo largo de los límites de la Estepa Patagónica, los valores de diversidad filogenética relativa son significativamente altos, indicando que la flora herbácea estaría formada por taxones relativamente más antiguos y/o taxonómicamente aislados.

Un análisis de agrupamiento de similitud de áreas en cuanto a diversidad filogenética, mostró dos grupos bien diferenciados: por un lado, la Cordillera de los Andes y la Estepa Patagónica y por otro el resto del Cono Sur. Estas dos áreas coinciden con las tradicionales divisiones biogeográficas entre el Dominio Neotropical y el Dominio Andino-Patagónico.

Delimitando el complejo *Viola cotyledon* (secc. *Sempervivum*, subg. *Neoandinium*, Violaceae) y sus especies.

Marcela Viviana Nicola¹; Diego Leonel Salariato¹; María Amalia Scataglini¹

¹Instituto de Botánica Darwinion (IBODA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Academia Nacional de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (CONICET-ANCEFN), San Isidro, Buenos Aires, Argentina.

Contacto: mnicola@darwin.edu.ar

El género de plantas *Viola* L. (Violaceae) actualmente incluye 670 especies y se divide en dos subgéneros: el subgénero cosmopolita *Viola*, y el subgénero sudamericano *Neoandinium* Marcussen, Nicola, Danihelka, H.E. Ballard, A.R. Flores & J.M. Watson. Éste último comprende 140 especies distribuidas en 11 secciones que se corresponden con el mayor vacío de conocimiento en cuanto a anatomía, biología floral, conteos cromosómicos, diversidad, registro fósil y relaciones evolutivas. Dentro del subg. *Neoandinium*, la secc. *Sempervivum* J.M. Watson & A.R. Flores comprende un total de 30 especies. Algunos de estos taxa son difíciles de identificar debido a la similitud de sus rasgos reproductivos y, sobre todo, vegetativos. Dentro de esta sección, J.M. Watson y colaboradores en 2018 definieron una alianza infra-seccional según taxonomía alfa, que incluye 6 especies

vegetativamente similares y con flores con color de base blanco. Este trabajo tiene como objetivo delimitar y reconstruir la historia evolutiva de las especies y de grupos de especies dentro de la secc. *Sempervivum*. Para ello, se analizaron caracteres morfológicos (e.g. ciclo de vida, crecimiento del tallo, filotaxis, forma, ápice, márgenes, base, pilosidad y consistencia de las hojas, color de la flor, largo del espolón, largo, ancho y pilosidad de pétalos, forma de la cresta estilar) mediante análisis estadísticos multivariados, y caracteres moleculares (secuencias de la región ITS del ADN ribosomal del núcleo y de la región intergénica *trnL-trnF* del ADN del cloroplasto) mediante análisis filogenéticos basados en inferencia bayesiana y parsimonia. Los resultados preliminares de los análisis filogenéticos mostraron, por un lado, que dentro de la secc. *Sempervivum*, especies con flores completamente amarillas y otras con flores completamente violetas se agruparon en un clado de máximo soporte con las especies previamente definidas para la alianza infra-seccional con flores con color de base blanco. El color de la flor constituiría un carácter homoplásico y por ende no adecuado para la definición y estudio de esta alianza como grupo natural. De acuerdo a esto, esta alianza de aquí en adelante denominada complejo *Viola cotyledon*, debería incluir a 23 especies (5 posiblemente extintas) vegetativamente similares de la secc. *Sempervivum* que se caracterizan por compartir el siguiente conjunto de caracteres: plantas perennes, rizomatosas, con hojas densamente imbricadas formando rosetas, láminas más o menos espatuladas, apiculadas, con márgenes enteros, glabras y rígidas. Por otro lado, los resultados preliminares mostraron que la región ITS, que ha sido extensamente usada en otros estudios en *Viola*, es útil para delimitar grupos supra-específicos, pero no sería útil para delimitar a las especies dentro del complejo *V. cotyledon*. En cambio, el espaciador intergénico *trnL-trnF* ha mostrado ser un locus variable en otros estudios en el género y sería útil para resolver las relaciones inter-específicas dentro de este complejo.

Aportes al estudio del sistema Cactus-Levadura-*Drosophila* en Sudamérica: análisis de la distribución de *Drosophila koepferae* en el presente y pasado

María Belén Fasanelli^{1,2,3}; María Pía Pacheco^{1,2,3}; Eduardo María Soto^{1,2,3}

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

³Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Buenos Aires (FCEyN-UBA).

El sistema Cactus-Levadura-*Drosophila* es uno de los modelos más complejos e interesantes en biología evolutiva. En particular, nos interesa estudiar a la especie cactófila *Drosophila koepferae* (cluster *buzzatii*) que es endémica de Sudamérica (principalmente de regiones áridas y semiáridas del noroeste de Argentina y Bolivia). Esta especie es saprofitófaga, se alimenta y cría en tejidos de cactus en descomposición, y presenta una alta preferencia por los cactus columnares de la especie *Trichocereus terscheckii*. En estos tejidos necróticos se albergan diversos microorganismos, entre ellos levaduras, que proporcionan un microambiente particular dentro de estas cavidades. Debido a

esta especificidad en la elección del recurso, y que depende de los microorganismos que habitan en los cactus, este sistema representa un ejemplo de coevolución entre los tres actores.

Se propuso como objetivo general aportar nuevos elementos a la reconstrucción de la historia biogeográfica evolutiva de *D. koepferae*. Para ello, se ha modelado su distribución potencial en el presente tomando como factores condicionantes diferentes variables explicatorias ecológicas, tanto climáticas (datos ambientales obtenidos de PaleoClim y CHELSA de los últimos 30 años) como biológicas (distribución actual de *T. terscheckii*). Además, al modelar la distribución de *D. koepferae* al presente, también se consideró el escenario en el que sólo se usan como variables explicatorias las climáticas, sin añadir ninguna variable biológica. Esto último se realizó para analizar si existe alguna diferencia en la distribución resultante al sumarle la distribución de *T. terscheckii*. Por último, definiendo la distribución en el presente y habiendo definido de qué manera las variables ambientales usadas en el modelado la restringen, se ha extrapolado esta distribución a diferentes períodos temporales del pasado (último interglaciar -UIG, hace 130.000 años- y último máximo glacial -UMG, hace 21.000 años-).

Se pudo observar que la distribución potencial actual de *D. koepferae* es más restringida cuando se considera en su modelado a la distribución de su cactus preferido, *T. terscheckii*. Por otro lado, las distribuciones a tiempos pasados son más amplias que las actuales, pero la distribución potencial de *D. koepferae* en el UMG es más restringida que en el UIG. Encontramos un correlato con los ambientes hipotetizados para el UMG y UIG en Sudamérica, en donde los ambientes habrían sido más áridos y fríos que los actuales en el noroeste argentino para el UMG y más cálidos y húmedos para el UIG. Esto permite pensar que las condiciones en estas regiones en el UMG no eran propicias para que esta especie tenga una distribución extendida en el continente. A su vez, dicho resultado puede deberse a la combinación particular entre las variables climáticas y biológicas.

En conclusión, este estudio permite considerar que la distribución geográfica potencial de una especie no sólo está determinada por las variables climáticas que operan en ese territorio, sino también está fuertemente condicionada por las relaciones interespecíficas que presenta la misma. Conocer los cambios en su distribución a través del tiempo abre nuevos interrogantes sobre las causas de estos resultados y de qué manera se relaciona esto con la evolución del sistema Cactus-Levadura-*Drosophila*.

Reconstrucción de las distribuciones de las arañas del género *Philisca* en la Patagonia durante los últimos 130.000 años

M.P. Pacheco¹; M.J. Ramírez²; E.M. Soto¹

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB – CONICET). Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.

²División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Av. Angel Gallardo 470 (C1405DJR), Buenos Aires, Argentina.

Durante los últimos millones de años, las glaciaciones y el cambio climático asociado a estas, el vulcanismo y las introgresiones marinas, han alterado drásticamente la geografía y la biodiversidad de la Patagonia. Los numerosos avances y retrocesos de los glaciares durante el Pleistoceno, como por ejemplo el Último Máximo Glacial (LGM; 21000 años atrás) y el Último Período Interglacial (LIG, 130000 años atrás) modificaron en gran medida el paisaje de la región. Trabajos anteriores han establecido la localización de refugios glaciales para la Patagonia en vertebrados y plantas vasculares, algunos de los cuales se encuentran en el bosque Valdiviano. La definición de estos refugios climáticos durante los períodos adversos resulta de gran interés debido a que los mismos resultaron fundamentales para la supervivencia de diversos taxones.

En esta región cambiante, diversificaron en los 18 últimos millones de años las arañas del género *Philisca*. Las especies que conforman el género habitan en la región del bosque Valdiviano en Argentina y Chile, así como en la Isla Robinson Crusoe del archipiélago Juan Fernández. Entre las especies continentales del género *Philisca* se destacan *P. accentifera*, *P. atrata* y *P. huapi*, caracterizadas por los quelíceros modificados de los machos. El objetivo de este trabajo es reconstruir la paleo distribución de estas tres especies del género *Philisca*, para el LGM y LIG mediante el modelado de distribuciones potenciales generado por diversos algoritmos.

Se realizó una búsqueda de todos los registros de ocurrencias de las tres especies, siendo todos estos datos pertenecientes a las colecciones del Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” (MACN), de la *California Academy of Science* (CASENT) y del *American Museum of Natural History* (AMNH). Adicionalmente se sumaron los registros de colectas realizadas por los autores en el período 2021-2023. Las variables climáticas referidas a humedad y temperatura utilizadas para la construcción de los modelos de distribución del presente se obtuvieron del repositorio CHELSA 2.0. Se construyeron los modelos para cada especie mediante el uso combinado de diversos algoritmos: máxima entropía, *random forest*, *support vector machine*, GLM y GAM. Se realizó para cada especie un ensamble de los modelos generados por los diversos algoritmos. Finalmente, se extrapolaron los modelos obtenidos de la actualidad hacia el pasado (último máximo glacial y el último período interglacial) utilizando las mismas variables climáticas pero con las reconstrucciones disponibles en el repositorio PaleoClim.

Se observa que las distribuciones de las tres especies durante el último período interglacial son similares a sus respectivas distribuciones en el presente, aunque levemente más amplias. Sin embargo, durante el último máximo glacial se observa una fuerte restricción de las distribuciones potenciales para las tres especies, siendo esta restricción particularmente marcada en el caso de *P.*

huapi, la especie que en la actualidad presenta una distribución más restringida que las otras especies analizadas. Las reconstrucciones realizadas para las tres especies muestran coincidencia con un refugio de tierras bajas definido para plantas vasculares y vertebrados. Además, las reconstrucciones de *P. accentifera* y *P. atrata* incluyen una zona caracterizada como refugio periférico (en base a estudios con plantas vasculares y vertebrados) y otra zona caracterizada como refugio de valle (en base a estudios con plantas vasculares).

De esta manera, nuestros resultados parecen evidenciar que las especies estudiadas pudieron haber experimentado períodos de fluctuación de sus rangos de distribución a lo largo de su evolución en estos últimos 130000 años. A futuro esperamos poder mediante análisis genético poblacionales, estudiar la presencia de señales que permitan corroborar la existencia de estos refugios para las especies de *Philisca* estudiadas.

Diversificación en altura: historia evolutiva de carábidos endémicos de América del Sur austral

Mariana Griotti¹; Melisa Olave^{1,2}; Paula Cornejo³; Diego Miras¹; F. Sara Ceccarelli⁴; Sergio Roig-Juñent¹

¹Laboratorio de Entomología. Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas (IADIZA), CCT-Mendoza, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

³Laboratorio Molecular del IADIZA, IADIZA, CCT-Mendoza, Argentina.

⁴Departamento de Biología de la Conservación, CONACYT-Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Carr Tijuana-Ensenada 3918, 22860 Ensenada, B.C., México.

Contacto: jgualdron@mendoza-conicet.gob.ar

Los géneros *Baripus* (31 especies y tres subgéneros) y *Cnemalobus* (39 especies) son coleópteros endémicos del sur de América del Sur (Chile, Argentina y Brasil) que habitan ambientes de vegetación abierta, principalmente pastizales, tanto de altura como de tierras bajas. La mayor diversidad de ambos géneros se encuentra en la Estepa Patagónica, en donde las especies muestran patrones de distribución relacionados con la latitud y altitud. En latitudes más australes (54°S a ~40°S, desde Tierra del Fuego a Mendoza), la mayoría de las especies habita estepas bajas, mientras que, en latitudes más septentrionales, en la Payunia (35°S a 39°S, Neuquén y Mendoza), existen otras especies endémicas de estepas altas de los sistemas montañosos extra-andinos. Estos sistemas extra-andinos (SMEA) están conformados por más de 800 volcanes formados en los últimos 5 mya. La Payunia posee una biota endémica que refleja una compleja historia geoclimática, la cual comprende una intensa actividad volcánica reciente y la histórica influencia de las glaciaciones ocurridas entre los 7-5 mya y los últimos 21 kya. En este trabajo, nos preguntamos cómo *Baripus* y *Cnemalobus* pudieron haber diversificado en el sur de Sudamérica, y cuáles habrían sido los eventos históricos que influyeron en la diversificación de las especies de montaña. En el caso de *Baripus*, presentamos resultados preliminares de la estimación del marco temporal de su diversificación a partir de datos morfológicos y moleculares, usando información fósil y tasas de sustitución nucleotídicas para el

análisis de calibración temporal. En *Cnemalobus* presentamos su filogenia morfológica actualizada que incluye a cuatro especies de los SMEA recientemente descritas. En base a nuestros resultados, las especies de ambos géneros que habitan los SMEA conforman grupos monofiléticos. El género *Baripus* se originó probablemente a fines del Oligoceno, hace 27 mya. El análisis biogeográfico muestra que un evento vicariante separó la población ancestral en dos linajes a ambos lados de los Andes: un linaje occidental (Chile Central, clado *Arathymus*) y en uno oriental (Estepa Patagónica, clado *Cardiophthalmus*). Este último probablemente se originó y diversificó en los últimos 14 mya. Las especies de los SMEA pertenecen al clado *Cardiophthalmus*. El área ancestral de este linaje pudo haber sido las tierras bajas de la Estepa Patagónica, y por medio de dispersiones hacia tierras altas en los SMEA, este clado diversificó en los últimos 4 mya. Estos eventos de efecto fundador coinciden espacial y temporalmente con los ciclos de glaciaciones del Plio-Pleistoceno. Desde la Patagonia ocurrieron dispersiones hacia la provincia biogeográfica de la Pampa (clado *Baripus*), en donde este linaje diversificó y colonizó otras áreas montañosas hace unos ~10 mya. Estos eventos de efecto fundador, los cuales habrían ocurrido posterior al levantamiento de los Andes, coinciden con la expansión de praderas y estepas a gran escala que ocurrió en Sudamérica hace unos 9 mya. Por otro lado, los resultados en *Cnemalobus* muestran que eventos vicariantes ocurrieron con mayor frecuencia en su diversificación, estimándose el Arco Peripampásico como su rango geográfico ancestral. En el caso de los linajes de los SMEA, un evento vicariante separó el clado de las especies de tierras altas del de las especies de tierras bajas. La diversificación de las especies de montaña habría ocurrido por barreras climáticas y no geográficas. Los patrones de diversificación encontrados en este estudio muestran congruencia espacio-temporal con otros taxa sudamericanos, lo que nos lleva a proponer la hipótesis de una historia evolutiva en común entre la biota endémica del sur de Sudamérica, en particular de la región volcánica de La Payunia.

Estudio filogenético y delimitación de especies utilizando datos moleculares y morfológicos en planarias dulceacuícolas del género *Girardia* (Platyhelminthes: Tricladida: DugesIIDae) en Argentina

M. Lengua Francavilla¹; L. Negrete^{1,2}; A. Martínez-Aquino³; C. Damborenea^{1,2}; F. Brusa^{1,2}

¹División Zoología Invertebrados, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

³Facultad de Ciencias, UABC, Ensenada, México.

La diversidad de planarias dulceacuícolas (Platyhelminthes: Tricladida: DugesIIDae) en la región Neotropical es considerada baja y la mayoría de las especies pertenecen al género *Girardia* Ball, 1974. De las 60 especies válidas del género, en Argentina se han registrado nueve distribuidas desde Tucumán hasta Río Negro: *G. andina*, *G. chilla*, *G. capacivasa*, *G. festae*, *G. jugosa*, *G. anceps*, *G. bonaerensis*, *G. somuncura* y *G. tomasi*. A la fecha, los estudios realizados en Argentina son puntuales, principalmente descripciones de especies a partir de caracteres morfológicos, y conociéndose datos moleculares y morfológicos para *G. somuncura* y *G. tomasi*. Esto sugiere que la

diversidad del género en Argentina está subestimada. El objetivo de esta contribución es aportar al conocimiento de los triclados continentales en Argentina, usando información morfológica y molecular para la delimitación de especies y realizar análisis filogenéticos para enmarcar estas especies en un contexto global. Se estudiaron 65 ejemplares provenientes de 27 localidades distribuidas en tres cuencas hidrográficas de la provincia de Buenos Aires. De cada ejemplar se realizaron cortes histológicos sagitales seriados, los cuales fueron observados bajo microscopio óptico para realizar la identificación morfológica basada principalmente en caracteres del aparato copulador hermafrodita, obteniéndose un total de 7 especies. Además, se obtuvo el gen mitocondrial Citocromo oxidasa I (COI) para realizar análisis filogenéticos de Inferencia Bayesiana (IB) y Máxima Verosimilitud (MV). La matriz de datos incluyó las secuencias de las 7 especies identificadas, así como también secuencias de otras especies del género *Girardia* y géneros relacionados disponibles en GenBank. Se calcularon las distancias genéticas intra e intraespecíficas del género y se utilizaron métodos de delimitación de especies (ABGD, ASAP y bPTP) para los ejemplares de Argentina. Se realizaron redes de haplotipos para describir el número de haplotipos y la estructura genética de las poblaciones bonaerenses. Los resultados obtenidos a partir de análisis filogenéticos apoyan la monofilia del género *Girardia* [(Out Group ((*G. schubarti* (*G. multidiverculata* + Clado 2) (*G. tomasi* (*G. somuncura* (*G. sinensis* (*G. dorotocephala* (*G. tigrina* + Clado 1)))))))] y recuperan a las especies bonaerenses en dos linajes monofiléticos (Clado 1 y Clado 2), sin suficiente resolución interna. El resultado del contraste de los métodos morfológicos y moleculares no es coincidente ya que las 7 especies morfológicas no se recuperan como monofiléticas quedando 3 de ellas dentro del Clado 1 y 4 dentro del Clado 2. Las distancias genéticas intraespecíficas variaron entre 3,84% en *G. schubarti* y 0,09% en *G. tomasi*. La variación dentro del Clado 1 y el Clado 2 fue 0,5% y 0,22% respectivamente. La distancia interespecífica varió entre 29% entre *G. schubarti* y el resto de las especies, y 9,18% entre *G. tigrina* y *G. dorotocephala*. El valor de distancia genética entre los clados 1 y 2 fue de 15,2%. Los análisis de delimitación recuperan los clados 1 y 2 así como también *G. tomasi* y *G. somuncura* como clados por fuera de los anteriores. El análisis de redes de haplotipos reveló 18 haplotipos dentro del Clado 1 y siete dentro del Clado 2, distribuidos en las tres cuencas estudiadas y separados entre ellos con un mínimo de un cambio y un máximo de ocho. Este trabajo contribuye al conocimiento de las planarias dulceacuícolas del género *Girardia* en Argentina integrando caracteres moleculares y morfológicos, siendo el segundo estudio en el país basado en los mismos, lo que representa un gran aporte y es un punto de partida para continuar el estudio en otras regiones del país aún no exploradas. Además, a escala global, aporta al conocimiento del grupo en su área de distribución natural más austral, lo que permitirá nuevas contribuciones en diversos estudios futuros.

Análisis filogenético en Calliphoridae (Diptera) basado en secuencias moleculares y morfológicas

L.B. Salanitra^{1,2}; M.G. Chirino^{1,2}

¹Laboratorio de Entomología Aplicada y Forense, Departamento de Ciencia y Tecnología, UNQ. Bernal, Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Contacto: Lu-Salanitra@hotmail.com

Las relaciones filogenéticas entre las subfamilias de Calliphoridae han sido revisadas varias veces y sus posiciones sistemáticas han variado según diferentes criterios basados en caracteres morfológicos y moleculares, por lo que la monofilia de algunos grupos conflictivos como Toxotarsinae no ha podido ser confirmada.

El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis filogenético entre representantes de las subfamilias de Calliphoridae presentes en Argentina, analizando secuencias parciales de ADN mitocondrial de la citocromo oxidasa I y II (ADNm-COI y II), la subunidad ribosomal 16S y la región 5,8S-ITS-28S, como también una matriz de 36 caracteres morfológicos, conformado por 30 caracteres de ejemplares adultos, 1 de pupa y 5 de larvas. Usando todos los caracteres moleculares y morfológicos se conformó el grupo interno con 33 especies: particularmente, seis especies de Calliphorinae (*Calliphora vicina*, *C. lopesi*, *C. nigribasis*, *C. alaskensis*, *C. loewi* y *C. subalpina*), dos especies de Toxotarsinae (*Sarconesia chlorogaster* y *S. magellanica*), once especies de Crysominae (*Paralucilia pseudolyrcea*, *P. fulvitona*, *P. adespota*, *Cochliomyia macellaria*, *C. hominivorax*, *C. raldrichi*, *Chrysomya megacephala*, *C. putitoria*, *C. albiceps* y *C. rufifacies*) y catorce especies de Lucinae (*Lucilia sericata*, *L. cuprina*, *L. china*, *L. magnicornis*, *L. purpurescens*, *L. ochricornis*, *L. eximia*, *L. cluvia*, *L. vulgata*, *L. coeruleiviridis*, *L. mexicana*, *L. pulverulenta*, *L. rognesi* y *L. illustris*). El grupo externo quedó conformado por *Musca domestica*, *Muscina stabulans* (Musidae) y *Sarcophaga crassipalpis* (Sarcophagidae).

Se construyó un árbol filogenético conformado por 4 secuencias moleculares (COI y II, la subunidad ribosomal 16S y la región 5,8S-ITS-28S) y una matriz morfológica de 36 caracteres. Las secuencias se obtuvieron de Boldsystem y fueron alineadas con ClustalW implementado por MEGA. El análisis filogenético se llevó a cabo con el programa Iqtree bajo el criterio de máxima verosimilitud con modelos particionados para cada marcador (GTR+F+I+R2:COI;TPM3u+F+G4:5,8S-ITS-28S; TIM2+F+G4:COII; HKY+F+G4:16S; MK+G4: Morfológica) con un *bootstrap* de 1000 pseudoréplicas.

El árbol obtenido (Ln = -8671.2931) pudo resolver la filogenia de la familia Calliphoridae, confirmando la monofilia de las cuatro subfamilias estudiadas. Además se confirmó a Calliphorinae como grupo hermano de Lucinae, y el grupo Lucinae y Calliphorinae como grupo hermano de Toxotarsinae, siendo Crysominae el grupo basal. La monofilia de las 4 subfamilias fueron resueltas con altos valores de retención (> 80). A partir de estos resultados preliminares, se destaca la importancia de usar tanto marcadores moleculares de herencia biparental como también una matriz morfológica para ayudar a resolver relaciones filogenéticas de grupos conflictivos como Calliphoridae y de incorporar más representantes de todas las subfamilias que componen este taxón.

Descifrando una historia coevolutiva: relaciones filogenéticas de los ácaros *Laelaps* asociados con roedores Sigmodontinae (Cricetidae) y Murinae (Muridae)

Mario Espinoza-Carniglia¹; Ekaterina Savchenko¹; Ulyses F. J. Pardiñas^{2,3}; Marcela Lareschi¹

¹Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE, CONICET-UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

³Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO), Quito, Ecuador.

Laelaps (Mesostigmata: Laelapidae) es un género de ácaros que incluye especies ampliamente distribuidas, que parasitan una diversa variedad de pequeños roedores de las familias Cricetidae y Muridae. Estudios recientes han descrito nuevas especies asociadas con roedores de la subfamilia Sigmodontinae (Cricetidae), basándose en datos moleculares y morfológicos. Sin embargo, las relaciones filogenéticas entre las especies de *Laelaps* de *Calomys* (Sigmodontinae: Phyllotini) y de otros sigmodontinos aún no han sido exploradas. El objetivo de este estudio fue analizar las relaciones filogenéticas entre las especies de *Laelaps* asociadas con roedores Murinae y Sigmodontinae, para determinar si comparten una historia evolutiva común con sus respectivos hospedadores. Se examinaron secuencias de ADN de la región nuclear 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S de especies de *Laelaps* recolectadas de Sigmodontinae (tribus Akodontini, Oryzomyini y Phyllotini) y Murinae (tribus Arvicanthini, Praomyini y Rattini). Se utilizó una secuencia de *Androlaelaps marshalli* como grupo externo. La edición y alineación de secuencias se realizaron utilizando CodonCode Aligner, y los datos resultantes se utilizaron para construir un árbol filogenético utilizando MrBayes 3.2.7 en la plataforma CIPRES. El árbol final fue visualizado mediante FigTree v.1.4.4. Para calcular las diferencias genéticas se utilizó el programa MEGA. El análisis reveló tres clados de ácaros *Laelaps* con alto soporte. Un clado basal agrupó especies de *Laelaps* asociadas exclusivamente con Murinae. Otro clado consistió en *Laelaps mazzai* asociado con *Calomys* (Phyllotini); y el tercer clado incluyó especies de *Laelaps* encontradas en *Oligoryzomys* (Oryzomyini) y *Scapteromys* (Akodontini). Las distancias genéticas entre *L. mazzai* y aquellos *Laelaps* encontrados en Oryzomyini y Akodontini fueron aproximadamente del 8 al 9%, mientras que variaron del 13 al 17% en comparación con las especies de *Laelaps* de Murinae. Las evidencias obtenidas son robustas y reflejan una divergencia significativa entre los ácaros asociados con las dos subfamilias de roedores examinadas. Estos hallazgos sugieren una antigua historia coevolutiva entre *Laelaps* y sus subfamilias o familias hospedadoras. En conclusión, este estudio proporciona una panorámica inicial sobre la historia filogenética del género *Laelaps* asociado con pequeños roedores.

La evolución de las sedas pegajosas de las arañas se corresponde con eventos de diversificación de insectos voladores

Martin J. Ramirez¹; Jonas O. Wolff²; Peter Michalik².

¹Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Zoological Institute and Museum, University of Greifswald, Germany.

Las novedades evolutivas pueden conducir a importantes cambios en la composición de la fauna que remodelan las comunidades ecológicas, pero la forma en que se corresponden en patrones de diversificación interactivos entre dos grupos faunísticos (por ejemplo, depredadores y presas) rara vez se ha demostrado en la escala macroevolutiva. Las arañas han desarrollado un método único para capturar a sus presas mediante el uso de seda. Esta innovación clave ha desempeñado un papel importante en el éxito ecológico de este grupo megadiverso de artrópodos. La mayoría de las arañas son generalistas y se alimentan de una variedad de presas, dominadas por insectos holometábolos. La seda utilizada en la captura de presas sirve para extender el rango sensorial de la araña e interceptar e inmovilizar presas potenciales. La retención de presas es posible solo mediante tipos especiales de seda adhesiva y generalmente se utilizan en combinación con fibras no pegajosas (más rígidas). Estos hilos adhesivos pueden ser secos, compuestos de miles de nanofibras, o viscosos, con gotas de pegamento. En este trabajo categorizamos la ocurrencia y tipo de seda pegajosa en un amplio muestreo de todos los linajes de arañas, y trazamos su evolución en una filogenia datada de 863 especies, basada en análisis publicados utilizando marcadores genómicos y seis marcadores genéticos tradicionales. El análisis de estados ancestrales sobre esta filogenia indica que la seda pegajosa seca se originó con las arañas verdaderas (Araneomorphae) hace unos 300 millones de años (mya), coincidiendo con el inicio de la diversificación de insectos voladores. La seda viscosa se adquirió dos veces de forma independiente, con resultados notablemente similares, a partir de linajes que perdieron la seda pegajosa seca. Uno de estos eventos ocurrió hace unos 200 mya en un antepasado de las Araneoidea, basado en un nuevo tipo de glándula (agregada), y el otro en la ampliación y modificación de las glándulas piriformes en arañas de patas largas y grupos relacionados (Synspermiata), hace unos 230 mya. La evolución de la seda viscosa es una innovación clave, responsable del éxito ecológico de las arañas tejedoras. Ambos orígenes en el Triásico coinciden con la diversificación de varios grupos holometábolos, como lepidópteros e himenópteros apócritos, que hoy constituyen gran parte de la dieta de las arañas tejedoras. Por último, la seda viscosa y especialmente la pegajosa seca se han perdido en múltiples ocasiones, especialmente en linajes que dejaron de construir telas de captura. Nuestro ejemplo ilustra el impacto de las novedades evolutivas en la evolución de linajes faunísticos prominentes, estrechamente acoplados en una relación ecológica a largo plazo, como es la de predador-presa.

Filogenia basada en evidencia total, evolución y primer registro del braquipterismo en el linaje Neotropical de la subtribu Philonthina (Coleoptera: Staphylinidae)

Maryzender Rodríguez-Melgarejo^{1,2}; José Ramirez-Salamanca^{1,3}; Mariana Chani-Posse^{1,4}

¹Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), CCT, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Mendoza, Parque General San Martín, s/n, 5500 Mendoza, Argentina.

²Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Jesús María, Lima 14, Perú.

³Programa de Posgrado en Biología (PROBIOL), Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

⁴Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

Philonthina es una de las subtribus más diversas de Staphylinidae, con 74 géneros y ~2864 especies descritas en el mundo. Entre ellos, 26 géneros son endémicos de la región Neotropical y se agrupan en un linaje Neotropical (LNP). Producto de los estudios que se vienen realizando sistemáticamente para entender el origen, evolución y distribución del LNP, y la examinación de material tipo y no tipo de las principales colecciones de museos de América y Europa, se identificaron dos series de ejemplares de Philonthina con las alas reducidas. Esta condición de braquipterismo no había sido reportada en el LNP hasta ahora. Es por ello que se proponen los siguientes objetivos: evaluar la posición filogenética de los dos nuevos taxones braquípteros y reconstruir la evolución del braquipterismo en el LNP. Para ello se construyeron dos matrices: una de caracteres morfológicos de 35 taxones terminales (representando 17 de los 26 géneros del LNP) con 66 caracteres y una matriz de caracteres moleculares con información de seis fragmentos de genes (28s, ArgK, COI, CAD, TP y Wg). Ambas matrices se analizaron de manera individual y luego de forma conjunta a través de Máxima Parsimonia (MP), inferencia Bayesiana (IB) y Máxima verosimilitud (MV). Los tres métodos filogenéticos (MP, IB y MV) recuperaron los dos nuevos géneros braquípteros en un clado junto con *Rhaegalius*, *Inesius* y *Atopocentrum*, siendo este último también braquíptero. Los cinco géneros comparten dos sinapomorfias exclusivas: protarsómeros en forma rectangular en los machos y esclerito genital en las hembras de forma alargada. Estos géneros se distribuyen en los bosques montanos de la cordillera de los Andes del Perú (Yungas peruanas), hábitats en donde la estabilidad ambiental, la altitud elevada y temperaturas bajas se relacionan con la ausencia de vuelo. La reconstrucción de la evolución del carácter alas da como resultado tres hipótesis, dos soportadas por IB y MV pero sin resolución en los nodos internos. Una tercera hipótesis es soportada por los tres métodos y resuelta en los nodos internos por MP. Las hipótesis se discuten en base a la ley de Dollo.

Enigma críptico: ¿cuántas especies incluye *Homonota whitii*?

N.L. Oporto¹; K.I. Sanchez²; L. Avila²; J.W. Jr. Sites³; M. Morando^{1,2}

¹Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Bv. Almirante Brown 3051, U9120ACD, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

²Grupo de Herpetología Patagónica, Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IPEEC-CONICET), Boulevard Almirante Brown 2915, Puerto Madryn, CT U9120ACD, Argentina.

³4380 Hammacksville Rd, Trenton, Kentucky 42286, USA.

Contacto: avilacnp@gmail.com

La unidad básica para medir biodiversidad es la especie y, por ello, una correcta delimitación es fundamental para su conservación. En algunas ocasiones, evaluar los límites entre las especies representa un gran desafío en grupos cuya morfología está altamente conservada y han sido poco estudiados. Un ejemplo de esto son los geckónidos pertenecientes al género *Homonota*, un grupo endémico de América del Sur. En este estudio nos centramos en el grupo de lagartos de hábitos nocturnos *Homonota whitii*, que incluye cuatro especies; *H. andicola* y *H. whitii*, con distribución restringida en áreas del centro-occidente en Argentina, *H. darwinii* presente en toda la Patagonia y *H. williamsii*, cuya presencia está restringida a Sa. de la Ventana. En un estudio anterior, utilizando el marcador mitocondrial citocromo-b y el método de delimitación de especies heurístico GMYC inferimos la existencia de 3 posibles nuevas especies (especies candidatas) dentro del grupo, relacionadas a *H. whitii*. En este trabajo pusimos a prueba esa hipótesis con 13 marcadores genéticos, 2 mitocondriales (Cytb y 12S) y 11 nucleares (19B, 30B, 32B, ACA4, DMXL, MFSD4, MXRA5, NKTR, PLRL, RBMX, SNCAIP) colectados de 51 individuos. Utilizamos el programa Bayesiano BPP que implementa métodos paramétricos. En primer lugar, estimamos el árbol de especies del grupo y luego, en una etapa ulterior, estimamos la probabilidad posterior para distintas hipótesis de delimitación. A partir de estos análisis en base a marcadores múltiples, distinguimos las 3 especies candidatas, hasta el momento asignadas taxonómicamente a *H. whitii*, con una probabilidad posterior elevada, siendo estos resultados consistentes con los precedentes. De este modo, reforzamos la hipótesis previa de la diversidad críptica presente en el grupo, dado que dentro de una misma especie nominal suponemos una divergencia de especies que son morfológicamente crípticas. Aun así, estas hipótesis deberán ser evaluadas por medio de información complementaria, por lo que seguiremos trabajando en este grupo incorporando análisis de caracteres morfológicos.

Biogeografía histórica del Clado Sudamericano de *Salvia* subgén. *Calosphace*. Una mirada a través de su filogenia y su nicho climático-altitudinal.

Santiago Castillo¹; Javier Nori²; Dana Aguilar¹; Juliana Izquierdo¹; Itzi Fragoso-Martínez³; Carlos Pinto⁴; Rolando Uría⁵; Santiago Benitez-Vieyra¹

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (Universidad Nacional de Córdoba – CONICET). CC 495 (X5000ZAA), Córdoba, Argentina.

²Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Córdoba, Argentina.

³Secretaría Académica, Flora de Veracruz, Instituto de Ecología A.C., Xalapa, Veracruz, México.

⁴Universidad Mayor Real Y Pontificia de San Francisco Xavier de Chuquisaca, Junin esq. Estudiantes # 692, Sucre, Bolivia.

⁵Salvias.com.ar. Vergara 3082, Mar del Plata, Argentina.

Contacto: santiagocastillo55@gmail.com

El clado Sudamericano de *Salvia* subgén. *Calosphace* comprende, según distintos trabajos previos, un grupo monofilético de más de 40 especies, que habitan principalmente los Andes tropicales y subtropicales de Perú, Bolivia y Argentina y zonas bajas del este sudamericano como la Mata Atlántica, el Cerrado y el Chaco. El origen común de sus especies y la multiplicidad de ambientes que habitan en la actualidad, convierten a la radiación del clado Sudamericano en un interesante modelo de estudio al cual abarcar en el contexto de eventos geológicos relevantes como la orogenia andina y la retracción del mar paranaense. En este trabajo presentamos una hipótesis filogenética del clado Sudamericano con algunas especies no incorporadas anteriormente, en el marco de una filogenia de más de 300 especies de *Salvia* subgén. *Calosphace* y grupos externos, construida mediante inferencia bayesiana en BEAST, a partir de los marcadores nucleares ITS – ETS y datada con base en el registro fósil. Con el fin de indagar sobre la historia biogeográfica del clado, se realizó una reconstrucción de áreas ancestrales (BioGeoBEARS), resumiendo los distintos ambientes que habitan las especies en la actualidad en cinco grandes regiones: Andes Secos, Andes Húmedos, Chaco, Cerrado y Paranaense. Por otro lado, realizamos un análisis de ordenamiento (Outlying Mean Index, OMI), a partir de datos climáticos y de altitud obtenidos de Worldclim y registros de concurrencia de cada una de las especies, provenientes de las plataformas GBIF e iNaturalist, y de consulta de herbarios.

Los resultados marcan un origen andino del grupo hace aproximadamente 11 millones de años (Mioceno tardío), desde donde podría haberse expandido a zonas del este sudamericano tras la retirada del mar paranaense entre 8 y 6 millones de años atrás. La oportunidad ecológica de explorar y aprovechar estas nuevas áreas geográficas actuó como principal impulsora de la radiación del clado, ya que más de la mitad de las especies tienen un origen extra-andino y posterior a la edad mencionada. La posición del nicho (primer componente del OMI) ordena las especies principalmente por la altitud, las lluvias y la estacionalidad de temperatura y precipitaciones. Esta ordenación separa dos grupos coincidentes en gran medida con las especies de distribución andina y extra-andina, por lo que podemos decir que el nicho climático-altitudinal mayoritariamente se ha conservado luego de

la expansión del clado por fuera de los Andes. Las especies andinas en general presentan una mayor amplitud y una mayor marginalidad del nicho, lo cual se relaciona con la multiplicidad de ambientes y la heterogeneidad climática producto de la altitud que habitan las salvas dentro del sistema andino, con excepción de micro-endemismos que presentan una amplitud muy restringida. En el grupo extra-andino, las especies presentan una amplitud reducida y baja marginalidad a pesar de que ocupan en general áreas geográficas amplias y poco solapadas entre sí. También se presentan varias especies de distribución acotada en el sistema montañoso de la Serra do Mar en Brasil, un área rica en endemismos de diversas taxa.

Patrones de estructuración genética en peces neotropicales

Y.F. Briñoccoli¹; Y. P. Cardoso²

¹INTECH (CONICET-UNSAM), Chascomús, Provincia de Buenos Aires.

²Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad de La Plata (FCNyM, UNLP), La Plata, Provincia de Buenos Aires.

Contacto: ybrinoccoli@intech.gov.ar

El Neotrópico es una región que, además de albergar la mayor diversidad de peces de agua dulce del mundo, tiene la mayor proporción de su territorio en forma de llanura lo cual hace a esta región muy susceptible a diferentes procesos como la fragmentación-reconexión de cuencas. Este proceso de fragmentación-reconexión es un fenómeno dirigido por los cambios climáticos: durante períodos geológicos secos, algunos ríos en las regiones altas de Sudamérica experimentan una disminución significativa en su flujo de agua, lo que les impide conectarse con el resto del sistema hídrico y los lleva a reducir su cauce a zonas áridas o sabanas. Esto conduce a la fragmentación de una cuenca en varios sistemas endorreicos lo cual provoca el aislamiento de los organismos que habitan en estas cuencas. En Argentina, existen numerosos ríos que no llegan al sistema principal de la cuenca del Plata y se convierten en lagos o pantanos. Estos cambios en el hábitat tienen un impacto en la genética de los organismos y pueden ser detectados mediante herramientas moleculares. En este estudio, analizamos varias especies de peces de agua dulce, tanto en ríos endorreicos (actualmente aislados) como en ríos exorreicos (sistema principal), utilizando ADN mitocondrial (gen COI o la región control D-loop). Se realizaron análisis de redes de haplotipos, AMOVA, SAMOVA, prueba de Mantel y análisis de redundancia basado en distancias (db-RDA). Con esta metodología se puso a prueba la influencia de los tres tipos de aislamiento en la estructura genética de las especies en estudio: aislamiento por distancia (IBD), aislamiento por barrera (IBB) y aislamiento por ambiente (IBE). Los resultados mostraron que la fragmentación de cuencas (IBB) desempeña un papel importante en la estructura genética de *Jenynsia lineata* y *Hypostomus cordovae*, mientras que el sistema hidrográfico (IBB) es relevante para *Corydoras longipinnis*. La distancia geográfica (IBD) contribuyó a la diferenciación de *H. cordovae*, *Rineloricaria catamarcensis* y el grupo continental "*Oligosarcus jenynsii*". Además, la altitud (IBE) fue un factor en *J. lineata*, el grupo continental "*O. jenynsii*" y *C. longipinnis*. Estos hallazgos demuestran que el proceso de

diversificación de las poblaciones es complejo y no está determinado por un solo mecanismo, ya que las interacciones entre diferentes tipos de aislamiento tienen un impacto en la estructura genética de las especies de peces neotropicales. Estos estudios contribuyen al entendimiento de los patrones de distribución de la vida en el Neotrópico y ofrecen conocimientos en áreas como la sistemática, filogenética y biogeográfica.

Filosofía e Historia del Pensamiento Evolutivo

Influencia de las dinámicas eco-evolutivas, factores de historia y estilo de vida en el riesgo de mortalidad por cáncer entre especies

Catalina Sierra¹; Julián Maxwell²; Nicolás Flaibani³; Constanza Sánchez de la Vega^{4,5}; Alejandra Ventura^{2,6}; Nicolás José Lavagnino^{7,8}; Matías Blaustein^{1,8}

¹Instituto de Biociencias, Biotecnología y Biología Traslacional (iB3), Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular (DFBMC), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBYNE), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) - UBA, Buenos Aires, Argentina.

³Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁴Instituto de Cálculo, FCEyN, CONICET-UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁵Departamento de Matemática, FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁶Departamento de Física, FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁷Grupo de Filosofía de la Biología; Facultad de Filosofía y Letras-FCEyN, UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁸CONICET, Buenos Aires, Argentina.

El cáncer se relaciona con la acumulación de mutaciones en el transcurso de la vida de un organismo multicelular, lo que significa que la probabilidad de desarrollar cáncer aumenta a medida que los individuos envejecen. Teniendo en cuenta que el cáncer afecta negativamente la supervivencia de los organismos, las explicaciones evolutivas han tenido que dar cuenta de la prevalencia del cáncer en el árbol de la vida. Las variantes génicas que promueven el desarrollo de neoplasias malignas se han asociado tradicionalmente con un valor adaptativo negativo, excepto que se encuentren vinculadas con el desarrollo de otros caracteres fenotípicos asociados a un valor adaptativo positivo (pleiotropía antagónica). Alternativamente, se las ha considerado selectivamente neutras, ya que el cáncer tiende a ocurrir después de la etapa reproductiva y por lo tanto su influencia en el valor adaptativo resultaría poco significativa. En estas explicaciones se concluye que, en términos generales, el cáncer es el subproducto esperable de las limitaciones que impone la evolución de la multicelularidad. Sin embargo, algunas especies de mamíferos presentan mecanismos moleculares que les confieren resistencia al desarrollo de tumores, es decir que la multicelularidad no implica inevitablemente al cáncer como un subproducto. Por otro lado, la existencia de especies de mamíferos con alta incidencia de tumores malignos sugiere que el cáncer también podría estar actuando como un mecanismo de fenoptosis sobre los adultos menos reproductivos, es decir, como un mecanismo de muerte programada del organismo. De hecho, los

sistemas ecológicos pueden experimentar aumentos antiintuitivos del tamaño de la población (lo que se conoce como efecto hidra) o de la estabilidad de la misma, cuando una subpoblación presenta tasas de mortalidad más elevadas.

Aquí, trabajamos bajo la hipótesis de que el riesgo de mortalidad por cáncer (RMC) a lo largo del árbol de la vida podría haber sido finamente modulado por la evolución. Una alta incidencia de cáncer podría tener un valor adaptativo neutro, negativo o incluso positivo; dependiendo, en parte, de características de historia y estilo de vida particulares asociados al contexto ecológico y evolutivo de cada especie. Mediante el uso de bases de datos públicas sobre mortalidad relacionada con el cáncer en mamíferos adultos de zoológico, demostramos que las especies con mayor competencia intraespecífica presentan un mayor RMC; mientras que las especies con hábitos cooperativos y de cuidado presentan menor RMC. Validamos estos resultados utilizando grupos externos paradigmáticos de animales salvajes con alta incidencia de tumores o bien con fuerte resistencia al cáncer. Por último, mediante modelado matemático mostramos que tasas de mortalidad más elevadas en individuos mayores menos reproductivos pueden conducir a un aumento del tamaño de la población en un contexto de competencia intraespecífica (efecto hidra). Por el contrario, en especies en las que los individuos de mayor edad muestran hábitos cooperativos y de cuidado, el tamaño de la población aumenta al disminuir las tasas de mortalidad de los individuos de mayor edad.

Nuestros resultados abordan el fenómeno del cáncer desde una perspectiva multidimensional y son compatibles con un proceso de coevolución de la incidencia del cáncer y otros aspectos fisiológicos, ecológicos y conductuales a lo largo del árbol de la vida. Si bien la prevalencia del cáncer se ha correlacionado anteriormente con características de historia y estilo de vida, aquí ampliamos y sintetizamos dichos análisis proponiendo un mecanismo en el cual la dinámica eco-evolutiva puede favorecer una tasa menor o mayor de incidencia de cáncer en cada especie. Si efectivamente este fuera el caso, entonces en términos de la teoría evolutiva cabe preguntarse si la incidencia de cáncer puede ser considerada una exaptación.

Equilibrio puntuado: ¿una propuesta anti-Síntesis?

Gabriel Vanzo Rodrigues¹; Lilian Al-Chueyr Pereira Martins²

¹Laboratório de Genética Ecológica, Prédio 43323, Lab. 209, Depto. de Genética, Inst. de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.

²Universidade de São Paulo. Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto. Departamento de Biologia. Programa de Pós-Graduação em Biologia Comparada. Laboratório de História e Teoria da Biologia; Pesquisadora do Grupo de História e Teoria da Biologia.

El movimiento de la Síntesis Moderna, según Julian Huxley (1942), fue un evento intelectual crucial en el período de entreguerras. Descrito como un intento de conciliar a los biólogos evolutivos en torno a algunos supuestos que se refieren a diferentes subáreas de la biología y la exclusión de otras (Mayr, 1982), como un intento de unificar la biología en un período de fragmentación de la

sociedad o incluso de la ciencia (Smocovitis, 1996), incluida la biología, o como constricción (Provine, 1988; Araújo, 2006) ha sido objeto de varios estudios en las últimas décadas. Entre las suposiciones que hizo la Síntesis están que el proceso evolutivo es mayormente gradual y ocurre por la acción de la selección natural, que formaban parte de la teoría original de Charles R. Darwin (1809-1882), así como varias contribuciones de la genética de poblaciones. Por otro lado, la negación de algunas hipótesis, como la herencia de caracteres adquiridos y el saltacionismo, por ejemplo. Además, se atribuyó poca importancia a la llamada macroevolución. La historiografía también menciona un período en el que apareció la literatura antisíntesis, que en algunos casos incluye el equilibrio puntuado propuesto por los paleontólogos Niles Eldredge y Stephen Jay Gould (1941-2002), a principios de la década de 1970. Según ellos, el registro fósil sugería que las especies permanecían estables durante largos períodos, seguidos de rápidos períodos geológicos de cambio evolutivo (Eldredge & Gould, 1972). Eldredge y Gould publicaron varios artículos y libros durante finales del siglo XX y principios del XXI. Muchos actores de la Síntesis consideraron el equilibrio puntuado como una oposición a las ideas de Darwin y la Síntesis misma. Esta comunicación tiene como objetivo discutir en qué medida este trato fue justo. Llegamos a la conclusión de que el equilibrio puntuado se puede considerar más como una contribución al programa de investigación que se está diseñando o incluso al programa de investigación de Darwin, tratando de explicar algunos casos generalmente atribuidos a la imperfección del registro fósil y la escasez de documentación paleontológica. El equilibrio puntuado no negaba el gradualismo ni la selección natural, que formaban parte de la propuesta original de Darwin; solo sugirió una explicación para la escasez de formas intermedias en el registro fósil, un problema que se había discutido durante mucho tiempo. La crítica de Gould y Eldredge a la Síntesis fue que ignoraba otros tipos de explicación de las lagunas en el registro geológico, considerando solo su imperfección. Darwin incluso admitió la existencia de largos períodos en los que las formas podían permanecer inalterables, en el *Origin of species*.

Genética, desarrollo y evolución: el legado olvidado de J. M. Rendel

M. Alejandra Petino Zappala^{1,2,3}

¹Ruhr Universität Bochum, Bochum, Alemania.

²Grupo de Filosofía de la Biología; Facultad de Filosofía y Letras - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEN, UBA).

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

Los desafíos para cerrar las brechas entre la biología del desarrollo y la genética de poblaciones bajo el dominio explicativo de la Síntesis Moderna durante el siglo XX han sido ampliamente documentados. Las historiografías tradicionales consideran que los intentos de integrar estas subdisciplinas han sido escasos e infructuosos, y al día de hoy se discute si los objetivos, preguntas y metodologías de estos campos pueden conciliarse para lograr una síntesis evolutiva que los contenga. En esta presentación argumentaré que los esfuerzos de algunos autores por elaborar marcos teóricos que integren ambas disciplinas han sido “filtrados” por los arquitectos de la Síntesis

Moderna, sólo reteniendo aspectos consistentes con su visión, y menospreciados o incluso ignorados a posteriori. Tal es el caso de James Meadows Rendel, alumno de J. B. S. Haldane y discípulo de Conrad Hal Waddington. Sus innovadores aportes sobre la canalización, las restricciones en forma y función y los patrones de estasis y cambio repentino sólo pueden entenderse dando al desarrollo un papel sustancial en la evolución. Aunque se lo reconoce por sus aportes empíricos, sus ideas, en particular aquellas de naturaleza teórica, han sido en gran parte olvidadas; sin embargo fueron consideradas por algunos autores posteriores como una pieza clave para una teoría de la evolución integral. De hecho, a la luz del crecimiento de Evo-Devo en las últimas décadas, el legado de J. M. Rendel cobra relevancia por la posibilidad de ser redescubierto, incorporado y ampliado por futuros investigadores. Este caso ofrece además la oportunidad de revisar críticamente las historiografías estándar sobre la dicotomía entre los marcos teóricos de la genética de poblaciones y la biología del desarrollo en el siglo XX.

La Teoría de construcción de nicho y una interpretación sesgada de la obra de Richard Lewontin

Santiago Benitez-Vieyra^{1,2,3}

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV).

²Universidad Nacional de Córdoba (UNC).

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Córdoba, Argentina.

La definición de construcción del nicho como "el proceso mediante el cual los organismos, a través de su metabolismo, sus actividades y sus elecciones, modifican su propio nicho y/o el de los demás", donde un nicho es "la suma de todas las presiones de selección natural a las que está expuesta la población" abarca una amplitud de fenómenos que incluye tanto aspectos adaptativos como no adaptativos. Entre los primeros resalta el ejemplo clásico de la construcción de presas por castores, donde el ambiente modificado por la actividad de estos animales constituye el agente de selección sobre sus propias poblaciones. En este caso, el término construcción adquiere un sentido literal, pero cabe preguntarse en qué sentido puede llamarse "construcción" a otras modificaciones del ambiente como la producción de desechos. Las y los proponentes de la Teoría de Construcción de Nicho (TCN) aceptan plenamente que la construcción no redundaría necesariamente en aspectos positivos, pero al mismo tiempo remarcan que mejorará por término medio la aptitud del constructor a corto plazo porque los organismos deben interactuar con su entorno de forma que promuevan la supervivencia y la reproducción. Aquí sostengo que este aspecto de la TCN no se encuentra en las elaboraciones de Lewontin, quien asigna peso similar a ambos aspectos. Basta con señalar uno de sus ejemplos: "A medida que los insectos se adaptan a los insecticidas se hacen más resistentes, obligan al agricultor a aumentar la frecuencia de las fumigaciones y a cambiar de producto químico. Así, construyen su propio entorno hostil."

Esta primera diferencia puede parecer un simple sesgo, pero se encuentra asociada a una segunda, la introducción del concepto de *agencia* en la TCN, es decir "la capacidad intrínseca de los

organismos vivos individuales para actuar sobre y en su mundo y, por lo tanto, para modificar su experiencia del mismo”. Como han señalado previamente autores como Caponi, esto constituye una confusión entre adaptación organísmica y evolutiva. Esta confusión sí podría desprenderse de la lectura de textos tempranos de Lewontin, pero no refleja adecuadamente la evolución del pensamiento de este autor. En obras más recientes este autor señala: “En todo momento la selección natural está operando para cambiar la composición genética de las poblaciones en respuesta al entorno, pero este cambio en composición obliga a un cambio concomitante en el entorno mismo. Así los organismos y los ambientes son a la vez causas y efectos en un proceso coevolutivo.” Esta apreciación conserva el sentido dialéctico de la causación recíproca entre los seres vivos y su ambiente al mismo tiempo que mantiene un marco poblacional. De esta forma no recurre a las acciones individuales como explicación de procesos que ocurren a otra escala y constituye un punto de partida fructífero para la investigación de las dinámicas eco-evolutivas, al subrayar la convergencia de las escalas temporales en las cuales los cambios ecológicos y evolutivos suceden.

La Teoría de los Sistemas de Desarrollo como antecesora de la Síntesis Evolutiva Extendida: algunas consideraciones sobre sus continuidades y diferencias

Susana Gisela Lamas^{1,2}

¹Laboratorio de Investigaciones en Ontogenia y Adaptación (LINOA).

²Facultad de Ciencias Naturales y Museo- UNLP.

Contacto: sglamas@yahoo.com.ar; sglamas@fcnym.unlp.edu.ar

En este trabajo analizaré las principales diferencias y convergencias entre la *Teoría de los Sistemas de Desarrollo (TSD)* y la denominada *Síntesis Evolutiva Extendida (SEE)*. En el año 2000 Susan Oyama publicó la segunda edición de su libro, *The Ontogeny of Information*, en el cual considera la necesidad de lo que denomina un “interaccionismo constructivista” para entender los fenómenos del desarrollo. Este interaccionismo consiste no sólo en proponer una interrelación entre los diversos factores del desarrollo, sino también en afirmar que no son causalmente independientes entre sí; por ejemplo, si se consideraran los aspectos genéticos y ambientales, no habría acciones genéticas fuera de los entornos, y no podrían ocurrir acciones ambientales en ausencia de genes. Por tanto, desde el punto de vista explicativo, no podría apelarse de manera independiente a causas únicamente genéticas o ambientales.

Un año más tarde Oyama junto a Paul Griffiths y Russell Gray proponen la TSD reconociendo que no es una teoría, en el sentido de un modelo cuyas predicciones serán puestas a prueba en comparación a modelos alternativos; sino un programa de investigación científica en el cual se plantean integrar diversos enfoques teóricos incipientes como evolución y desarrollo (evo-devo), la epigenética y la teoría de construcción del nicho, entre otras. En este contexto se entiende la relación gen-ambiente, interno-externo, cultura-nurtura a partir de una estrecha relación donde las causas no pueden separarse ni estudiarse de modo atomizado.

Podríamos considerar a la TSD como un antecedente teórico de la SEE propuesta en una reunión científica realizada en la ciudad de Altenberg en el año 2008. En este encuentro se consideraron a la epigenética, a la plasticidad fenotípica, a evo-devo y a la teoría de la construcción de nicho como marcos teóricos fundamentales para comprender el fenómeno evolutivo. Sin embargo, a pesar de las aparentes coincidencias, hay diferencias entre ambas propuestas. Una de ellas es que la SEE no propone un interaccionismo constructivista ya que algunas de sus explicaciones hacen referencia a fenómenos de modo atomizado. Además, no considera que la evolución deba entenderse desde los sistemas de desarrollo ni proponen a los sistemas de desarrollo como unidad evolutiva. La TSD propone que durante su ciclo de vida los organismos son construidos desde el desarrollo, no son programados ni preformados, esto último se diferencia de lo propuesto por Evo-devo, ya que propone cómo familias de genes poseen funciones conservadas a lo largo de la evolución.

La SEE en apariencia es una continuación de TSD; sin embargo, cuando se analizan sus prácticas concretas sucede algo similar a lo que sucedió con la Síntesis Moderna, en el sentido de que la explicación de los fenómenos evolutivos se da de modo aislado desde las diferentes perspectivas teóricas sin una visión sistémica e integral desde lo metodológico ni pensando a la SEE como un programa de investigación científica con todas las disciplinas incorporadas. En síntesis, la visión integral de la TSD que Lewontin la caracteriza como dialéctica es la que se diluye con la SEE y con ello la búsqueda de metodologías y marcos conceptuales más amplios en la biología.

Genética de Poblaciones y Adaptación

Fotoidentificación y caracterización genética de grupo costero de Ballena Sei (*Balaenoptera borealis*) del Golfo San Jorge Sur, Caleta Olivia, Argentina

A. I. Rodríguez^{1,2}; S. V. Cipolotti³; M. Remis²; C. Gribaudo¹

¹Museo Educativo Patagónico, Patagonia Red Global.

²Laboratorio de Genética de la Estructura Poblacional (GEP), Departamento de Ecología, Genética y Evolución (DEGE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEN, UBA); Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB, UBA) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

³Instituto Baleia Jubarte, Projeto Baleia Jubarte, Brasil.

Contacto: irielrod@gmail.com

La Ballena Sei (*Balaenoptera borealis*) es la tercera especie de ballena más grande. Se encuentra dentro del género *Balaenoptera*, que agrupa especies conocidas por sus hábitos pelágicos y distribución mundial.

Se reconocen actualmente tres poblaciones genéticamente diferenciadas de Ballena Sei: dos en el hemisferio Norte, una perteneciente al océano Atlántico y otra al Pacífico y una en el hemisferio Sur, sin subdivisiones. Respecto de su dinámica migratoria se estima que realizan movimientos latitudinales, alimentándose en zonas subpolares en los meses cálidos, ocupando latitudes menores en los meses fríos para la época de cría.

Un grupo de Ballenas Sei habita el *Hope Spot* Golfo San Jorge Sur, en la costa atlántica de la Patagonia. Este es un reconocimiento internacional otorgado por Mission Blue, Ocean Alliance. Reservado para sitios especiales, identificados científicamente como críticos para la salud del océano. Los avistamientos de Ballena Sei son más frecuentes en la mitad sur del golfo en inmediaciones de Caleta Olivia, conocida como “Ciudad de las Ballenas” por la alta diversidad de las mismas. Este grupo se encuentra bajo estudio desde 2004 cuando se registraron los primeros individuos mediante avistamientos desde la costa.

El objetivo de este trabajo es realizar el primer relevamiento para catálogo de fotoidentificación y toma de biopsias para caracterización genética de la Ballena Sei del Golfo San Jorge.

El relevamiento se concretó en el año 2022 en colaboración con el *Instituto Baleia Jubarte* mediante aproximación por etapas en embarcación. Se empleó una cámara fotográfica Nikon® D5600 con lente 70-300 mm, se fotografió la zona de la aleta dorsal a fin de identificar individuos por sus marcas o patrones de coloración diferenciales. Asimismo, se procedió a la toma de biopsia. La

caracterización genético molecular involucró la amplificación simultánea de dos genes específicos ZFY y ZFX para el sexado y la secuenciación de un fragmento de 500 pb de la región control D-Loop del ADN mitocondrial. Las secuencias obtenidas fueron analizadas mediante el software GeneAlex comparadas contra la base de datos NCBI.

El total de muestras y fotografías fueron tomadas en promedio a una distancia de 1 Milla náutica de la costa. Se obtuvo un catálogo de 34 individuos identificados en 25 grupos (<https://www.happywhale.com>). Se caracterizaron genéticamente 5 individuos adultos: (1) una hembra de un grupo formado por dos adultos, cuyo haplotipo coincidió con MZ736116.1; previamente descrito para la población del hemisferio sur a partir de individuos varados en Cabo Penas, Chile; un grupo conformado por dos machos adultos uno de ellos (2) coincidente con el haplotipo MZ736117.1, también identificado en Cabo Penas, mientras que el otro macho (3) presenta un haplotipo nuevo. De otro grupo formado por dos juveniles y tres adultos, uno de estos últimos (4) fue identificado como macho con un haplotipo nuevo. Finalmente, en un grupo de dos individuos adultos (4) una hembra presenta el tercer haplotipo nuevo. En total, encontramos en el sur del Golfo San Jorge tres haplotipos nuevos y dos haplotipos hallados previamente en el Hemisferio Sur. Esto demuestra que el grupo del sur del Golfo San Jorge comparte haplotipos con individuos varados en Chile. Señalamos la importancia de continuar con los análisis genéticos a fin de lograr caracterizar adecuadamente la Ballena Sei en el Golfo San Jorge. Destacamos, además, que se trata del único grupo local costero de Ballenas Sei descrito, hasta el momento, a nivel mundial.

Enfoque ecológico y filogeográfico de la divergencia del complejo *Anastrepha fraterculus* en el Pleistoceno tardío

Damián Freilij¹; Juan Cesar Vilardi^{1,2}; Paula Gómez-Cendra^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires (UBA). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Genética de Poblaciones Aplicada (GPA). Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) - Universidad de Buenos Aires (UBA). Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB). Buenos Aires, Argentina.

La mosca sudamericana de la fruta, *Anastrepha fraterculus* (Wiedmann 1830) es una especie sumamente polífaga que infesta más de 170 hospedadores. Se encuentra distribuida por todo el continente americano, registrándose desde el sur de Texas hasta el centro de Argentina. En las últimas décadas se ha demostrado que *A. fraterculus* es un complejo de especies crípticas constituido por al menos ocho morfotipos mayormente alopátricos. Sin embargo, aún se sabe poco sobre el proceso de adaptación, diversificación y divergencia de *A. fraterculus* a escala continental.

En este estudio se integraron datos genéticos, ambientales y demográficos en el marco de la genética del paisaje, y se utilizaron inferencias filogeográficas y simulaciones de coalescencia para reconstruir la historia evolutiva del complejo AF y el escenario de divergencia dentro de los morfotipos. Se analizaron secuencias ITS1 de 331 muestras de diez países a lo largo de 32 ecorregiones y siete biomas. Dichas secuencias se analizaron según el modelo de coalescencia,

incluyendo información geográfica y variables ambientales con el fin de identificar grupos poblacionales (clusters) conectados por migración. Los resultados del análisis de agrupamiento, distribución de la varianza molecular (AMOVA), y los estadísticos FST, mostraron altos niveles de divergencia y estructuración genética asociada a los diferentes morfotipos del complejo. La diversidad genética fue muy variable, con máximos en el sur de Sudamérica y en México. Se detectó un patrón de aislamiento por distancia a lo largo del rango de distribución del complejo AF. A su vez, la asociación morfotipo-ambiente sugirió que el proceso de divergencia críptica ha implicado una adaptación local como mecanismo para soportar condiciones duras, novedosas o variables.

Se utilizó un enfoque Bayesiano de agrupación filogeográfica y ecológica (BPEC), que detectó cinco clusters espacialmente separados y ecológicamente diferenciados. Además, la Amazonia ecuatorial fue señalada como el centro ancestral de origen más probable del complejo AF. Los cambios demográficos fueron evaluados mediante un gráfico de mismatch distribution, el índice de raggedness (rg), y la prueba de neutralidad de Tajima (TD). Se evidenció una rápida divergencia entre morfotipos, y el análisis de la información genética en un contexto ecológico permitió asociar los patrones de divergencia a factores ambientales. Los haplotipos han estado divergiendo durante ≈ 27000 años antes del presente (YBP), probablemente potenciados por los cambios ambientales del Último Máximo Glacial (LGM). Adicionalmente, se determinó que las poblaciones experimentaron un crecimiento lineal reciente, a partir del Holoceno temprano (≈ 11500 YBP), y desde la Amazonia se produjeron tres eventos migratorios principales: uno hacia el norte del continente, y dos hacia ambas costas sudamericanas.

De esta manera, los resultados sugieren que las poblaciones ancestrales persistieron y se diversificaron en la región amazónica durante un periodo de tiempo relativamente corto antes de la migración al resto del continente. Las condiciones climáticas favorables, más cálidas y húmedas, y los cambios en vegetación que conectaron biomas antes separados habrían sido un agente impulsor de la dinámica demográfica y de diversificación de *A. fraterculus*. En el centro de su dispersión subyacen múltiples factores. Junto con los cambios señalados anteriormente, la heterogeneidad del paisaje probablemente aumentó el potencial evolutivo y la divergencia dentro del complejo AF, probablemente acompañada de una rápida diversificación del nicho ecológico ligada a la presencia de nuevas plantas hospedadoras y a sus limitaciones co-evolutivas. Además, la introgresión múltiple con especies estrechamente emparentadas a lo largo de la distribución geográfica de *A. fraterculus* puede haber producido genotipos especializados y generado heterogeneidad genómica, a su vez aumentando el potencial adaptativo y la diversificación del complejo.

Identificación de la estructura genética poblacional del langostino *Pleoticus muelleri* (Crustacea: Decapoda: Solenoceridae)

Estefanía Gesto^{1,2}; Pedro De Carli^{1,2}; Santiago Ceballos^{3,4}; Viviana Confalonieri⁵; Patricia Pérez-Barros^{6,7}

¹Centro de Investigaciones y Transferencia Santa Cruz (CIT Santa Cruz, CONICET-UNPA-UTN); Río Gallegos, Santa Cruz, Argentina.

²Instituto de Ciencias del Ambiente, Sustentabilidad y Recursos Naturales (ICASUR) UNPA-UARG; Río Gallegos, Santa Cruz; Argentina.

³Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC-CONICET); Ushuaia, Tierra del Fuego, Argentina.

⁴Instituto de Ciencias Polares, Ambiente y Recursos Naturales de Tierra del Fuego, Universidad Nacional de Tierra del Fuego (ICPA-UNTDF); Ushuaia, Tierra del Fuego, Argentina.

⁵Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, IEGEBA (UBA-CONICET); Buenos Aires, Argentina.

⁶Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); CABA, Argentina.

⁷Centro de Ciencias Naturales, Ambientales y Antropológicas (CCNAA); Universidad Maimónides; CABA, Argentina.

La identificación de la estructura genética poblacional de los recursos pesqueros resulta esencial para su manejo sustentable. El langostino *Pleoticus muelleri* se distribuye en el Océano Atlántico desde Brasil (20°S) hasta Argentina (50°S). Es uno de los recursos pesqueros de mayor importancia en Argentina. En este trabajo se analizó la estructura genética poblacional de *P. muelleri* a lo largo de su distribución geográfica. Se utilizó la técnica de secuenciación masiva de ADN asociado a sitios de restricción (RADSeq) sobre 110 individuos de 12 sitios de muestreo: sur (N=9) y norte (N=7) del Golfo San Jorge, tres sitios del litoral de Rawson (RA1 N=12, RA2 N=7 y RA3 N=10), Golfo San Matías (N=13), El Rincón (N=9) y litoral de Mar del Plata (N=5) en Argentina, litoral de Punta del Diablo (N=11) en Uruguay, litoral del Estado de Rio Grande do Sul (N=9), litoral del Estado de Santa Catarina (N=5) y litoral de Macaé (N=13) en Brasil. A partir de las secuencias obtenidas, se construyeron loci *de novo* (parámetros $m=4$, $M=2$ y $n=4$) a los que se aplicaron filtros genético-poblacionales (i.e. R 0,80; min- maf 0,013; max- $obs-het$ 0,70; Stacks v2.4), lo que resultó en un total de 2787 loci (1521 loci no ligados; PLINK v2.0). Se evaluó la diferenciación genética entre pares de poblaciones (F_{ST} de a pares) y se realizó un análisis Neighbor-Joining (NJ). Para estudiar la estructuración poblacional se realizaron dos Análisis Discriminantes de Componentes Principales (DAPC), uno con el K óptimo (función "find.clusters") y el otro, con las muestras preasignadas a los sitios de muestreo; y se utilizó el método de agrupamiento Bayesiano (STRUCTURE v2.3.2) con ancestralidad mixta (admixture) asumiendo frecuencias alélicas correlacionadas. Todos los resultados indican la existencia de estructura genética poblacional. Los F_{ST} de a pares revelaron que las poblaciones argentinas no están significativamente diferenciadas entre sí, a excepción de El Rincón con el Golfo San Matías ($F_{ST}=0,022$, $p<0,01$) y con Mar del Plata ($F_{ST}=0,029$, $p<0,05$), y éste último con RA3 ($F_{ST}=0,026$, $p<0,05$). Por otro lado, las poblaciones argentinas se diferenciaron significativamente de las brasileras ($F_{ST}=0,031-0,073$, $p<0,01$), mientras que Punta del Diablo se diferenció de manera significativa de Macaé ($F_{ST}=0,015$, $p<0,001$) y de todas las localidades argentinas ($F_{ST}=0,012-0,030$, $p<0,01$), exceptuando a Mar del Plata. El NJ mostró dos clústeres (bootstrap>96%), uno que incluyó

todas las muestras argentinas y el otro todas las muestras de Brasil, con los individuos de Uruguay dispersos en ambos grupos. El DAPC arrojó un K óptimo de 2 (función discriminante (DF) 1, autovalor=1336,08) y fue concordante con el NJ, agrupando todas las muestras argentinas por un lado y todas las muestras brasileras por otro, con la mayoría de las muestras de Punta del Diablo en este último grupo, excepto por tres. El DAPC realizado con las muestras preasignadas a las ubicaciones de muestreo evidenció que estaban estructuradas a lo largo de un gradiente latitudinal (DF1 autovalor=139,13). La DF2 (autovalor=27,81) contribuyó a explicar la diferenciación entre muestras de sitios argentinos. El STRUCTURE identificó un clúster que agruparía a todas las muestras argentinas, y otro que aumenta su contribución al genoma de los individuos paulatinamente desde Mar del Plata hacia el norte, con la aparición de individuos con coeficiente de pertenencia de aproximadamente 0,5 a cada clúster a partir de Punta del Diablo. El área de estudio comprende una zona dinámica donde confluyen grandes masas de agua con distintas características físico-químicas que podrían estar contribuyendo a esta estructuración poblacional. Se espera evaluar la existencia de barreras al flujo génico y de loci adaptativos asociados a variables ambientales. La información presentada en este trabajo podría servir de base para diseñar mejores estrategias de manejo sustentable.

Variación genética en la resistencia de *Drosophila suzukii* (Diptera:drosophilidae) a los insecticidas Imidacloprid, Spinosad y Lambdacialotrina

L. Gandini^{1,2}; M. Santandino²; J.J. Fanara¹

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (DEGE - FCEN, UBA).

²Universidad Nacional de Luján (UNLu).

La mosca de la fruta de origen asiático *Drosophila suzukii* es una importante plaga de cultivos comerciales particularmente para la denominada fruta fina. Fue detectada en Argentina en 2014, proveniente de Brasil y/o de Estados Unidos, en donde se han detectado poblaciones resistentes al insecticida Spinosad. Dado que el control químico es la principal herramienta para la mitigación de los daños causados por esta especie, resulta importante dilucidar si hay variación fenotípica de la resistencia a insecticidas y cómo está compuesta. El objetivo de este trabajo fue estudiar la varianza genética, plasticidad fenotípica, dimorfismo sexual e interacción genotipo-contexto dependiente (insecticida, sexual, tiempo, concentración) en la resistencia a insecticidas.

Se analizó la mortalidad de moscas expuestas a formulados comerciales de los insecticidas Imidacloprid (neonicotinoide), Lambdacialotrina (piretroide) y Spinosad (insecticida orgánico derivado de la bacteria *Saccharopolyspora spinosa*) en dos concentraciones. Se utilizaron 25 líneas isogénicas desarrolladas mediante diez generaciones de cruzamientos entre hermanos completos con individuos colectados en la localidad de Luján. Se introdujeron 5 individuos de entre 3 y 5 días de edad en un tubo con medio de cría con un hisopo embebido en insecticida o agua destilada como

control. Se realizaron 5 réplicas por combinación de sexo, insecticida, concentración y línea. Cada 12 hs se contaron los individuos muertos hasta un plazo máximo de 36 hs, estimándose la mortalidad como el porcentaje de individuos muertos en cada conteo. Para el análisis estadístico se ajustó un modelo lineal generalizado mixto (GLMM) con las variables fijas tiempo, sexo, insecticida y concentración y las variables aleatorias del factor línea isogénica, todas las interacciones entre este y las variables fijas, y finalmente variables aleatorias residuales. Este análisis permitió estimar efectos fijos que representan plasticidad fenotípica y dimorfismo sexual, así como los componentes de varianza explicada por la interacción línea-Variable fija (genotipo-ambiente y sexo) y la varianza entre líneas (varianza genética).

Las mortalidades más altas se observaron para Lambdacialotrina, que fue el insecticida más efectivo a las 12 hs de la aplicación, aunque su efectividad bajó en conteos subsiguientes. Spinosad provocó una baja mortalidad inicialmente, pero aumentó alcanzando su máximo a las 24 hs. La mortalidad causada por el Imidacloprid se mantuvo baja en todos los tiempos, sexos y concentraciones. Para Lambdacialotrina y Spinosad, se observó mayor mortalidad con la concentración más alta. Solo detectamos diferencias entre sexos para la Lambdacialotrina en la mayor concentración, en donde los machos fueron más susceptibles. Estos resultados indican que existe plasticidad fenotípica para el carácter evaluado dado que se observaron distintas reacciones en diferentes ambientes químicos. Respecto a los componentes de varianza, un 13,9% corresponde a la interacción línea-insecticida, 1,04% a línea-tiempo y 3,4% a línea-sexo. La varianza entre líneas fue 10,15% para Imidacloprid, 20,0% para Spinosad y 18,74% para Lambdacialotrina.

Nuestros resultados revelan que esta especie reacciona de manera plástica a la aplicación de distintos tipos de insecticidas y que el dimorfismo sexual solo se detectó en uno de los tratamientos. Por otro lado, la existencia de interacción genotipo-ambiente y varianza genética son condiciones necesarias para el desarrollo de poblaciones resistentes. Cabe resaltar que del 18,3% de la varianza total que es explicada por interacciones genotipo-ambiente, gran parte está dada por la interacción entre la línea y el tipo de insecticida. Nuestros resultados sugieren que la arquitectura genética y, consecuentemente, la evolución de la resistencia sería insecticida-dependiente. Estos análisis son relevantes para el control y estudio de esta especie plaga ya que impactan en la efectividad de insecticidas utilizados frecuentemente, así como en las estrategias establecidas para mitigar los daños causados por esta especie.

Genética de la especiación en *Drosophila simulans* y *Drosophila melanogaster*

L. Turdera¹; J.J. Fanara¹; V.P. Carreira¹

¹ Laboratorio de Evolución. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas- Universidad de Buenos Aires. Ciudad Universitaria. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

El modelo de Dobzhansky-Muller (D-M) postula que el aislamiento reproductivo postcigótico es consecuencia de interacciones epistáticas deletéreas entre los genomas de las especies parentales. Las especies crípticas *Drosophila melanogaster* y *D. simulans* son un excelente modelo biológico para estudiar D-M. Estas especies tienen una baja tasa de hibridación en la naturaleza, aunque ésta aumenta en el laboratorio. En aquellos casos que los híbridos son viables, se ha analizado y comparado la morfología alar con la de sus parentales, a fin de estudiar la variación fenotípica, explicada por los factores genéticos y ambientales. Particularmente, se ha analizado el tamaño de la misma, el cual es un carácter hereditario y que se correlaciona con varios componentes del *fitness*. Asimismo, se ha comparado los niveles de asimetría fluctuante (AF) entre híbridos y parentales por tratarse del estimador más extensamente utilizado para medir la inestabilidad del desarrollo. Nuestros objetivos son: determinar si la variabilidad genética (VG) y el ambiente afectan el aislamiento postcigótico; analizar la VG para el tamaño del ala (TA) entre híbridos de dichas especies y, evaluar el grado de AF entre híbridos. Realizamos cruzamientos entre machos de 40 líneas isogénicas de *D. simulans*, derivadas de una población natural, con hembras de una única línea *D. melanogaster*. Su descendencia fue criada a dos temperaturas (17°C y 25°C) hasta la emergencia de los adultos híbridos. Registramos la cantidad de cruzamientos exitosos (presencia de adultos) y no exitosos (ausencia de adultos). El análisis demostró que la probabilidad del éxito del cruzamiento depende tanto de la línea de *D. simulans* así como de la temperatura a la cual se desarrollaron los individuos. Particularmente, observamos que los cruzamientos fueron considerablemente más exitosos a 25°C. Los híbridos obtenidos son mayormente hembras, aunque algunos pocos cruzamientos presentaron 1 macho híbrido. En algunos cruzamientos observamos que los híbridos no desplegaron sus alas. De las líneas que presentaron cruzamientos exitosos, en donde se obtuvieron al menos ocho adultos (idealmente veinte adultos), cuyas alas estuviesen desplegadas, estimamos la VG a través de la evaluación del TA de los híbridos, como estimador del tamaño corporal. Para ello, medimos el largo de ala izquierda dos veces y evaluamos la varianza del promedio de dichas mediciones. Detectamos una variación fenotípica para el TA que se corresponde con las diferencias entre híbridos, sugiriendo VG para este carácter a 25°C. Esta variabilidad, podría explicarse debido a la variación genética natural intraespecífica de las líneas isogénicas *D. simulans*. Asimismo, evaluamos el grado de AF de los híbridos, midiendo dos veces el TA de ambas alas; detectando AF en los mismos. En conclusión, estos resultados muestran que la VG y los factores ambientales como la temperatura juegan un papel fundamental en el aislamiento reproductivo; que el TA de los híbridos presenta VG, puesto que hay varianza significativa entre híbridos y, que los híbridos de *D. simulans* y *D. melanogaster* presentan AF.

Estudio de los factores genéticos que subyacen a la variación intraespecífica del período refractario de la hembra en *Drosophila*

Lautaro E. Bennardo^{1,2}; Esteban Hasson^{1,2}; Juan Hurtado³

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.

³Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias, Universidad de Buenos Aires.

En las especies con fertilización interna, el apareamiento puede provocar una disminución en la receptividad sexual de las hembras, dando lugar a lo que se conoce como período refractario (PR). La duración de este PR tiene un impacto directo en la selección sexual, determinando si esta ocurre antes o después de la cópula (selección sexual pre- o post-copulatoria, respectivamente). En este trabajo, investigamos las bases genéticas del PR en las hembras de *Drosophila*, utilizando *Drosophila koepferae* como modelo, una especie con un PR de aproximadamente 50 horas, significativamente mayor que otras especies del mismo clúster, donde el PR es de alrededor de 4 horas.

Establecimos cuatro poblaciones experimentales a modo de réplicas, cada una fundada a partir de 116 líneas recolectadas en la provincia de Salta. Luego iniciamos un proceso de selección divergente para el PR, separando linajes con PR corto (población rápida), PR largo (población lenta) y un grupo control en cada réplica. Continuamos seleccionando hembras con PR corto y largo en las poblaciones rápidas y lentas, respectivamente, sin aplicar selección en las poblaciones de control.

Después de 14 generaciones (6 de selección), evaluamos el efecto de la selección divergente midiendo la frecuencia de reapareamiento de las hembras tras 12 horas desde la primera cópula. Observamos que las poblaciones seleccionadas respondieron como se esperaba, con una frecuencia de reapareamiento significativamente mayor (p -valor $< 0,01$) en las poblaciones rápidas ($X=0,520$, $SE=0,034$) y menor en las poblaciones lentas ($X=0,223$, $SE=0,026$), en comparación con las poblaciones control ($X=0,410$, $SE=0,033$).

Luego de finalizar la etapa de selección, extrajimos ADN en pools de 50 moscas por cada población experimental y secuenciamos las muestras utilizando la metodología Multiplexed Shotgun Sequencing. El mapeo de las lecturas en el genoma de referencia reveló una cobertura promedio del 83,44% y una profundidad promedio de 89,13. Posteriormente, realizamos el llamado de variantes con el software PoolPolation2, identificando 583793 SNPs en las poblaciones lentas y 464033 en las rápidas.

Aplicamos un test de Cochran-Mantel-Haenszel para detectar ventanas de 10000 pb con SNPs cuyas frecuencias alélicas se diferenciaron significativamente entre las cuatro poblaciones seleccionadas, ya sea rápidas o lentas, y las control. Identificamos 25 ventanas para las poblaciones lentas y 123 para las rápidas, observando que las mismas se agrupan en regiones genómicas específicas. Luego, buscamos secuencias ortólogas en *D. melanogaster* para cada uno de estas ventanas y finalmente identificamos los genes contenidos en estas secuencias. En total, identificamos 43 genes a partir de las poblaciones lentas y 147 a partir de las poblaciones rápidas.

Mediante el análisis de enriquecimiento funcional, encontramos varias funciones

sobrerrepresentadas en ambos grupos de genes, aunque ninguna de ellas se superpuso entre los genes identificados en las poblaciones rápidas y lentas. Si bien, solamente dos genes se superponen entre ambos grupos, uno de ellos se expresa principalmente en los testículos, y el otro, aunque no tiene una función conocida, muestra un pico de expresión en machos adultos. Por lo tanto, es probable que ambos estén relacionados con la reproducción y, en consecuencia, con el PR de las hembras, que se sabe que puede ser modulado por componentes del fluido seminal que el macho transfiere durante la cópula.

En resumen, los resultados indican la presencia de numerosas regiones genómicas candidatas que contribuyen a la respuesta a la selección, lo que concuerda con la complejidad del PR. Sin embargo, se requiere una validación a través de pruebas funcionales con los genes candidatos, particularmente con aquellos encontrados en ambas direcciones de selección.

Ancestría en la población humana de la provincia de Buenos Aires, Argentina

M. Muzzio^{1,2}; M. Nowik^{1,2}; R. González^{1,2}; S. Miranda³; J.A. Giglio⁴; A.V. Camero Maldonado⁵; R. Ortiz López⁵; A. Rojas Martínez⁵; C.I. Catanesi^{1,2}

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), La Plata, Argentina.

²Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP), La Plata, Argentina.

³Instituto Rehabilitar, La Plata, Argentina.

⁴Hospital Interzonal General de Agudos "Prof. Dr. Rodolfo Rossi", La Plata, Argentina.

⁵Tecnológico de Monterrey, The Institute for Obesity Research y Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Monterrey, México.

Las poblaciones latinoamericanas son el resultado de la unión de tres grandes aportes continentales: americano, europeo y africano, en diversa proporción según la historia poblacional de cada país y región. En Argentina, la población de la provincia de Buenos Aires está mayoritariamente conformada por individuos de ancestría europea y nativa americana, a lo que se suma en las últimas décadas un movimiento migratorio tanto desde otras provincias argentinas como desde otros países de la región y del mundo. Estos procesos migratorios actuales producen en consecuencia un cambio gradual en la composición genética de los bonaerenses. Con el fin de analizar la estructura poblacional de la población de la provincia de Buenos Aires, realizamos el genotipado de 90 individuos donantes voluntarios con el array Axiom™ Precision Medicine Diversity Array (Applied Biosystems™), de ~850.000 variantes distribuidas a lo largo de todo el genoma. Luego de los controles de calidad y de genotipado recomendados por la guía de usuarios, obtuvimos 849.576 variantes, para luego remover 55.660 por genotipos faltantes (missingness 0,1) y otros 237.657 debido a que resultaron monomórficos. Posteriormente, eliminamos las variantes no autosómicas, con lo cual resultaron en 556.259. Para reducir sesgos de ligamiento, eliminamos el segmento correspondiente al Complejo Mayor de Histocompatibilidad (en el cromosoma 6, abarcando entre las

posiciones 28510120-33480577 en el ensamblaje GRCh38), y filtramos por desequilibrio de ligamiento con un r^2 de 0.5, quedando con 534806 variantes en el análisis. Para realizar la comparación con otras poblaciones del mundo, tomamos como referencia los paneles de colombianos, mejicanos, peruanos, españoles, italianos, afrocaribeños y las poblaciones africanas del 1000 Genomes Project en su versión de genomas completos, ensamblaje GRCh38. Luego de unir nuestras muestras con las de referencia tuvimos un total de 550.370 variantes y 1.162 individuos. Sobre estos datos, realizamos análisis de componentes principales, donde el componente 1 separa a todas las muestras del continente africano del resto, con los afrocaribeños y algunos otros individuos latinoamericanos ubicados entre ambos grupos. El componente principal 2 separa los individuos europeos de aquellos con mayor ancestría nativa americana. También realizamos análisis de ADMIXTURE utilizando valores de k desde 2 hasta 12. Para simplificar, en el caso K=3, los aportes continentales promedio para la provincia de Buenos Aires son 4% de africano ($\pm 4\%$, con un mínimo de 0 y un máximo de 25%), 14% de nativo americano ($\pm 15\%$, con un mínimo de 0 y un máximo de 58%) y 82% de europeo ($\pm 17\%$, con un mínimo de 28% y un máximo de 100%). De esta manera, si bien el componente europeo es predominante, es también notorio el aporte nativo americano, mientras que el africano por el momento es mucho menor, lo cual sugiere que hace por lo menos dos generaciones que el máximo individual de ancestría africana fue del 25%, equivaliendo a la contribución genética aportada por un abuelo. Estos resultados son concordantes con lo visto en otras áreas del país y también acordes a lo esperado según los antecedentes históricos poblacionales de la región.

Diferencias intraespecífica en el número de dientes del ovipositor aserrado de *Drosophila suzukii*

M.S.M. Ortiz¹; J. Hurtado²; E. Hasson¹

¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

²Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

Drosophila suzukii es una especie endémica del sudeste asiático que ha invadido Europa y las Américas, convirtiéndose en una plaga de gran importancia para la industria de frutas finas tales como cerezas, frutillas y frambuesas. Es considerada una excepción al paradigma del género *Drosophila* como modelo de investigación benigno ya que las hembras de esta especie poseen un órgano ovipositor distintivo que les otorga la capacidad de perforar la piel de frutas sanas para depositar sus huevos dentro. En comparación con el resto de las especies del género, el ovipositor de *D. suzukii* se destaca por su forma alargada y un mayor número de dientes modificados que se dispone alineada y apretadamente en los márgenes distales del órgano, dándole aspecto de serrucho. En este sentido, el ovipositor aserrado de esta especie es lo que se define como una innovación evolutiva clave, ya que le ha permitido explotar recursos de manera novedosa y acceder a

nuevos nichos. Frente al desconocimiento de las bases genéticas de este peculiar órgano, nuestro proyecto apunta a encontrar los genes subyacentes. Como primer paso para ello, el objetivo del presente trabajo fue demostrar la existencia de variación genética para el número de dientes modificados en poblaciones argentinas. Para llevar a cabo el estudio, se procedió a la caracterización del fenotipo ‘número de dientes modificados’ en quince isolíneas (veinte individuos por isolínea) provenientes de tres poblaciones: dos de la provincia de Buenos Aires (Luján y Mercedes) y una de la provincia de Chubut (Humus). La caracterización reveló una notable variación entre líneas tanto dentro de cada población como entre las poblaciones, lo que indica la existencia de variación genética. Nuestros hallazgos sugieren que es posible realizar experimentos de evolución experimental seguidos de secuenciación genómica masiva para identificar los *loci* subyacentes.

Estudios de estructuración poblacional y dispersión de *Aedes aegypti* en el Noreste de Argentina mediante análisis morfogenéticos

Miranda Nicola¹; Maximiliano Garzón^{1,2}; Lucía Maffey³

¹Grupo de Estudio de Mosquitos, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Universidad de Buenos Aires - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UBA-CONICET).

³Dirección de Control de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Ministerio de Salud de la Nación, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Contacto: mirunicola@hotmail.com

El mosquito *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) es el principal vector de los arbovirus del dengue, fiebre amarilla, chikungunya, y Zika. Para optimizar los programas de control vectorial y prevención de arbovirosis, resulta fundamental conocer la dinámica poblacional del vector, en particular su capacidad de dispersión, el flujo genético entre poblaciones y la estructuración poblacional que presenta en cada localidad. El objetivo de este trabajo fue comparar las poblaciones de *Aedes aegypti* pertenecientes a dos localidades de la región subtropical noreste de Argentina (Provincia de Misiones), mediante el estudio de sus características genéticas y fenotípicas. Para ello, se colectaron pupas de esta especie de recipientes artificiales durante noviembre de 2016 en la localidad Eldorado y Colonia Aurora de la Provincia de Misiones, y en CABA, Buenos Aires específicamente para los estudios de la distancia genética. Para el análisis genético, se utilizó la técnica de ddRADseq y diferentes softwares para el análisis bioinformático: STRUCTURE, Adegenny ML-relate. Para el estudio morfo-geométrico se tomaron fotos de las alas de las hembras y mediante el programa tpsUtil64 y tpsDig264 se situaron 17 landmarks (LMs) o puntos de referencia en las imágenes digitales, sobre la intersección de las nervaduras alares, y se obtuvieron coordenadas cartesianas en dos dimensiones. Se aplicó un análisis de Procrustes generalizado con el software MorphoJ y se obtuvieron las coordenadas de Procrustes, que representan las variables de la forma (o shape) y un estimador isométrico del tamaño, Tamaño del Centroide. Se efectuaron análisis uni y

multivariado para comparar las formas y tamaños de las alas entre las distintas localidades. Los resultados obtenidos a partir del ML-relate permitieron detectar la presencia de pares de hermanos y medios hermanos colectados en contenedores de las mismas viviendas, indicando que las hembras pueden oviponer repetidas veces en una misma vivienda y que no dispersan para oviponer en otras. El análisis de DAPC en Adegenet señaló que no existen diferencias genéticas entre los individuos de Eldorado y Colonia Aurora dado que se los clasificó en un único cluster, es decir que hay un flujo genético entre ambas poblaciones probablemente por dispersión pasiva. Al incluir las muestras de Buenos Aires, se obtuvieron dos clusters, uno que agrupaba las pertenecientes a Misiones y otro las de Buenos Aires, evidenciando la dificultad de dispersión, ya sea activa o pasiva, por la distancia geográfica. A partir del análisis de variables canónicas para el análisis morfométrico se obtuvieron cuatro grupos distinguibles en el morfo-espacio que se diferenciaron según la localidad y el sexo. El test de permutaciones (con 1000 iteraciones) permitió detectar diferencias significativas en las distancias de Procrustes (forma) entre Eldorado y Colonia Aurora solo para machos ($d=0,0311$, p valor= <0.0001). Respecto al sexo, las distancias de formas entre machos y hembras resultaron significativas para ambas localidades, Eldorado: $d= 0.0558$, p valor= <0.0001 ; Colonia Aurora: $d=0.0561$, p valor= 0.0133 . El ANOVA realizado para el tamaño del ala indicó diferencias significativas entre machos y hembras de Eldorado ($p<0.0001$), y entre Colonia Aurora y Eldorado para machos ($p=0.0003$). En Colonia Aurora el dimorfismo sexual de tamaño no fue significativo, aunque se observó cierta tendencia de hembras más grandes. Los resultados de las distancias morfogeométricas para las hembras son coincidentes con lo observado en el análisis genético, indicando cierta homogeneidad a nivel fenotípico. Mientras que, para los machos, las diferencias entre poblaciones, en relación a la forma y el tamaño alar, podrían deberse a componentes ambientales. Para ambas localidades se evidenció la presencia de dimorfismo sexual tanto de forma como de tamaño. Estos resultados indicarían cierto flujo génico entre ambas localidades, observado también en las hembras a niveles fenotípicos.

Arquitectura genética de la capacidad de vuelo y su relación con la morfología en *Drosophila*

N. Flaibani¹; J.J. Fanara¹; V.P. Carreira¹

¹Laboratorio de Evolución. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad de Buenos Aires. Ciudad Universitaria. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

La variación fenotípica es el sustrato sobre el que actúa la selección natural. Dicha variación es el resultado de la segregación de alelos de múltiples loci, del efecto de modificaciones del ambiente (plasticidad fenotípica) y de la interacción entre los factores genéticos y ambientales (interacción genotipo-ambiente). Por lo tanto, la comprensión de la arquitectura genética de un carácter complejo requiere del análisis de todas las fuentes de variación mencionadas, lo que

contribuiría a dilucidar mecanismos y procesos subyacentes a la dinámica adaptativa de tal carácter. El vuelo es una actividad asociada a diferentes caracteres adaptativos, desde la búsqueda de alimento y pareja hasta la huida de predadores, encontrándose estrechamente vinculado a la capacidad dispersiva de los organismos. El mismo ha sido estudiado desde distintas perspectivas. Particularmente, se han llevado a cabo estudios sobre la dinámica del vuelo empleando diferentes metodologías, así como estudios fisiológicos, también desde distintas perspectivas. En los últimos años se han desarrollado algunos estudios genético-ecológico-evolutivos sobre el vuelo. Estudios previos han postulado que el vuelo está influenciado por diversas características morfológicas en función de distintos gradientes ambientales en los insectos. Sin embargo, son pocos los trabajos que han demostrado una relación entre la capacidad de vuelo y dichas variables. Más aún, prácticamente no se ha estudiado y caracterizado su base genética y la relación de ésta con el ambiente. Nuestro trabajo tiene como objetivo estudiar la arquitectura genética del desempeño en el vuelo y su relación con la morfología en distintas especies de *Drosophila*. En este contexto, se ha analizado la variación de la capacidad de vuelo y su relación con caracteres morfológicos en machos y hembras de dos pares de especies hermanas (*Drosophila koepferae* y *Drosophila buzzatii*, por un lado, y *Drosophila simulans* y *Drosophila melanogaster*, por el otro) derivados de una misma localidad. Asimismo, se ha estudiado la variación genética y el dimorfismo sexual en líneas isogénicas de *D. melanogaster* de genoma conocido, lo que permitió identificar polimorfismos nucleotídicos y genes candidatos a integrar la base genética de la capacidad de vuelo. Todo esto pudo llevarse a cabo gracias al diseño de un dispositivo original y un software especial que permitieron estimar la capacidad de vuelo a partir de la proporción de tiempo en vuelo. Dicho desarrollo, así como la puesta a punto de un protocolo experimental adecuado para cada especie estudiada posibilitarán comenzar a recorrer distintos caminos con la intención de responder a múltiples objetivos relacionados en el mediano plazo. Por ejemplo: 1) Estudiar la capacidad de vuelo en poblaciones naturales de distintas especies de *Drosophila* que se encuentran a diferente altitud, 2) Analizar la capacidad de vuelo en líneas isogénicas de *D. simulans*, obtenidas de la misma manera que las líneas de *D. melanogaster* estudiadas previamente, 3) Estudiar la capacidad de vuelo en distintas condiciones ambientales (por ejemplo, variando la temperatura y la presión del aire) así como analizar otros aspectos de la performance de vuelo (como la velocidad y la aceleración). Se espera que esta línea de investigación permita dilucidar si especies cercanamente emparentadas exhiben diferencias para la capacidad de vuelo y si su relación con la morfología es similar, así como estudiar la manera en la que dicho carácter varía con el sexo y determinados gradientes ambientales. También se espera que su desarrollo permita identificar factores genéticos asociados a la variación de la capacidad de vuelo y su dependencia tanto del sexo como de distintos factores ambientales. Finalmente, se pretende comparar la arquitectura genética de la capacidad de vuelo en un par de especies hermanas ampliamente utilizadas en estudios de genética y ecología evolutiva.

Variabilidad genética de una población silvestre de yerba mate en Misiones, Argentina

P. Yias¹; V. Schoffen²; M.E. Gauchat²; A. Gottlieb¹

¹Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (UBA-CONICET), FCEyN, UBA. Ciudad Universitaria, Pab. II, 4to piso, Laboratorios 61-62 (C1428EHA), CABA, Argentina.

²EEA-INTA Montecarlo, Av. El Libertador N° 2472 (3384) Misiones, Argentina.

La yerba mate, *Ilex paraguariensis* A. St. Hil., es un árbol perenne y dioico nativo del sur de Sudamérica (noreste de Argentina, sureste de Brasil, Paraguay y Uruguay). Se trata de una especie en cultivo productivo, de gran importancia socioeconómica en nuestra región. La caracterización genética de germoplasma silvestre -representante de un acervo genético y de adaptaciones locales inexploradas- toma gran relevancia para el futuro de la producción yerbatera. En este estudio preliminar se realizó una caracterización mediante marcadores microsatélites -especie específicos- de individuos que crecen en un remanente de bosque ombrófilo situado dentro del Campo Anexo Manuel Belgrano (CAMB, municipio de San Antonio, provincia de Misiones, Argentina). El marco general de este estudio tiene como objetivo la puesta en valor del CAMB como reservorio de biodiversidad. Aquí se presentan los primeros resultados de un trabajo más exhaustivo que se encuentra actualmente en desarrollo. Se emplearon muestras de hojas colectadas de 34 plantas adultas en 11 zonas del CAMB de manera de representar la potencial variabilidad albergada en el área. Las zonas muestreadas distan entre sí, en promedio, 1,5 km y el área total bajo estudio comprende 15,5 km². Para los fines de este trabajo preliminar, los individuos se consideraron como parte de una sola metapoblación. A partir del material preservado, se realizó la extracción del ADN genómico total empleando kits comerciales; se amplificaron por PCR los *loci* microsatélites nucleares *lpg_10*, *lpg_28*, *lpg_37*, e *lpg_46* diseñados por Pereira *et al.* (2013). La separación de los amplicones se realizó mediante electroforesis en geles de poliacrilamida de alta resolución en condiciones desnaturalizantes, y la visualización se hizo por tinción con nitrato de plata. La determinación alélica se estimó por comparación con estándares de peso molecular. A partir del registro de los alelos se generó una matriz de datos que se analizó en GenAlEx. Las distancias genéticas se obtuvieron con el índice de Nei en *poppr* del entorno R, y con ella se generó un retículo de *neighbor-joining* (NJ). Se estudió la distribución de la variación alélica encontrándose un total de 16 alelos, con un promedio de 4 alelos por *locus* (rango = 3 - 5). Los 4 SSR (*simple sequence repeats*) resultaron polimórficos al 1%. Entre los *loci* analizados al momento, se observó que el *locus lpg_37* presentó los valores más bajos para todas las estimaciones de variabilidad, que resultaron la mitad de la obtenida para los otros microsatélites. Así, los valores de heterocigosis media fueron de $H_o = 0,464$ (rango = 0,300 - 0,570) y $H_e = 0,559$ (rango = 0,309 - 0,704), el índice de información de Shannon tuvo un valor medio de 1,029 (rango = 0,563 - 1,290) y el índice de fijación fue de 0,153 (rango = 0,031 - 0,225). Estos valores resultan comparables con los obtenidos por otros autores para poblaciones naturales del centro de la distribución geográfica de la especie (específicamente, sureste de Brasil; Diaz *et al.* 2013, Pereira *et al.* 2013, Seoane *et al.* 2019) y 1,8 veces mayor que lo registrado para poblaciones uruguayas (Cascales *et al.* 2014). En el retículo de NJ no se observa un agrupamiento de los

individuos de acuerdo a la zona en la que fueron muestreados, por lo cual se ve que algunos se entremezclan. Esto probablemente se deba a la limitada información disponible. Los resultados obtenidos, hasta el momento, ponen de manifiesto una variabilidad genética intermedia en los materiales silvestres del Campo Anexo Manuel Belgrano, pero similar a la reportada para el centro de diversidad de la yerba mate. A la luz de estos primeros resultados, la región en estudio representaría un importante reservorio de diversidad genética para *Ilex paraguariensis*.

Desarrollo de ddRAD-seq para el estudio de la estructura poblacional y urbanización de *Triatoma infestans* (Hemiptera: Reduviidae) de la provincia de San Juan

Romina V. Piccinali^{1,2}; Julián Sánchez Loria³; Tomás Poklepovich³; Marcela S. Rodriguez^{1,2}; Florencia Cano⁴; Mariana Manteca-Acosta^{5,6}; Ana L. Carbajal de la Fuente^{5,6}; Josefina Campos³

¹Universidad de Buenos Aires (UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN). Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – UBA. CABA, Argentina.

³Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática (UOCNGB). Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud “Dr. Carlos G. Malbrán”. CABA, Argentina.

⁴Programa Provincial Control de Enfermedades de Transmisión Vectorial. Ministerio de Salud Pública. San Juan, Argentina.

⁵Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). CABA, Argentina.

⁶Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-epidemias (CeNDIE)-ANLIS, Malbrán-Ministerio de Salud de la Nación. CABA, Argentina.

El Chagas es una problemática de salud compleja, históricamente asociada al ambiente rural. Sin embargo, estudios recientes muestran procesos de urbanización en distintas especies de triatomíneos, los insectos vectores de la enfermedad. En consecuencia, el Chagas urbano se erige como un desafío de características propias y particulares del modo de vida en los aglomerados urbanos. La provincia de San Juan está catalogada como de alto riesgo de transmisión de la enfermedad de Chagas, mostrando altos niveles de infestación urbana por *Triatoma infestans*, el principal vector en nuestro país. Desde el año 2017 existe un proyecto colaborativo entre autoridades de salud, equipos técnicos, investigadores y la comunidad, con el fin de comprender los determinantes sociales, culturales y eco-epidemiológicos que favorecen la presencia de *T. infestans* en las zonas urbanas y suburbanas e implementar estrategias efectivas de control vectorial. Dentro de este proyecto, surgen preguntas importantes sobre el origen de los triatomíneos urbanos, cómo se estructura la variación a nivel espacial y temporal, qué procesos están involucrados, cuál es la conectividad entre poblaciones rurales y urbanas y si los insectos urbanos muestran huellas de adaptación a la vida en este nuevo ambiente. La técnica de ddRAD-seq permite encontrar un gran número de SNPs a una escala genómica y generar marcadores para estudiar este tipo de preguntas.

En este trabajo realizamos simulaciones *in silico* con el paquete de R simRAD y un piloto experimental para poner a punto la técnica de ddRAD-seq en *T. infestans*. En la simulación *in silico*, de las 9 combinaciones de enzimas de corte probadas, la mejor fue *Mbol – PstI* seguida de *Mbol – EcoRI*. Ambas combinaciones se probaron en extracciones de ADN de las patas y los músculos alares en 2 individuos de áreas urbanas de San Juan, uno del departamento Chimbabue y otro del departamento Santa Lucía. En la prueba de laboratorio el mejor tejido fue el proveniente de las patas y la mejor combinación de enzimas fue *Mbol – PstI*. Se confeccionaron las bibliotecas de ddRAD-seq desde este tejido y esta combinatoria de enzimas, y se secuenciaron en el equipo Illumina Novaseq 6000. Las secuencias obtenidas se analizaron con el programa STACKS, usando un genoma de referencia de *T. infestans* disponible en Genbank. Se obtuvo un total de 63853 loci secuenciados, los cuales cubrieron 14783620 sitios. Un total de 47119 sitios fue variable. Los resultados obtenidos son muy prometedores para el desarrollo y validación de la técnica ddRAD-seq para estudios de estructura poblacional y adaptación en este insecto vector de la enfermedad de Chagas.

Selección artificial en acción: la aplicación de insecticidas piretroides sobre poblaciones de *Musca domestica* L. (Diptera: Muscidae) de Argentina

Viviana Paredes¹; Romina V. Piccinalli^{2,3}; Gonzalo Roca-Acevedo⁴; A. C. Toloza⁴

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina.

²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Laboratorio de Eco-Epidemiología. CABA, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA). CABA, Argentina.

⁴CIPEIN Centro de Investigaciones de Plagas e Insecticidas, CONICET-UNIDEF, Villa Martelli, Buenos Aires, Argentina.

Los insectos son organismos con alta capacidad de adaptación a un ambiente cambiante. Un caso muy interesante en los estudios de selección artificial es el fenómeno de la resistencia a insecticidas. Cuando los insecticidas son usados repetidamente para controlar las poblaciones de insectos, los alelos que confieren resistencia aumentan de frecuencia, llegando eventualmente a fijarse. Esta surge debido a que en las poblaciones existen individuos en una muy baja frecuencia con características genéticas que les permiten sobrevivir a los tratamientos con insecticidas. Esto supone un desafío al control de insectos plaga, pese al aumento de dosis de insecticida deja de ser efectivo y deben pensarse estrategias de control alternativas.

Las granjas avícolas representan una importante actividad económica en Argentina. La mosca común *Musca domestica* L. (Diptera: Muscidae) emplea como sustrato restos de comida de las aves, huevos rotos y excremento acumulado para su desarrollo y supervivencia, y es además vector mecánico y biológico de virus, bacterias, hongos y helmintos. El control químico es la principal

herramienta empleada y consiste en la aplicación de insecticidas piretroides. Estos tienen como principal mecanismo de acción afectar la transmisión del impulso nervioso en el canal de sodio dependiente de voltaje, causando la muerte de los individuos. El uso continuo e indiscriminado llevó a la aparición de resistencia y la modificación en el sitio de acción de los piretroides se debe a la presencia de polimorfismos nucleares únicos (SNPs) o mutaciones de volteo (*kdr*). Las tres mutaciones que más se han estudiado son *kdr* (L1014F), *kdr-his* (L1014H) y *super-kdr* (M918T + L1014F).

En este trabajo analizamos por primera vez la presencia de estas mutaciones en poblaciones naturales de *M. domestica* colectadas en 3 granjas avícolas de la Provincia de Buenos Aires. Se extrajo ADN de 18 individuos y se puso a punto la amplificación por PCR de alelos específicos para detectar las diferentes mutaciones reportadas en trabajos previos. Se obtuvieron amplificaciones exitosas y se validaron los patrones de bandas obtenidos mediante la secuenciación de algunos fragmentos amplificados. Se detectó una alta frecuencia de las mutaciones *kdr* (0,34), *kdr-his* (0,25) y *super-kdr* (0,32).

Todos los individuos, a excepción de uno, fueron portadores de uno o dos alelos de resistencia de tipo *kdr*. Las mutaciones *super-kdr* se detectaron en el 59% de los individuos analizados.

Nuestros resultados muestran por primera vez la presencia de estas mutaciones en las poblaciones argentinas de *M. domestica* indicando la alta presión de selección ejercida sobre ellas y revelando la capacidad de adaptación de las mismas al cambio de ambiente producido por el rociado frecuente con insecticidas piretroides.

Macroevolución y Paleobiología

De pequeños arborícolas a gigantes terrestres (y viceversa): La evolución del tamaño corporal en perezosos actuales y extintos

A. Boscaini^{1,2}; D.M. Casali³; N. Toledo^{1,4}; M.S. Bargo^{1,4}; J.L. Cantalapiedra⁵; T.J. Gaudin⁶; M.C. Langer⁷; R. Narducci⁸; F. Pujos⁹; S.F. Vizcaíno^{1,4}; E.M. Soto^{1,2}; I.M. Soto^{1,2}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Argentina.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, C1428EGA, Argentina.

³Departamento de Biología, Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras, Universidade de São Paulo, Av. Bandeirantes, 3900, Ribeirão Preto, SP 14040-900, Brazil.

⁴División Paleontología Vertebrados, Museo de La Plata, Universidad Nacional de La Plata, Av. 60 y 122, B1900FWA La Plata, Buenos Aires, Argentina.

⁵Global Change Ecology and Evolution Research Group (GloCEE), Department of Life Sciences, Universidad de Alcalá, 28805, Alcalá de Henares, Madrid, Spain.

⁶Department of Biology, Geology & Environmental Science (Department 2653), University of Tennessee at Chattanooga, 615 McCallie Avenue, Chattanooga, TN 37403-2598, USA.

⁷Laboratório de Paleontologia de Ribeirão Preto, FFCLRP, Universidade de São Paulo, Av. Bandeirantes, 3900, Ribeirão Preto, 14040-901, Brazil.

⁸Division of Vertebrate Paleontology, Florida Museum of Natural History, Gainesville, Florida, 32611 USA.

⁹Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Ciencias Ambientales (IANIGLA), CONICET-UNCUYO-Mendoza, Avda. Ruiz Leal s/n, Parque Gral. San Martín, 5500 Mendoza, Argentina. Contacto: aboscaini@ege.fcen.uba.ar

Los perezosos (Xenarthra, Folivora) actuales incluyen los géneros *Bradypus* y *Choloepus*, arborícolas, de pequeño tamaño corporal y restringidos a las selvas tropicales de América Central y Sudamérica. El registro fósil del grupo abarca los últimos ~35 Ma e incluye más de 100 géneros, la mayoría con modos de vida bastante diferentes a los de los actuales. Las formas extintas muestran una gran disparidad en tamaño corporal (desde unos pocos kilos hasta algunas toneladas), preferencia de sustrato (arborícolas, terrestres y acuáticos), uso de sustrato (capacidades trepadoras, cavadoras, bipedestación, natación etc.) y dieta (consumidores selectivos, pastadores, y consumidores mixtos). Entre estas variables, el tamaño corporal es muy importante en la biología de los organismos, pues se correlaciona con factores metabólicos, ontogenéticos y ecológicos.

En esta contribución se presentan estimaciones de tamaño corporal, basadas en regresiones alométricas de medidas lineales de huesos largos que correlacionan bien con la masa corporal, relevadas de más de 400 especímenes de colecciones de América y Europa. Se obtuvieron valores de masa para 38 géneros extintos, y se recopilaron estimaciones de tamaño disponibles en la literatura abarcando así casi la totalidad del grupo de interés.

Los valores de masa fueron analizados en los marcos filogenéticos más recientes, evaluando la topología recuperada con caracteres morfológicos y una que incluye las restricciones que derivan de estudios moleculares (ADN y proteínas). En ambas se observa una fuerte señal filogenética (K de Blomberg y λ de Pagel). Luego, se analizó el ajuste del tamaño a distintos modelos evolutivos (Movimiento Browniano, Ornstein-Uhlenbeck, Early Burst, Tendencia y modelos de especiación) teniendo en cuenta las distintas categorías relacionadas con el sustrato y la dieta. Se observó una fuerte señal asociada a un modelo evolutivo de tipo Ornstein-Uhlenbeck con tres óptimos distintos, correspondientes a las categorías de uso de sustrato: terrestre, semiarborícola y arborícola. Las mayores transformaciones en tamaño corporal estarían asociadas con las adaptaciones a distintos sustratos, con tendencia al aumento de la talla en animales terrestres y una disminución de esta en formas semiarborícolas y arborícolas. Como era esperable considerando el escaso registro fósil del grupo durante el Paleógeno, la mayores ambigüedades entre las distintas topologías se observan a la hora de estimar los estados ancestrales de Folivora: según la topología basada en caracteres morfológicos, el ancestro de los perezosos sería un animal terrestre/semiarborícola de tamaño moderado mientras que en la topología basada en los resultados moleculares se recuperan unas condiciones ancestrales de tipo semiarborícola de tamaño pequeño. En cambio, en ambos escenarios filogenéticos, a lo largo de la historia evolutiva del grupo se observan cuatro distintas transiciones hacia modos de vida más terrestres, todos asociados con eventos independientes de emergencia del gigantismo, y tres transiciones independientes hacia modos de vida semiarborícola/arborícola, esta vez asociadas a la disminución general de la talla. Además, la mayor disparidad en tamaño corporal se registra entre las formas terrestres, mientras que las tasas de cambio evolutivo más elevadas se recuperan en las formas arborícolas.

En análisis temporales del tamaño promedio, la varianza y la tasa de cambio a lo largo del Cenozoico, las principales fluctuaciones se asocian con los momentos de mayores cambios climáticos que ocurrieron en el continente americano en los últimos 30 Ma. Grandes transiciones ecológicas pueden haber plasmado el paisaje adaptativo del tamaño corporal en perezosos a lo largo del tiempo, produciendo óptimos locales de evolución fenotípica.

Sesgos del desarrollo en la evolución morfológica del quiridio: evidencia a partir del estudio de tetrápodos paleozoicos

Celeste Pérez Ben ^{1,2}

¹Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, IEGEBA, FCEN, UBA (Int. Güiraldes 2160, 1428 CABA, Argentina).

²Museum für Naturkunde - Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science (Invalidenstraße 43, 10115 Berlin, Alemania).

Los miembros locomotores de amniotas muestran un patrón de proporciones muy conservado en el cual el zeugopodio es aproximadamente un tercio de la longitud total, mientras que la relación entre el estilopodio y el autopodio es lo que varía principalmente. Dada la gran diversidad funcional del quiridio en este clado, este patrón tan conservado sugiere que la evolución morfológica apendicular en Amniota ha sido fuertemente sesgada por mecanismos del desarrollo, de manera que sólo un área restringida del morfoespacio teórico ha sido explorada. De hecho, este patrón conservado de proporciones coincide con las predicciones de modelos de activación-inhibición que describen la diferenciación proximal-distal de los miembros en el desarrollo de los tetrápodos. A partir de esta evidencia, en este trabajo pongo a prueba si este patrón de proporciones evolucionó en el linaje de los amniotas o si se estableció durante el Paleozoico con el origen del quiridio en los primeros tetrápodos. Para hacerlo, medí el estilopodio, zeugopodio y arcos metapodiales de los miembros anteriores y posteriores de: 1) especies paleozoicas de los grupos troncales de Tetrapoda, Amniota (lepospóndilos y seymouriamorfos) y Lissamphibia (temnospóndilos); 2) adultos de especies de anuros vivientes; y 3) adultos y series ontogenéticas de salamandras vivientes y de *Apateon pedestris*, un temnospóndilo neoténico del Carbonífero-Pérmico. Estas mediciones se analizaron conjuntamente con aquellas de amniotas del grupo corona utilizadas en los estudios previos sobre el tema.

Al analizar gráficos ternarios de proporciones de los miembros se recupera que los tetrápodos paleozoicos y las salamandras ocupan una misma región restringida del morfoespacio, diferente a la que ocupan los amniotas del grupo corona. En particular, los tetrápodos paleozoicos y las salamandras se caracterizan por estilopodios más largos que los de los amniotas. En cambio, los anuros ocupan una región intermedia, solapándose parcialmente con la región de amniotas en el miembro anterior y completamente en el posterior. Por otro lado, se observa que las proporciones de los miembros se mantienen constantes a través de la ontogenia en salamandras y *Apateon*, coincidiendo con lo documentado previamente en amniotas. Esto indica que la ocupación de un área del morfoespacio diferente a la de amniotas no se debe a tasas diferenciales de crecimiento entre los segmentos del quiridio.

Estos resultados sugieren que la evolución de los miembros ha sido sesgada por mecanismos del desarrollo desde el origen de Tetrapoda, pero no hacia las mismas proporciones documentadas en amniotas del grupo corona. Es interesante destacar que el patrón de distribución en el morfoespacio observado para los distintos clados de tetrápodos vivientes y para los lissanfibios troncales es consistente con los dos tipos de secuencias de formación de los elementos del quiridio: mientras que los amniotas y los anuros se caracterizan por un desarrollo con dominancia postaxial

(i.e., los huesos postaxiales se forman antes que los preaxiales), las salamandras poseen un desarrollo preaxial. Si bien clásicamente se consideraba que el tipo de desarrollo preaxial era derivado y exclusivo de salamandras, se ha mostrado que los lissanfios troncales probablemente poseían este tipo de desarrollo, por lo que la dominancia postaxial de anuros sería derivada dentro de Lissamphibia y homoplásica respecto a amniotas. Por otro lado, estudios del desarrollo de aletas pares de peces pulmonados y la inducción exitosa de un desarrollo preaxial en ratones sugieren que éste último tipo podría ser el ancestral para Tetrapoda. En este sentido, si la distribución en el morfoespacio efectivamente reflejara el tipo de polaridad, tanto los tetrápodos troncales como los amniotas troncales habrían tenido un desarrollo preaxial, de manera que el tipo postaxial de los amniotas actuales habría evolucionado dentro de este linaje en nodos más cercanos al grupo corona.

Aportes a la paleobiología de los cachalotes (Cetacea, Odontoceti, Physeteroidea) desde el Mioceno de Patagonia, Argentina: el caso del olvidado *Idiorophus patagonicus* (Lydekker, 1893)

Florencia Paolucci^{1,2}; Mónica R. Buono^{2,3}; Marta S. Fernández^{1,2}

¹División Paleontología Vertebrados, Unidades de Investigación Anexo Museo, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, 60 y 122, 1900, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET).

³ Instituto Patagónico de Geología y Paleontología, CCT CONICET-CENPAT. Bvd. Brown 2915, 9120, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

Contacto: paolucciflorencia@fcnym.unlp.edu.ar; martafer@fcnym.unlp.edu.ar;

buono@cenpat-conicet.gob.ar

Los cachalotes, o Physeteroidea, están representados actualmente por 3 especies: el cachalote gigante actual (*Physeter macrocephalus*), y los cachalotes enano y pigmeo (*Kogia sima* y *K. breviceps*). Estas especies comparten un hábito buceador, una alimentación por succión basada principalmente en cefalópodos, reducción de dientes superiores y la presencia del órgano del espermaceti extendido a lo largo del rostro en una concavidad o cuenca supracranial. Sin embargo, se diferencian marcadamente en sus tamaños corporales (formas gigantes y enanas) y en la longitud de sus rostros (longirostría en *Physeter* y brevirrostría en *Kogia* spp.). Durante el Mioceno, los fiseteroideos estaban representados por una gran diversidad de especies y formas que presentaban características anatómicas y ecológicas distintas a las de sus representantes actuales. Un ejemplo de ello son los cachalotes patagónicos extintos recuperados de las formaciones Gran Bajo del Gualicho, Río Negro (*Cozzuoliphyseter rionegrensis* y aff. *Livyatan*) y Gaiman, Chubut (*Diaphorocetus poucheti* e *Idiorophus patagonicus*). En este trabajo se analizó en detalle la especie *Idiorophus patagonicus* que fue descrita por Lydekker en 1893 y que desde ese momento no fue re-examinada. Se estudiaron aspectos taxonómicos, filogenéticos y paleobiológicos vinculados con la alimentación y el tamaño corporal. Para inferir el método de alimentación, se analizó cuali y cuantitativamente la morfología

rostral (e.g., utilizando índice rostral, forma del rostro, el grado de tubularidad, el cierre o apertura del canal mesorostral, la convexidad o concavidad dorsal del rostro), mientras que para estimar el largo corporal se utilizó como proxy el ancho del rostro a nivel de las muescas anterorbitarias. Los caracteres relevados fueron optimizados en la filogenia, reconstruyendo los estados ancestrales utilizando el software Mesquite. Los análisis de la anatomía del rostro muestran que *Idiorophus* presenta un rostro longirostro, con forma de cuello de botella, tubular y con las premaxilas superpuestas (la izquierda sobre la derecha), característica que sólo comparte con *Rhaphicetus* del Mioceno Temprano de Perú. Esta superposición de las premaxilas se traduce en una superficie dorsal convexa y es interpretada como un refuerzo de la estructura del rostro para, por ejemplo, resistir movimientos laterales. Con respecto al tamaño corporal, *Idiorophus* sería un cachalote de mediano tamaño (cinco metros), superando a otras formas del Mioceno temprano. La reconstrucción de estados ancestrales muestra que la condición ancestral de todos los fiseteroideos era un tamaño mediano y que el tamaño corporal grande (mayor a cinco metros) se adquirió de manera convergente en el grupo a lo largo de su historia evolutiva (*Idiorophus*, *Zygophyseter*, *Brygmophyseter*, *Aulophyseter*, *Physeter*, *Livyatan* y posiblemente *Angelocetus*, *Rhaphicetus* y *Cozzuoliphyseter*). Por otro lado, se observó que el rostro tubular estaría presente en el grupo, al menos, desde el Mioceno Temprano y habría aparecido paralelamente en Scaphokogiinae, *Rhaphicetus*, *Idiorophus* y posiblemente *Albicetus*. Estas características junto con la presencia de dientes superiores e inferiores funcionales sugerirían que *Idiorophus* presentaba una alimentación principalmente raptorial, en la que atraparía a las presas (e.g., peces de mediano tamaño) utilizando movimientos laterales. Estas especializaciones ecomorfológicas contrastan notoriamente con formas coetáneas tales como *Diaphorocetus poucheti* (Mioceno Temprano; Formación Gaiman), que presenta un tamaño corporal pequeño, un rostro no tubular y una alimentación basada en peces pequeños donde implementaría un método de alimentación combinado entre raptorial y por succión. Esta diferencia entre las dos especies patagónicas sugiere una partición de nichos en la comunidad de fiseteroideos del Mioceno Temprano en Patagonia.

Encefalización y flexión del basicráneo en Primates Simiiformes

J. Blumina Romero¹; Jimena Barbeito Andrés²; Paula N. Gonzalez²; Sergio Iván Perez³

¹Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP).

²Unidad Ejecutora de Estudios en Neurociencias y Sistemas Complejos (ENyS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Naturales y Museo (FCNyM).

³Museo Histórico y Arqueológico "Ricardo Pascual Rosa" - Municipalidad de Senillosa [Neuquén] Gobierno de la Provincia del Neuquén; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); Facultad de Ciencias Naturales y Museo, (FCNyM).

La diversificación fenotípica en el esqueleto craneal ha sido ampliamente investigada en vertebrados, especialmente en relación con el aumento del tamaño cerebral. Se ha propuesto que la variación en la dieta y el tamaño corporal son factores importantes en esta diversificación. También

se ha estudiado la relación entre el tamaño del cerebro y la base del cráneo, y se ha sugerido que el aumento en el tamaño del cerebro puede haber generado cambios en la flexión de la base craneal (hipótesis del empaquetamiento espacial), estando más flexionada en las especies más encefalizadas. Los primates catarrinos y platirrininos (infraorden Simiiformes) atravesaron procesos de encefalización independientes, por lo que representan una gran oportunidad para estudiar este fenómeno evolutivo. La hipótesis del empaquetamiento espacial ha sido estudiada en homínidos, pero aún no se ha evaluado sistemáticamente en Primates, incluyendo una mayor diversidad de especies.

En el presente trabajo empleamos métodos filogenéticos comparativos y de morfometría geométrica para analizar la diversificación y la convergencia en la forma de la base del cráneo en catarrinos y platirrininos, prestando especial atención a su flexión, y evaluamos su asociación con el grado de encefalización absoluta y relativa.

Debido a que la relación entre el tamaño del cerebro y la base del cráneo se ha explicado bajo la hipótesis del empaquetamiento espacial, que propone que la base del cráneo está más flexionada en especies más encefalizadas o con cerebros de mayor tamaño, nuestra hipótesis es la existencia de convergencia en la forma de la base del cráneo en especies encefalizadas.

Para ello, primero obtuvimos de la literatura estimaciones del volumen endocraneano. Luego describimos la forma y el tamaño de la base del cráneo a partir de coordenadas de puntos digitalizadas sobre modelos tridimensionales de cráneos, realizados a partir de 174 tomografías computadas de 44 especies de Primates Simiiformes: 18 cercopitécidos, 9 hominoideos (=27 catarrinos) y 17 platirrininos. A partir de estas coordenadas calculamos el ángulo de flexión del basicráneo para cada especie y realizamos análisis de morfometría geométrica para describir la diversidad de formas, entre los que cabe destacar el Análisis de Componentes Principales. Para visualizar el grado de encefalización y el ángulo de flexión los mapeamos en una crono-filogenia actualizada del clado. A través de regresiones filogenéticas (PGLS) evaluamos la relación de la encefalización con la forma y la flexión del basicráneo.

Los resultados de los análisis morfométricos indican que la forma basicraneana y el grado de encefalización están correlacionados en estos primates, pero la encefalización solo explica parcialmente la flexión. Los análisis filogenéticos muestran que tanto la encefalización como los patrones de forma de la base del cráneo presentan una señal filogenética, es decir, especies cercanamente relacionadas son más similares en estas características que especies más distantes.

Este estudio aporta una visión comparativa a la discusión sobre la evolución del cerebro en primates.

Análisis macroevolutivo de la diversidad de los mamíferos depredadores de América del Sur del orden Sparassodonta (Metatheria) durante el Cenozoico

F. J. Prevosti^{1,2}; S. D. Tarquini³; C. Suarez⁴; A. M. Forasiepi^{2,4}; M.A. Chemisquy^{1,2}

¹Museo de Ciencias Antropológicas y Naturales de la Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

³Centre de Recherche en Paléontologie - Paris (CR2P - CNRS, MNHN, Sorbonne Université).

⁴Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Ciencias Ambientales (IANIGLA). Av. Ruiz Leal s/n, Parque Gral. San Martín, 5500, Mendoza, Argentina.

Contacto: protocyon@hotmail.com

Los esparasodontes (orden Sparassodonta) son un grupo de metaterios endémicos de América del Sur que ocupó el rol de los depredadores continentales por más de 50 millones de años durante el Cenozoico, extinguiéndose en el Plioceno (ca. 3 Ma). El grupo se originó y diversificó cuando América del Sur estuvo aislada de otros continentes. Este clado incluye mamíferos carnívoros, insectívoros y omnívoros de entre 0,2 y más de 200 kg que ocuparon una gran diversidad de nichos ecológicos. Estudios previos han explorado los patrones evolutivos de los esparasodontes analizando el registro fósil del grupo mediante distintas metodologías. Sin embargo, ninguno ha combinado dicho registro con la información aportada por sus relaciones filogenéticas. Nuestro objetivo es estudiar la evolución de los Sparassodonta combinando la información proveniente del registro fósil y las relaciones filogenéticas. Para ello se analizaron índices de diversidad y se realizaron análisis macroevolutivos Bayesianos (BAMM-fósil). Además, se correlacionaron los índices de diversidad con factores climáticos, geológicos y con los índices de diversidad de otros grupos que coexistieron con los esparasodontes. Dichas correlaciones se realizaron mediante análisis de Convergent Cross Mapping, teniendo en cuenta la correlación temporal. Las curvas de diversidad obtenidas muestran un aumento constante de la misma desde 56 Ma. Se establece una diversidad mínima de 7 taxones entre 52 y 14 Ma, con picos de 15 o más taxones entre los 40-46, 30-26, 21 y 16 Ma. Luego de los 16 Ma la tendencia de la diversidad es negativa y el grupo desaparece hace 3 Ma. El BAMM muestra una disminución de las tasas de especiación a lo largo del tiempo y una estabilidad en las de extinción, lo cual genera una disminución de la tasa neta de diversificación que pasa a ser negativa a partir de los ca. 33 Ma. Esto último coincide con el punto medio del momento de máxima diversidad del grupo. Por su parte, los análisis de "correlación" muestran que la temperatura y el CO₂ atmosférico influenciaron positivamente la diversidad, mientras que la paleoelevación del altiplano lo hizo negativamente. A lo anterior se le suma el factor biótico en vinculación a la diversidad de las presas potenciales (relaciones positivas). Estos resultados coinciden con trabajos previos, los cuales no tuvieron en cuenta la información aportada por la filogenia del grupo. Esto da mayor soporte a la interpretación de que múltiples factores abióticos y bióticos (que excluyen la competencia intra-gremio) actuaron sobre la historia evolutiva de este grupo, encontrándose una tendencia similar entre todas las variables que presentaron una mayor influencia sobre la diversidad de esparasodontes.

Macroevolución de la Fórmula Falangeal en Tetrapoda: pasos iniciales de un estudio comparativo Integral desde la Biología Teórica

Gabriela Fontanarrosa¹; Ana Sofía Duport Bru^{1,2}; Claudia P. Tambussi³; Daniel Dos Santos^{1,2}; Daniel Garcia Lopez^{2,4}; Diego Rasskin Gutman⁶; Fernando Abdala^{5,7}; Guillermo Cassini^{8,9,10}; Javier N. Gelfo^{8,11}; Jessica Fratani⁵; Juan D. Daza¹²; Julieta Carril¹³; Leandro Aristide¹⁴; Luz Carrizo¹⁵; Mariana Viglino¹⁶; Mariano Sánchez¹⁵; María Victoria Fernandez Blanco⁹; Martín Ezcurra¹⁷; Miriam Morales^{18,19}; Miriam Vera²⁰; Néstor Toledo^{8,11}; Pablo Teta⁹; Paula Bona¹¹; Ricardo S. De Mendoza¹³; Sergio Cardozo^{18,19}; Sergio Lucero⁹; Susanna Kümme²¹; Valentina Segura⁵; Victoria Brossig¹²

¹Instituto de Biodiversidad Neotropical (IBN; CONICET-UNT), Tucumán, Argentina.

²Facultad de Ciencias Naturales e IML (UNT), Tucumán, Argentina.

³Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA; UNC-CONICET), Córdoba, Argentina.

⁴Instituto Superior de Correlación Geológica (INSUGEO; CONICET-UNT), Tucumán, Argentina

⁵Unidad Ejecutora Lillo (UEL; CONICET-FML), Tucumán, Argentina

⁶Fundación Miguel Lillo (FML), Tucumán, Argentina

⁷Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universidad de Valencia, España

⁸Evolutionary Studies Institute, University of the Witwatersrand, Johannesburgo, Sudáfrica.

⁹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas – (CONICET), Argentina.

¹⁰División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Buenos Aires, Argentina.

¹¹Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina.

¹²División Paleontología Vertebrados, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.

¹³Department of Biological Sciences, Sam Houston State University

¹⁴Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC; CONICET-FCV-UNLP), Buenos Aires, Argentina.

¹⁵Estudios en Neurociencia y Sistemas Complejos (ENyS), UNAJ-HEC, CONICET

¹⁶Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical (IBS), CONICET-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina.

¹⁷Instituto Patagónico de Geología y Paleontología (IPGP), CCT CONICET-CENPAT, Puerto Madryn, Chubut.

¹⁸Sección Paleontología de Vertebrados, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia”, Buenos Aires, Argentina.

¹⁹Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA, CONICET-UNJu).

²⁰Centro de Estudios Territoriales Ambientales y Sociales (FCA-UNJu).

²¹Institute of Evolutionary Biology and Morphology, Center for Biomedical Education and Research, Faculty of Health, School of Medicine, University Witten/Herdecke, Alfred-Herrhausen-Strasze 50, 58448 Witten, Germany.

El origen del acropodio (región del autopodio formada por las falanges) junto con el metapodio (metacarpales y metatarsales) representó un gran hito evolutivo en el contexto de la transición de aletas a miembros en los rhipidistios coanados. Los tetrápodos actuales tienen cinco dígitos o menos. Sin embargo, entre los primeros tetrápodos (*sensu lato*) del Paleozoico tardío, se superó esa cantidad (polidactilia). El número de falanges por dígito varía ampliamente y puede codificarse mediante una Fórmula Falangeal (FF) que indica el número secuencial de falanges por dedo. Aquí presentamos un proyecto que involucra a evolucionistas teóricos y especialistas de diferentes linajes de tetrápodos, cuyo objetivo es producir una base de datos de FFs a gran escala en términos de resolución taxonómica y temporal. Una base de datos de estas características es imprescindible para estudiar la evolución morfológica de los miembros de los tetrápodos. Proponemos tres líneas principales de estudio: i) análisis de patrones de ocupación del morfoespacio; ii) análisis del tiempo y modo evolutivo mediante el estudio de sus trayectorias evolutivas utilizando la teoría de redes; y iii) análisis de modelos de generación de formas que expliquen la diversidad de fórmulas falangeales. Considerando esta tercera línea de análisis, proponemos representar las FFs del acropodio como una matriz bidimensional utilizando como ejes la dimensión lateral para el arreglo secuencial de los dedos (eje X) y la dimensión proximodistal para la organización secuencial de las falanges dentro de cada dígito (eje Y). Tratando cada falange como una unidad estructural discreta y observando sus relaciones de proximidad, se describe la conectividad local de cada falange mediante una sub-matriz binaria de 3x3. Este enfoque utiliza el concepto de vecindad para explorar reglas locales que podrían influir en la formación de las falanges durante el desarrollo embrionario. Dada la sub-matriz de 3x3 en la que cada una de sus 9 celdas está o no ocupada por una falange, existen 512 diseños posibles (2^9) o sub-matrices topológicamente distintas. Por ejemplo, en la FF plesiomórfica de la mano de los amniotas (2-3-4-5-3) se identificaron 19 diseños específicos. Algunos de estos diseños muestran una simetría inherente, indicando posibles ejes que atraviesan determinadas falanges que podrían ser críticos para la evolución del desarrollo de la FFs. De esta manera, pretendemos detectar caracteres compartidos (patrones) en la FFs de tetrápodos mediante el análisis de todos sus elementos y de los diseños que derivan de su disparidad morfológica, así como medir la simetría en términos de conteo y topología, priorizando las relaciones entre los elementos del acropodio sin considerar otros atributos como la forma (incluyendo el tamaño). Esta línea de análisis podría derivar en el estudio de patrones de simetría que permanecen ocultos para otras abstracciones de la forma. Además, este enfoque podría proporcionar información sobre restricciones topológicas impuestas en diferentes falanges por su ubicación en el espacio ortogonal del acropodio.

El rol de la historia evolutiva en la arquitectura de los tipos de patas de aves

Julieta Carril¹; Ricardo S. De Mendoza¹; Federico J. Degrange²; Claudio G. Barbeito¹; Claudia P. Tambussi²

¹Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)- Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV, UNLP).

²Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), CONICET, Universidad Nacional de Córdoba (UNC).

La trayectoria evolutiva de las aves condujo a un patrón arquitectónico que caracteriza a su plan corporal y a la variación adaptativa de sus miembros posteriores. La diversidad morfológica en los tipos de patas (*e.g.*, anisodáctila, didáctila, zigodáctila, palmada, etc.) está acompañada de un sistema también diverso de músculos, que se relacionan con una amplia variedad de habilidades locomotoras vinculadas con diferentes estilos de vida. Se propone aquí explorar los factores que potencialmente podrían haber conducido a la diversidad morfológica en el sistema músculo-esquelético de las patas de las aves mediante un Análisis de Redes Anatómicas en R. Para ello, se construyeron multi-redes anatómicas de las patas de 62 especies representativas de los principales órdenes de Aves. Las especies se clasificaron según sus tipos de patas y en función de sus estilos de vida primarios (*i.e.*, uso preponderante del tipo de sustrato). Se consideró al tarsometatarso, el metatarsal 1, las falanges y los músculos de los dígitos como nodos. Las conexiones se representaron como enlaces sin peso ni dirección entre pares de nodos y se codificaron en matrices de adyacencia. Con los parámetros de las redes anatómicas obtenidos se realizó un análisis de componentes principales y también se generó un filomorfoespacio en base a una filogenia molecular calibrada. Finalmente, se evaluó la señal filogenética de los parámetros de las redes anatómicas bajo un modelo de evolución de movimiento browniano. Los dos primeros componentes principales (PC) explican el 72,22% de la varianza. Los valores positivos del PC1 se relacionan con el número de conexiones, el grado promedio y el coeficiente de agrupamiento promedio; mientras que los valores negativos se relacionan con la longitud media del camino más corto y el diámetro de la red. Por su parte, los valores positivos del PC2 se relacionan con el número de nodos y la heterogeneidad; mientras que los valores negativos se relacionan en menor grado con la densidad de conexiones. La mayoría de las aves se dispersan alrededor del centro del filomorfoespacio, excepto por cuatro especies que se ubican en extremos opuestos y separadas del resto: *Opisthocomus* se ubica en el extremo positivo del PC1, *Pterocles* en el extremo negativo del PC1, *Colius* en el extremo positivo del PC2 y *Struthio* en el extremo negativo del PC2. Al comparar la distribución de las especies en el filomorfoespacio según el tipo de pata, las anisodáctilas presentan la mayor diversidad morfológica, ocupando la mayor parte del filomorfoespacio. El resto de los tipos de patas confluyen en las proximidades del centro, excepto por la didáctila exclusiva de *Struthio* y la 'multidáctila' exclusiva de *Colius* (categoría aquí propuesta por la capacidad de la especie de rotar el primer y el cuarto dígito craneal o caudalmente, pudiendo optar por una disposición aniso-, zigo- o pamprodáctila). Según el estilo de vida primario, las aves terrestres y arborícolas ocupan una mayor

porción del filomorfoespacio, mientras que las aves acuáticas e hiperaéreas se agrupan en el centro. La señal filogenética de los parámetros de redes anatómicas analizados fue alta, excepto para la parcelación. Esto indica que la mayoría de los parámetros contienen más señal filogenética de lo esperado por azar. Se concluye entonces que la conectividad del sistema músculo-esquelético de las patas de las Aves y la distribución de las especies en el filomorfoespacio está más relacionada a la historia evolutiva que al tipo de pata y al estilo de vida primario.

Tasas de evolución molecular y de diversificación. ¿Están relacionadas? Un estudio en Primates

Leandro Aristide^{1,2,3}; H  l  ne Morlon¹

¹  cole Normale Sup  rieure, Paris Sciences et Lettres (PSL) Research University, Institut de Biologie de l'  cole Normale Sup  rieure (IBENS), CNRS UMR 8197, INSERM U1024, 46 rue d'Ulm, F-75005 Paris, Francia.

²Estudios en Neurociencia y Sistemas Complejos (ENyS), Universidad Nacional Arturo Jauretche - Hospital El Cruce, Av. Calchaqu   5401, CP1882. Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Cient  ficas y T  cnicas (CONICET), Argentina.

Contacto: leandroaristi@gmail.com

Seg  n la teor  a evolutiva moderna, los cambios que ocurren a nivel gen  tico-molecular, de poblaci  n (ej. frecuencias al  licas) y de biodiversidad (ej. formaci  n de nuevas especies) son el resultado de un proceso evolutivo com  n. En consecuencia, se espera que las tasas a las que ocurren estos cambios est  n relacionadas. De hecho, previamente se ha observado una correlaci  n positiva entre la evoluci  n molecular y las tasas de diversificaci  n en algunos clados a grandes escalas filogen  ticas. Sin embargo, en la actualidad se desconoce si esta es una caracter  stica com  n de la diversificaci  n macroevolutiva.

En este estudio, investigamos la asociaci  n filogen  tica a nivel de linajes (ie. ramas del   rbol filogen  tico) entre la diversificaci  n y las tasas moleculares en la radiaci  n de Primates, un gran orden de mam  feros con m  s de 400 especies. Estimamos tasas de sustituci  n por rama utilizando calibraciones f  siles para alineamientos de ADN nucleares y mitocondriales con una longitud total de ~60,000 pares de bases para 367 especies. Adem  s, estimamos tasas de especiaci  n por rama utilizando un modelo de diversificaci  n filogen  tica desarrollado recientemente (ClADS). Las correlaciones filogen  ticas entre las estimaciones por rama de las tasas moleculares y de especiaci  n revelaron un patr  n complejo de asociaciones.

Interesantemente, mientras las tasas de sustituci  n mitocondrial mostraron una correlaci  n positiva con la especiaci  n, las correlaciones fueron negativas para las tasas nucleares. Adem  s, dentro del alineamiento mitocondrial, la asociaci  n con la especiaci  n fue m  s fuerte en las particiones menos neutrales (posiciones 1 y 2 del cod  n en regiones codificantes y en ARN mitocondrial) que en una m  s neutral (posici  n 3 del cod  n). Proponemos posibles mecanismos que involucran la interacci  n entre factores demogr  ficos y de historia de vida que podr  an ayudar a

explicar estos patrones contrastantes de asociaciones entre las tasas de diversificación y evolución molecular. Estos resultados tienen interesantes implicancias para comprender los procesos de diversificación macroevolutiva.

Filogenia y evolución del tamaño corporal en los Abderitidae (Marsupialia: Paucituberculata)

M. A. Abello¹; M. E. Pérez²

¹Laboratorio de Sistemática y Biología Evolutiva (LASBE), Facultad de Ciencias Naturales y Museo (UNLP), Paseo del Bosque s/nº, B1900FWA, La Plata, Argentina. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Museo Paleontológico Egidio Feruglio, Trelew, Argentina; Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

Los Abderitidae son un grupo de pequeños marsupiales sudamericanos, pertenecientes a los Paucituberculata (los actuales cenoléstidos más sus parientes extintos). Entre los paucituberculados, fue el grupo que alcanzó la mayor especialización dentaria (complejo plagiaulacoideo) que evolucionó de manera convergente a la de ciertos mamíferos como los marsupiales burrámidos diprotodontes y primates plesiadapiformes. Los abderítidos surgieron como parte de una amplia radiación adaptativa de los paucituberculados entorno a la transición Eoceno-Oligoceno (~33 Ma), la cual estuvo probablemente vinculada a los profundos cambios climático-ambientales ocurridos en ese lapso del Cenozoico.

Este trabajo tiene como objetivo analizar el impacto del conocimiento de un nuevo abderítido (Abderitidae sp. nov. Oligoceno Tardío, Patagonia), en la sistemática y evolución del tamaño corporal de este linaje especializado de Paucituberculata.

En este estudio se incluyó la nueva especie en una matriz cladística (85 caracteres cráneo-dentarios) revisada de los paucituberculados, la cual fue objeto de un análisis en TNT 1.5-beta, bajo pesos implicados. Con el fin de analizar la evolución del tamaño, se estimó su tamaño corporal utilizando una ecuación predictiva basada en el área del segundo molar inferior. Considerando los tamaños conocidos de los restantes paucituberculados, se aplicó Parsimonia Lineal con TNT en la reconstrucción de los tamaños ancestrales. La nueva hipótesis filogenética fue calibrada mediante el método 'equal' implementado en *paleotree* (paquete R).

Se estimó un tamaño corporal de 44g. para Abderitidae sp. nov. El resultado principal del análisis filogenético es la ruptura de la monofilia del clado *Parabderites*. La nueva topología –(*P. bicrispatus*, *P. minimus*, Abderitidae sp. nov, (*Pitheculites* + *Abderites*))–, implica una evolución distinta del tamaño corporal, respecto de hipótesis previas. La reconstrucción del ancestro de *Pitheculites*+*Abderites* es de tamaño pequeño (44g-86g). El linaje de *Pitheculites* spp. se caracteriza por una ausencia de cambios de tamaño manteniéndose dentro del rango de tamaños pequeños (≤ 108g). Se identifica, en cambio, una tendencia a un marcado aumento del tamaño corporal en el linaje *Abderites* (de 44g-86g a 517g; 500% de incremento total) desde, probablemente, el Oligoceno

Tardío hasta el Mioceno Medio. Las especies de ambos linajes que coexistieron en el espacio y tiempo (simpátricas) difieren marcadamente en tamaño (*Abderites* spp. entre 7 y 8 veces más grandes que *Pitheculites* spp.). Esto se observa en yacimientos del Mioceno Temprano (localidad de Gran Barranca, Argentina) y Medio (localidades de Alto Río Cisnes, Chile y Cañadón del Tordillo, Argentina).

Desde el Oligoceno Tardío a inicios del Mioceno Medio, las condiciones climático-ambientales en Patagonia fueron en general cálidas y húmedas. Especialmente en el Oligoceno Tardío y principios del Mioceno Medio es cuando se verifican óptimos climáticos. Bajo estas condiciones el linaje *Abderites* experimentó una tendencia al aumento de tamaño. Dadas las características climáticas mencionadas para el Oligoceno-Mioceno Medio, una explicación del aumento evolutivo del tamaño por influencia de factores abióticos como la temperatura (regla de Bergman), no puede ser considerada.

Alternativamente, se puede sugerir que presiones selectivas bióticas tales como la competencia interespecífica y el resultante desplazamiento de caracteres, podrían explicar el aumento de tamaño en *Abderites* y la amplia diferenciación en tamaño entre las especies de este linaje y las de *Pitheculites* spp. Las especies de *Abderites* spp. y *Pitheculites* spp. son morfológicamente muy semejantes y comparten un mismo tipo de complejo plagiulacoideo; por lo tanto, la divergencia en tamaño podría ser la expresión de una efectiva partición de nicho, la cual habría facilitado la coexistencia de estas especies en los paleoecosistemas miocénicos de Patagonia.

La nueva especie de Abderitidae aquí estudiada, es uno de los abderítidos de menor tamaño conocido y una de las especies más antiguas reportadas para este grupo. Su estudio permitió reconsiderar la historia evolutiva de los abderítidos, aportando importante información filogenética y paleoecológica.

Evolución de la quinesis craneal en Furnariidae (Aves: Passeriformes)

Manuel I. Stefanini^{1,2,3}; Pablo S. Milla Carmona⁴; Valentina Gómez-Bahamon⁵; Nicolás Mongiardino Koch⁶; Ignacio M. Soto^{1,2}; Raúl O. Gómez⁷; Kristof Zyskowski⁸; Claudia P. Tambussi⁹

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB). Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), UBA. Buenos Aires, Argentina.

³Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Universidad Nacional de Córdoba - CONICET.

⁴Departamento de Ciencias Geológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Estudios Andinos 'Don Pablo Groeber' (IDEAN, CONICET-UBA), Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

⁵Negaunee Integrative Research Center, The Field Museum of Natural History, Chicago, USA

⁶Department of Geology and Geophysics and Peabody Museum of Natural History, Yale University, New Haven, USA.

⁷Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CONICET. Buenos Aires, Argentina.

⁸Peabody Museum of Natural History, Yale University, New Haven, CT, USA.

⁹Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

Contacto: nachostefanini@gmail.com

Los furnáridos comprenden más de 300 especies que ocupan todo tipo de ambientes a lo largo del Neotrópico. A nivel de morfología craneal, se destacan entre los passeriformes por contar con especies con dos tipos diferentes de quinesis: proquinesis (rostro sin movilidad interna) y rincoquinesis proximal (rostro con cierta movilidad interna). El surgimiento de la rincoquinesis proximal en distintas ocasiones dentro de la familia como así también la evolución de morfotipos proquinéticos robustos en diferentes linajes, sugiere que los tipos de quinesis constituyen la base de distintos ecomorfos que han evolucionado de manera convergente. A la fecha, sin embargo, esta hipótesis no ha sido puesta a prueba de manera formal. En el presente trabajo identificamos por vez primera el tipo de quinesis craneal (i.e., proquinesis o rincoquinesis proximal) en 106 especies de furnáridos utilizando rasgos discretos y realizamos una reconstrucción de estados ancestrales utilizando una hipótesis filogenética reciente de la familia para reconocer los eventos de aparición de cada morfotipo. Luego, para un subgrupo de 85 especies cuantificamos la morfología del cráneo en vista lateral utilizando 17 landmarks 2D y tres curvas de semilandmarks deslizantes que capturaron los contornos del rostro y narinas. Mediante métodos comparativos filogenéticos evaluamos si el tipo de quinesis se correlaciona con la forma de rasgos cuantitativos del rostro y del neurocráneo en forma independiente (resultados previos indican que estas dos regiones del cráneo han evolucionado de manera modular en furnáridos). A su vez, evaluamos la contribución del cambio alométrico y de la ancestría común a la variación de la forma. Utilizando fenogramas, filomorfoespacios y análisis de agrupamiento, se identificaron regímenes de convergencia evolutiva exclusivos para especies que presentan rincoquinesis proximal y para aquellas con proquinesis, así como también regímenes de

convergencia mixtos con al menos un representante de ambos tipos de quinesis. Luego, estos regímenes de convergencia potenciales fueron evaluados a través análisis de convergencia basados en medidas C_{1-4} . La reconstrucción de estados ancestrales indica que la rincoquinesis proximal habría evolucionado al menos tres veces de manera independiente y los morfotipos proquinéticos robustos al menos dos veces a partir de ancestros proquinéticos gráciles. Las regresiones lineales filogenéticas y los análisis de disparidad morfológica muestran que ambos tipos de quinesis se correlacionan con distintos rasgos cuantitativos a priori no asociados a la quinesis, no solo en el rostro sino también en el neurocráneo de los furnáridos. Además, el cambio alométrico ha contribuido de manera significativa a la diferenciación morfológica de cada tipo de quinesis. Aunque gran parte de la variación relacionada con la quinesis se explica por ancestría común, una porción significativa es explicada por cambio evolutivo reciente, el cual sería en parte producto de fenómenos de convergencia dado que seis de los ocho regímenes de convergencia potenciales resultaron significativos en los análisis de medidas C. Estos resultados son congruentes con estudios previos que indican que el cráneo de los furnáridos ha evolucionado de manera constreñida en torno a dos óptimos adaptativos coincidentes con los tipos de quinesis craneal. Futuros estudios permitirán profundizar en el reconocimiento de patrones ecomorfológicos asociados a los tipos de quinesis y arrojar luz sobre el rol de estos durante la radiación adaptativa de la familia.

The specialized generalist bird: swimming and diving morphology in the postcranium of Coots (*Rallidae*, *Fulica*) and its convergence with foot-propelled divers

Ricardo S. Mendoza¹; Julieta Carril¹; Federico J. Degrange²; Claudia P. Tambussi².

¹Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC) - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV, UNLP) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), CONICET, Universidad Nacional de Córdoba (UNC).

Many birds from different clades have the ability to dive. Foot-propelled diving is the primary locomotion style for feeding in many birds, including those within families such as Phalacrocoracidae (cormorants and shags), Anhingidae (darters), Podicipedidae (grebes), Gaviidae (loons), and some Anatidae (seaducks, pochards, and stiff-tailed ducks). These birds have independently evolved several morphological features in their respective clades, like a dorsoventrally curved femur and a proximally long crista cnemialis cranialis in the tibiotarsus. Birds within Rallidae exhibit a wide array of habitats and behaviors, ranging from ground-dwelling in densely vegetated marshes to surface swimming and diving in aquatic environments, the latter being represented by the genus *Fulica*. We aim to compare the osteology of the diver *Fulica* with closely related and non-diving Rallidae, and with distantly related foot-propelled diving birds. We considered classical osteological characters, and the proportion of the hind limb bones (femur, tibiotarsus and tarsometatarsus) and the femoral

splay angle (the angle of abduction of the femur with the midline of the synsacrum) by using skeletons of *Fulica* sp. (n = 17), *Aramides* sp. (n = 5), *Gallinula* sp. (n = 2), *Laterallus* sp. (n = 1), *Pardirallus* sp. (n = 6), *Porphyrio* sp. (n = 4), *Porzana* sp. (n = 7) and *Rallus* sp. (n = 3), housed in the ornithological collections from the Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CIT-O) and the Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” (MACN), Argentina.

Some characters of diving birds are present in non-diving Rallidae, like narrow sternum, ribcage and pelvis; and a dorsoventrally curved femur. On the contrary, in the most aquatic Rallidae (*Gallinula* and *Fulica*) the sternum is broader than in terrestrial Rallidae, and closer to a non-diving duck. Only *Fulica* has some characteristics typical of foot-propelled divers, such as a pelvis with long post-acetabular portion, robust femur, long tibiotarsus with long crista cnemialis cranialis, flat cranial surface of tibiotarsus, and both tibiotarsal condyli medially displaced (with a large condylus medialis). However, *Fulica* also lacks some other typical characteristics of foot-propelled divers, such as a markedly narrow sternum and ribcage, femur lacking trochanter (also present in cormorants and darters), large lateral rim of trochlea fibularis, and the absence of proximodistal torsion of tarsometatarsus (also absent in cormorants and darters).

We measured the femoral splay angle. This is larger in foot-propelled diving birds than in non-divers. In the case of *Fulica*, this angle is shorter than in foot-propelled diving birds, but larger than in other Rallidae. We measured the length of the femur, tibiotarsus and tarsometatarsus and plotted the raw measurements as percentages in a ternary plot. All specimens occupy a very small portion of the morphospace, with *Fulica* having a proportionally longer tibiotarsus.

Many features of the morphology of *Fulica* are convergent with foot-propelled divers, and thus, can be considered as adaptations. However, some other features are present in non-diving Rallidae, and thus, can be thought as exaptations to diving in *Fulica*. Additionally, the broad sternum in *Fulica* and *Gallinula* may be related to surface buoyancy, like in ducks, and may be considered as a novelty, since the sternum is narrow in both foot-propelled divers and in non-diving Rallidae. This study represents an advance in our understanding of the early acquisitions of the highly specialized morphology of foot-propelled divers in a generalist bird.

Morfometría geométrica 3D del cráneo en Bufonidae (Anura) y su evolución vinculada al tamaño corporal, capacidad dispersiva y filogenia

Tomas Ventura¹; Raul O. Gomez^{1,2}

¹Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental (DBBE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN), Universidad de Buenos Aires (UBA), Ciudad Universitaria, C1428EGA Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Godoy Cruz 2290, C1425FQB Buenos Aires, Argentina.

Bufonidae es una familia de anfibios anuros que incluye a los comúnmente llamados sapos. El grupo está compuesto por más de 600 especies en 53 géneros, distribuidas naturalmente por las

Américas, África y Eurasia. Esta diversidad se estructura filogenéticamente en una serie de linajes basales sudamericanos y del Caribe, un clado del Nuevo Mundo y otro del Viejo Mundo. El grupo presenta una importante diversidad ecológica y morfológica, con gran variedad de tamaños. La expansión del grupo desde Sudamérica hacia otros continentes se ha vinculado con una serie de rasgos de su historia de vida, incluyendo el tamaño corporal. En anuros, un mayor tamaño corporal típicamente está asociado a cráneos más anchos, lo cual les permite consumir presas de mayor tamaño ya que son predadores limitados por su apertura bucal. Sin embargo, las relaciones entre tamaño corporal y conformación del cráneo en bufónidos, y esta última con la capacidad dispersiva, no han sido analizadas a una escala macroevolutiva. Para esto utilizamos morfometría geométrica 3D sobre modelos digitales derivados de la micro-tomografía computada de rayos X y métodos comparativos filogenéticos que permitieran evaluar la señal del tamaño corporal, la filogenia y el área de distribución geográfica (proxy de la capacidad dispersiva) en la evolución del cráneo en Bufonidae. Se colocaron 32 landmarks para capturar la conformación del cráneo de 59 especies de distintas partes del mundo, representando 38 géneros. El alineamiento de Procrustes y los análisis se realizaron en R con los paquetes geomorph y phytools, considerando filogenias moleculares recientes. El análisis de Componentes Principales (PCA) de la conformación mostró que las especies se distribuyen en el PC1 parcialmente de acuerdo a su tamaño corporal, sugiriendo un patrón alométrico. Ésto es confirmado por el análisis de Cuadrados Mínimos Generalizados Filogenéticos (PGLS) que mostró una correlación significativa entre la conformación y tamaño corporal. El patrón observado en bufónidos concuerda con el patrón de alometría evolutiva craneana de anfibios, donde especies más grandes tienden a tener cráneos relativamente más anchos, cortos y altos. El PGLS también recuperó una correlación significativa entre el tamaño y el área de distribución, pero no entre la conformación y esta última. A su vez, diferentes grupos ocupan dominios distintivos del morfoespacio, con las formas basales sudamericanas separadas de aquellas del clado del Nuevo Mundo, mientras que las del Viejo Mundo ocupan un dominio más amplio y superpuesto a los grupos anteriores. Esto se refleja parcialmente en los valores de señal filogenética obtenidos para la conformación craneana, los cuales son menores de lo esperado bajo un modelo de evolución Browniana. La optimización del tamaño y la conformación apoya la hipótesis de que la expansión de Bufonidae estaría vinculada a un aumento del tamaño corporal, pero también a una concomitante aparición de cráneos anchos, cortos y altos. Este fenotipo habría evolucionado antes de la divergencia de los clados de Nuevo y Viejo Mundo, pero no en formas basales sudamericanas, caracterizadas por cráneos proporcionalmente más angostos, largos y bajos. Este último tipo de cráneo evolucionó de manera independiente varias veces en el clado del Viejo Mundo, pero no así en el de Nuevo Mundo, quizás debido a la competencia de las formas basales ya existentes en Sudamérica. Resultará interesante seguir explorando qué otros factores bióticos y abióticos pudieron haber tenido impacto en la evolución de este diverso grupo de anuros.