ISSN 0065–1729

ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 69, SUPLEMENTO

II Congreso Latinoamericano de Evolución (CLEVOL)

VI Reunión Argentina de Biología Evolutiva

XVII Reunión Anual de la Sociedad Chilena de Evolución

Society for Molecular Biology and Evolution Regional Meeting –Tucumán

RESÚMENES DE LOS TRABAJOS PRESENTADOS

Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN – ARGENTINA
— 2025 —

ACTA ZOOLÓGICA LILLOANA | 69 (Suplemento Evolución) | 2025

ACTA ZOOLÓGICA LILLOANA

Serie periódica de la Fundación Miguel Lillo, fundada en 1943. Su objetivo es difundir trabajos originales en campos de investigación relacionados con la zoología, tales como taxonomía, sistemática, morfología, anatomía, histología, fisiología, genética, ecología, biogeografía, paleontología, evolución, biodiversidad, conservación biológica, manejo de fauna silvestre, etología, zootecnia, bienestar animal y educación en ciencias.

ISSN 1852-6098 (en línea)
URL: http://actazoologica.lillo.org.ar

Fundación Miguel Lillo, 2025.

Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, (4000) San Miguel de Tucumán, Argentina.
Telefax +54 381 433 0868
www.lillo.org.ar

Director de Investigaciones:

David Flores (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).
<daflores@lillo.org.ar>

Editores Área Zoología:

Juan Felipe Castro (Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Tucumán, Argentina).
<jfcastro@lillo.org.ar>

María Elisa Fanjul (Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Tucumán, Argentina).
<mefanjul@csnat.unt.edu.ar>

Editor gráfico:

Gustavo Sánchez (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).
<gsanchez@lillo.org.ar>

Editor web:

Andrés Ortiz (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).
<webmaster@lillo.org.ar>

Equipo editorial completo:

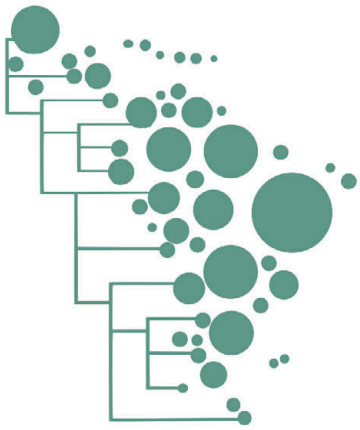
Consultar aquí.

Ref. bibliográfica:
Fanjul, M. E.; Fontanarrosa, G.; Gabriela Nadra, M. G.; Sandoval Salinas, M. L.; Hankel, G.; Fratani, J. (Eds.). (2025). Resúmenes del II Congreso Latinoamericano de Evolución, VI Reunión Argentina de Biología Evolutiva, XII Reunión Anual Chilena de Evolución y SMBE Regional Meeting. Tucumán, Argentina. *Acta Zoológica Lilloana 69 (Suplemento)*, 548 pp. Fundación Miguel Lillo, Argentina.

DOI: https://doi.org/10.30550/j.azl/s182

Consultas bibliográficas y ventas:
Centro de Información Geo-Biológico del Noroeste Argentino,
Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, (4000) San Miguel de Tucumán, Argentina.
Correo electrónico: <biblioteca@lillo.org.ar>

Derechos protegidos por Ley 11.723
Editado en Argentina.



2 CONGRESO LATINOAMERICANO DE EVOLUCIÓN

22 al 25 de julio 2025 · San Miguel de Tucumán, Argentina

SMBE REGIONAL MEETING EN TUCUMÁN

saBE Sociedad Argentina de Biología Evolutiva

SOCEVOL Sociedad Chilena de Evolución

COLEVOL Asociación Colombiana de Biología Evolutiva

Sociedade Brasileira de Biologia Evolutiva

Red Mexicana de Biología Evolutiva

Red Boliviana de Biología Evolutiva

Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución

II Congreso Latinoamericano de Evolución
(II CLEVOL)

VI Reunión Argentina de Biología Evolutiva
(RABE)

XVII Reunión Anual de la Sociedad Chilena de Evolución
(RACE)

Society for Molecular Biology and Evolution
(SMBE) Regional Meeting / Tucumán

★ ★ ★

— RESÚMENES DE LOS TRABAJOS PRESENTADOS —

San Miguel de Tucumán, Argentina
22 al 25 de julio / 2025

Congreso Latinoamericano de Evolución (II CLEVOL)

Organizadores:

SABE
Sociedad Argentina de Biología Evolutiva
https://sociedadevolucion.com.ar/socios/

SOCEVOL
Sociedad Chilena de Evolución
<socevol@gmail.com>
<socevoltesoreria@gmail.com>

COLEVOL
Asociación Colombiana de Biología Evolutiva
<redcolevol@gmail.com>

REBOBEL
Red Boliviana de Biología Evolutiva
<redevol.bo@gmail.com>

REMBE
Red Mexicana de Biología Evolutiva
<vinculacion@mexevol.com>

SBBE
Sociedade Brasileira de Biologia Evolutiva
<oficial.sbbe@gmail.com>

MESOECOEVO
Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución
<smecoevo@gmail.com>

FCN e IML-UNT
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo
Universidad Nacional de Tucumán
<info@csnat.unt.edu.ar>

Comité Organizador Local

Virginia Abdala
Presidenta del Comité
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Gabriela Fontanarrosa
Coordinación General
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Guillermo Hankel
Coordinación General
Fundación Miguel Lillo, Argentina.
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Santiago Benítez Vieyra
Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET, Córdoba, Argentina.

Jessica Fratani
Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-FML, Argentina.

Sebastián Albanesi
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Ana Duport Bru
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Elisa Fanjul
Fundación Miguel Lillo, Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Ramiro Ovejero
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Javier González Raffo
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Carlos Molineri
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

M. Gabriela Nadra
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Agustina Novillo
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Celina Reynaga
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

Cecilia Robles
Fundación Miguel Lillo, Argentina.

María Sandoval Salinas
Instituto de Investigación en Luz, Ambiente y Visión, CONICET-UNT, Argentina.
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Valentina Segura
Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-FML, Argentina.

Comité Académico

Néstor F. Abdala
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Sara B. Bertelli
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Daniel Dos Santos
Instituto de Biodiversidad Neotropical, Argentina.

Daniel A. García López
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Norberto P. Giannini
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Sergio González Mollinedo
University of Groningen, Países Bajos.

Jimena Grosso
Instituto de Biología Subtropical, Argentina.

Tiana Kohlsdorf
Universidade de São Paulo, Brasil.

Carolina I. Miño
Instituto de Biología Subtropical, Argentina.

Carolina Nieto
Instituto de Biodiversidad Neotropical, Argentina.

Mariano A. Ordano
Instituto de Ecología Regional, Argentina.

M. Laura Ponssa
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Cecilia Robles
Fundación Miguel Lillo, Argentina.

Claudia Russo
Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brasil.

Romel S. Sánchez
Universidad Nacional de Tucumán, Argentina.

María José Tulli
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Alexander O. Vargas
Universidad de Chile, Chile.

Miriam Vera
Instituto de Biología Subtropical, Argentina.

M. Florencia Vera Candioti
Unidad Ejecutora Lillo, Argentina.

Comité Editorial del presente número de *AZL*

María Elisa Fanjul
Fundación Miguel Lillo, Facultad de Ciencias Naturales
e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Gabriela Fontanarrosa
Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Argentina.

M. Gabriela Nadra
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

María L. Sandoval Salinas
Instituto de Investigación en Luz, Ambiente y Visión, CONICET-UNT, Argentina.
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Guillermo Hankel
Fundación Miguel Lillo, Argentina.
Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (UNT), Argentina.

Jessica Fratani
Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-FML, Argentina.

Representantes de las sociedades latinoamericanas de biología evolutiva

Santiago Benítez-Vieyra
Presidente de la Sociedad Argentina de Biología Evolutiva [SABE].
CONICET, Córdoba, Argentina.

Hugo Benítez
Presidente de la Sociedad Chilena de Evolución [SOCEVOL].
Universidad Católica del Maule, Chile.

Luis E. Castañeda
Representante de la Sociedad Chilena de Evolución [SOCEVOL].
Universidad de Chile, Chile.

Rosario Castañeda
Presidenta de la Asociación Colombiana de Biología Evolutiva [COLEVOL].
Universidad ICESI, Colombia.

Edgar E. Gareca
Representante de la Red Boliviana de Biología Evolutiva [ReBOBEL (en formación)].
Universidad Mayor de San Simón, Bolivia.

Carlos Pinto
Representante de la Red Boliviana de Biología Evolutiva [ReBOBEL (en formación)].
Universidad Mayor Real y Pontificia de San Francisco Xavier de Chuquisaca, Bolivia.

Nancy C. Saavedra Sotelo
Presidenta de la Red Mexicana de Biología Evolutiva [ReMBE].
Universidad Autónoma de Sinaloa, México.

Idalia C. Rojas Barrera
Secretaria de la Red Mexicana de Biología Evolutiva [ReMBE].
Max Planck Institute for Evolutionary Biology.

Rebeca Hernández Gutiérrez
Red Mexicana de Biología Evolutiva [ReMBE].
Max Planck Institute for Evolutionary Biology.

Claudia Russo
Presidenta de la Sociedade Brasileira de Biologia Evolutiva [SBBE].
Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brasil.

Savio Torres de Farias
Representante de la Sociedade Brasileira de Biologia Evolutiva [SBBE].
Universidade Federal da Paraíba, Brasil

Sergio González Mollinedo
Presidente de la Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución [MesoEcoEvo].
Guatemala Institute of Ecology and Evolution, University of Bern; Swiss Institute of Bioinformatics.

Julio Ayala
Vice-Presidente de la Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución [MesoEcoEvo].
Guatemala Institute of Ecology and Evolution, University of Bern; Swiss Institute of Bioinformatics.

Nuestros patrocinadores

Society for Molecular Biology and Evolution

European Society for Evolutionary Biology

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas

Facultad de Derecho y Ciencias Sociales
Universidad Nacional de Tucumán

Ente de Turismo del Gobierno de la provincia de Tucumán

Municipalidad de San Miguel de Tucumán

Casa Histórica de Tucumán

Declaración de interés cultural

El **II Congreso Latinoamericano de Evolución**
fue declarado *de Interés* por el Gobierno de la Provincia de Tucumán,
la Municipalidad de San Miguel de Tucumán
y la Municipalidad de Yerba Buena.
Asimismo, fue declarado *de Interés Turístico*
por el Ente Tucumán Turismo.

GOBIERNO DE TUCUMÁN

Tucumán Turismo GOBIERNO DE TUCUMÁN

CIUDAD San Miguel de Tucumán

Yerba Buena
El jardín de Tucumán

Aval institucional / 1

El **II Congreso Latinoamericano de Evolución**
contó con el aval de:

Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina

Secretaría de Género, Diversidades y Derechos Humanos, Universidad Nacional de Tucumán

CONICET NOA Sur

Instituto de Biodiversidad Neotropical
CONICET-UNT

Unidad Ejecutora Lillo
CONICET-FML

Aval institucional / 2

El **II Congreso Latinoamericano de Evolución**
contó con el aval de:

CONICET

UNC Universidad Nacional de Córdoba

I M B I V

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal
CONICET-UNC

CONICET

UNC Universidad Nacional de Córdoba

I D E A

Instituto de Diversidad y Ecología Animal
CONICET-UNC

CONICET

I E R

Instituto de Ecología Regional
CONICET-UNT

Fundación Miguel Lillo
TUCUMÁN – ARGENTINA

Fundación Miguel Lillo

CONICET

UNaM

INSTITUTO DE BIOLOGÍA SUBTROPICAL

Instituto de Biología Subtropical
CONICET- UNaM

Aval institucional / 3

El **II Congreso Latinoamericano de Evolución**
contó con el aval de:

Colegio de Graduados en Ciencias Biológicas

Asociación de Biología de Tucumán

Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos

Asociación Herpetológica Argentina

Sociedad Argentina de Botánica

Sociedad Entomológica Argentina

Contenido

Prólogo 17

Resumen general 21

Resúmenes de las Conferencias 23

Resúmenes de los Simposios 43

Simposio 1: *Morfología, genética y evolución de caracteres atípicos en plantas parasíticas comparadas con sus parientes autótrofos* 45

Simposio 2: *Procesos de especiación y diversificación: integrando perspectivas macro y microevolutivas* 53

Simposio 3: *Genómica sudamericana: iniciativas regionales para secuenciar la biodiversidad* 65

Simposio 4: *Organismo y ambiente en la biología evolutiva: polisemia y centralidad conceptual* 79

Simposio 5: *Genomas completos como ventana a la evolución* 89

Simposio 6: *EduEvo: diversas perspectivas en la enseñanza de la evolución. Un desafío actual* 105

Resúmenes de las Mesas redondas 117

Mesa redonda 1: *Dinámicas eco-evolutivas a largo plazo en Latinoamérica: importancia, avances y desafíos* 119

Mesa redonda 2: *Publicar ciencia en Argentina: problemáticas y perspectivas desde nuestras revistas* 135

Resúmenes de las Sesiones libres 149

Eje 1: *Evolución y diversidad genómica y molecular* 151

Eje 2: *Ecología evolutiva y ecomorfología* 251

Eje 3: *Biología evolutiva del desarrollo y epigenética* 366

Eje 4: *Biología evolutiva humana* 401

Eje 5: *Biología teórica* 407

Eje 6: *Evolución del comportamiento* 421

Eje 7: *Filogeografía y biogeografía evolutiva* 437

Eje 8: *Macroevolución y paleontología* 499

Eje 9: *Enseñanza de la evolución* 531

Reconocimiento de socios honorarios 541

Muestra itinerante: Enseñanza de la evolución para personas con discapacidad 547

Prólogo

Con gran entusiasmo, nos complace presentar esta edición especial de *Acta Zoológica Lilloana,* que reúne las contribuciones presentadas durante la celebración conjunta del II Congreso Latinoamericano de Evolución (II CLEVOL), la VI Reunión Argentina de Biología Evolutiva (RABE), la XVII Reunión Anual de la Sociedad Chilena de Evolución (RACE) y el Smbe Regional Meeting en Tucumán. Este gran encuentro tuvo lugar en la ciudad de San Miguel de Tucumán (Tucumán, Argentina) entre los días 22 y 25 de julio de 2025.

Los fundamentos de la biología moderna están profundamente enraizados en la extraordinaria biodiversidad de América Latina, que cautivó a pioneros como Félix de Azara, Alexander von Humboldt y Charles Darwin. Sus exploraciones en la región fueron clave para el conocimiento de la biota latinoamericana. Este acervo, junto con otros aportes provenientes de distintas regiones y disciplinas, contribuyó a que Charles Darwin pudiera desarrollar la teoría de la evolución por selección natural, que aún hoy constituye el principal paradigma de la biología. Sin embargo, a pesar de este legado, la biología evolutiva como disciplina ha sido históricamente poco desarrollada por investigadores locales. Consideramos que esto se debe, en parte, a la dispersión geográfica de los equipos de investigación, teniendo en cuenta la naturaleza bicontinental de Latinoamérica, lo que ha dificultado la consolidación de redes colaborativas sólidas en la región. Las grandes distancias y la limitada conectividad en los sistemas de transporte han agravado aún más esta fragmentación, a pesar de que la mayoría de los países comparten un idioma predominante que podría haber facilitado la integración.

Más allá de estos desafíos, la biología evolutiva está cobrando impulso como un campo del conocimiento clave en América Latina, gracias al creciente protagonismo de científicas y científicos destacados de la región. En las últimas dos décadas, han surgido asociaciones científicas nacionales dedicadas a esta disciplina en diversos países, consolidando comunidades de investigación locales. Estas asociaciones han organizado encuentros nacionales, como las Reuniones Argentinas de Biología Evolutiva (RABE), las Reuniones Anuales Chilenas de Evolución (RACE), la primera Reunión de la Sociedad Mesoamericana de Ecología y Evolución y el primer Congreso Brasileño de Biología Evolutiva, que han cumplido un rol central en el fomento de la colaboración interdisciplinaria y el intercambio de ideas.

Los esfuerzos nacionales, hasta entonces aislados, convergieron en el año 2021 cuando se celebró el primer Congreso Latinoamericano de Biología Evolutiva (I CLEVOL). Este congreso histórico marcó un hito crucial en el desarrollo de la disciplina, contribuyendo a consolidar una identidad regional y subrayando la importancia de la colaboración internacional. Organizado de manera virtual por asociaciones científicas de Argentina, Chile y Colombia, atrajo a aproximadamente 3000 personas inscriptas. Con el convencimiento de que la interacción directa es fundamental para la generación de vivencias perdurables, esta segunda edición del CLEVOL se destacó por ser la primera presencial, representando una oportunidad para consolidar y fortalecer la comunidad científica dedicada a la biología evolutiva en América Latina. Además, las conferencias plenarias de este encuentro en Tucumán fueron transmitidas de manera simultánea a la ciudad de Guatemala (Guatemala), donde esos mismos días se celebraba el II Congreso Mesoamericano de Ecología y Evolución, y que funcionó como sede Satélite del II CLEVOL, lo que aumentó significativamente el alcance del evento.

La dinámica del congreso incluyó conferencias plenarias, mesas redondas, simposios, talleres y sesiones de presentaciones orales y de pósters (más detalles en el resúmen CLEVOL en números). Las temáticas de las conferencias abordaron las principales líneas de investigación en el marco teórico de la biología evolutiva actual. Estas temáticas incluyeron:

1) Evolución y diversidad genómica y molecular;
2) Ecología evolutiva y ecomorfología;
3) Biología evolutiva del desarrollo y epigenética;
4) Biología evolutiva humana;
5) Biología teórica;
6) Evolución del comportamiento;
7) Filogeografía y biogeografía evolutiva;
8) Macroevolución y paleontología;
9) Enseñanza de la evolución.

El encuentro representó una oportunidad para hacer un diagnóstico de los tópicos de agenda y para reforzar vínculos con otras disciplinas enfocadas en la biología evolutiva.

La organización de un congreso de esta investidura representó un enorme desafío para el comité organizador local, desafío que asumimos en enero de 2024, en un contexto nacional de desfinanciación y desprestigio de la ciencia, la tecnología y la educación pública en Argentina.

Participantes de la II CLEVOL, Tucumán, Argentina, Julio 2025.

A pesar de esta coyuntura, el evento se realizó con éxito e identificamos tres razones principales por las cuales esto fue posible: i) La alianza estratégica entre las principales organizaciones de biología evolutiva de la región: este esfuerzo colectivo garantizó el otorgamiento de importantes subsidios internacionales. ii) El apoyo de instituciones estatales, desde lo económico hasta lo logístico: el congreso se realizó en el ámbito de la Universidad de Tucumán, en la Facultad de Derecho y Ciencias Sociales, y en el Museo Casa Histórica, ámbitos públicos cuyo apoyo fue fundamental para democratizar el acceso. Finalmente, iii) este evento pudo realizarse gracias a muchas horas de trabajo de un comité organizador numeroso y altamente comprometido. Todos estos puntos confluyeron de forma tal que fue posible realizar un evento científico de muy alta calidad académica y social, a un costo de inscripción económico en relación con otros congresos de ciencias naturales. Más aún, también fue posible otorgar becas de asistencia, becas de apoyo a las tareas de cuidado y premios.

Al mismo tiempo, desde la organización se hicieron esfuerzos para generar un ámbito de respeto e inclusión, cuyos principios rectores quedaron plasmados en el Código de Conducta que se generó con el apoyo y guía del Comité de Género, Diversidades y Derechos Humanos de la UNT. Esta estrategia refleja nuestro compromiso explícito con la accesibilidad y la construcción de comunidad.

Sin embargo, somos muy conscientes de que, aún con una inscripción de bajo costo, alojamiento económico y becas, y el compromiso con la inclusión y la equidad, el acceso a un congreso de estas características sigue imponiendo una gran demanda de tiempo y dinero y, por lo tanto, grandes sesgos en la participación. Además, persisten desafíos importantes, particularmente en términos de inclusión y visibilización de las investigaciones realizadas en las distintas latitudes del continente.

Aún con algunas deudas pendientes, celebramos haber sido parte de este encuentro que nos ha dado tantas satisfacciones. Destacamos la enorme cantidad de mensajes de felicitación y agradecimiento que seguimos recibiendo por parte de quienes participaron. Fue un honor y una alegría. Conscientes de que la biología evolutiva está en plena fase de crecimiento, manifestamos nuestros mejores deseos y buenos augurios al III CLEVOL, como así también a la VII RABE y la XVIII RACE y deseamos más encuentros por toda América Latina.

Resumen general

II CONGRESO LATINOAMERICANO DE EVOLUCIÓN EN NÚMEROS

Gabriela Fontanarrosa[1*], M. Elisa Fanjul[2,3], Gabriela Nadra[3], Luciana Cristobal[1], María Sandoval Salinas[1,3], Agustina Novillo[1], Carlos Molineri[1], Ana Sofía Duport Bru[1], Guillermo Hankel[2], Walter Javier Gonzalez-Raffo[1], Virginia Abdala[1,3], Valentina Segura[2], Sebastián Albanessi[1], Jessica Fratani[1]

1 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina.
2 Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina.
3 Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina
* <gab.fontanarrosa@gmail.com>

Históricamente, la biología evolutiva se ha desarrollado principalmente en el norte global. Sin embargo, en las últimas décadas, esta disciplina se fortaleció en América Latina. Desde 2008, reuniones científicas como la Reunión Anual Chilena de Evolución (RACE) y la Reunión Argentina de Biología Evolutiva (RABE) han sido fundamentales para promover el intercambio, a las que se han sumado iniciativas en México, Brasil, Colombia, Bolivia y Guatemala. El primer Congreso Latinoamericano de Evolución (CLEVOL) se celebró en el año 2021 de manera virtual. En 2025, el II CLEVOL, la VI RABE y la XVII RACE se celebran juntos de manera presencial. Este encuentro implica la co-organización entre sociedades de biología evolutiva de siete países latinoamericanos: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Guatemala y México. El II CLEVOL representa una buena oportunidad para diagnosticar a la comunidad de biólogxs evolutivos de Latam. Compartimos datos registrados hasta 11 días antes del inicio del congreso por el comité organizador: 320 inscriptxs de 15 países, siete de Latinoamerica; la mitad de lxs participantes se autoperciben como mujer cis, el 41.8% como varón cis y el 6.5% como otras identidades o decidió no contestar; las ponencias incluyen ocho conferencias plenarias, seis simposios, dos mesas redondas y un total de 220 resúmenes recibidos, que se distribuyen de manera casi equitativa entre presentaciones orales y en formato de póster; se destaca que más de la mitad de los resúmenes (55%) fueron recibidos durante la última semana de extensión de la fecha límite de envío y el 31% durante el último día. Se otorgaron 21 becas de asistencia, ocho de apoyo a tareas de cuidado y cuatro de movilidad.

Los trabajos recibidos se distribuyen no uniformemente entre ejes temáticos. La mayoría se alinearon con “Evolución y diversidad genómica y molecular”, “Ecología evolutiva y ecomorfología”, y “Filogeografía y biogeografía evolutiva”. La representación geográfica es amplia y está muy correlacionada con los países organizadores. Desde una perspectiva binaria, se evidencia una participación de género bastante equilibrada, lo que se refleja entre los/as autores/as de los resúmenes, les conferencistas y simposistas. La recepción de resúmenes mostró una clara tendencia a la postergación y uso efectivo de prórroga en el plazo de envío por parte de les participantes. Hubo pocos trabajos en biología evolutiva humana y paleontología, lo que indica que aún es necesario fortalecer los vínculos con especialistas en antropología y paleontología en América Latina.

Este congreso representa un esfuerzo colectivo para fortalecer la comunidad latinoamericana de biología evolutiva. Esperamos que futuras ediciones sumen aún más organizaciones de la región. Confiamos en que este encuentro contribuya significativamente a consolidar redes y construir una agenda regional desde una perspectiva latinoamericana.

➤ **Palabras clave:** Biología evolutiva, congreso, género, Latinoamérica.

Conferencias

— Resúmenes —

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

NEW METHODS FOR UNDERSTANDING THE EVOLUTION OF MULTIVARIATE PHENOTYPES

NUEVOS MÉTODOS PARA ENTENDER LA EVOLUCIÓN DE FENOTIPOS MULTIVARIADOS

Dean C. Adams

Department of Ecology, Evolution, and Organismal Biology. Iowa State University, Ames USA. <dcadams@iastate.edu>

Across the tree of life, it is commonly observed that organisms differ in their phenotypic characteristics, and understanding how and why such differences occur has long been the subject of biological inquiry. For evaluating trends in cross-species data, phylogenetic comparative methods are required, as the observations – species – are not independent of one another. Phylogenetic comparative methods (PCMs) are statistical tools that condition the analysis on the expected phylogenetic covariance among species, resulting in robust estimates of statistical coefficients that describe patterns of trait variation and covariation across species at macroevolutionary scales. Typically, PCMs are used to evaluate evolutionary trends in simple traits such as body size, or some other single-valued (i.e., univariate) trait. However, most phenotypes of interest to biologists are multivariate, requiring more than one value to encode. To accommodate this reality, the past several decades have seen rapid growth in the development of morphometric and other phenomic approaches for characterizing high-dimensional phenotypes. These procedures facilitate the rapid collection of hundreds to thousands of phenotypic variables per specimen, resulting in data that are both highly multivariate and inter-correlated. However, this complexity leads to various statistical issues, including: ill-conditioned covariance matrices, convergence issues with likelihood estimation, and models without a known probability density distribution. Further, standard implementations of PCMs based on likelihood and parametric solutions are challenged by these issues, as statistical summaries cannot be computed. This severely limits the scope of inquiry that evolutionary biologists can make with such data, hindering scientific process.

Fortunately, recent work has resulted in the development of multivariate phylogenetic comparative methods that are capable of evaluating macroevolutionary trends in complex multivariate phenotypes. These approaches utilize robust summary measures and residual randomization permutation procedures that circumvent the challenges found with more standard PCMs. With these tools, evolutionary biologists may now decipher the tempo and mode of evolutionary change in complex phenotypes in much the same manner as is possible for single-valued phenotypes. In this talk, I describe two recent additions to this growing multivariate PCM toolkit.

First, I describe a new method for exploring phylogenetic signal in multivariate phenotypes. The approach recognizes the fact that the degree of phylogenetic signal may not be constant across all dimensions of phenotype space, but may instead be embedded in one or a few primary directions. Our procedure decomposes the phylogenetic signal into phenotypic dimensions that can express the signal differentially, enabling one to decipher whether phylogenetic signal is relatively constant across trait dimensions or is more concentrated. The method thereby provides an analytical means of distinguishing whether multivariate phylogenetic signal is 'significant but weak' across the entire phenotypic space, or is focused only in certain directions; thereby resolving a long-recognized paradox observed in empirical data.

Second, I describe a procedure for comparing within species trends across species while accounting for phylogenetic nonindependence. Most PCMs use a single specimen per species (e.g., the species mean) to characterize evolutionary trends across species, assuming that within species variation is equivalent to measurement error. However, within species variation can also be structured in biologically-meaningful ways (allometric patterns, sexual dimorphism, etc.), and biologists frequently wish to compare such patterns across species. Our extended phylogenetic generalized least squares procedure (E-PGLS) procedure provides a means of comparing within species patterns across taxa, while simultaneously conditioning those trends on the phylogeny. I demonstrate how E-PGLS expands the grasp of PCMs into the intraspecific arena, by scrutinizing the macroevolutionary dynamics of microevolutionary trends. This opens the door for understanding how within species trends of complex phenotypes evolve across the tree of life.

➤ **Keywords:** Phylogenetic comparative methods, macroevolution, quantitative biology, statistical methods.

EVO-DEVO EN PLANTAS: CONSERVACIÓN Y REUTILIZACIÓN GÉNICA

EVO-DEVO IN PLANTS: GENE CONSERVATION AND REPURPOSING

Verónica Di Stilio

Department of Biology, University of Washington, Seattle, USA.
<distilio@uw.edu>

La integración de la evolución con la genética del desarrollo está facilitando la investigación de los mecanismos subyacentes a la generación de la biodiversidad. La comparación de las funciones génicas a lo ancho del espacio filogenético promueve una visión integrada que genera nueva evidencia a favor de la hipótesis de que una gran mayoría de genes son reutilizados para desempeñar nuevos roles durante la evolución de los organismos. En esta presentación, se combinan enfoques macro- y microevolutivos para ilustrar las consecuencias y las bases genéticas de las innovaciones reproductivas en representantes de dos linajes dispares de plantas: un helecho y una planta con flores. Por un lado, el helecho permite la reconstrucción de la función ancestral de un regulador maestro de la floración, ilustrando la importancia de la contribución de modelos biológicos diversos al enfoque evo-devo. Por otro lado, la planta con flores ilustra el efecto de las transiciones evolutivas en las tasas de diversificación y en los rasgos florales subyacentes, permitiendo ahondar en las bases genéticas y del desarrollo de su evolución.

Las flores representan una innovación reproductiva clave de las angiospermas. Estas evolucionaron como una modificación del ciclo de vida ancestral de las plantas, en el cual la generación haploide productora de gametas (gametofito) quedó contenida dentro de la generación diploide productora de esporas (esporofito). El factor de transcripción LEAFY (LFY) inicia el desarrollo floral en las angiospermas, y a pesar de encontrarse en todas las plantas terrestres, no está claro aún cómo evolucionó su función reproductiva. En musgos, LFY controla la primera división de la célula cigota, y en el helecho modelo *Ceratopteris richardii*, una planta vascular sin semillas ni flores, las dos copias ortólogas de LFY mantienen la actividad del meristema apical. Mediante la sobreexpresión de los genes ortólogos a LFY en el helecho, descubrimos nuevos roles en la reproducción del gametofito, particularmente en las células espermáticas y en el meristema multicelular. A partir de estos resultados proponemos una función ancestral de LFY en la reproducción de la fase haploide de los helechos, que habría sido cooptada por el esporofito durante el origen de la flor.

En las angiospermas, los cambios de la polinización por insectos a la polinización por viento, de flores hermafroditas a flores unisexuales y de diploidía a poliploidía, representan importantes transiciones evolutivas. El género *Thalictrum* (Ranunculaceae) incluye múltiples ejemplos de estas transiciones, permitiendo estudiar su modo de evolución bajo modelos de diversificación. A nivel macroevolutivo, investigamos patrones de evolución de caracteres correlacionados, su cronología, y la correlación de las combinaciones con la diversificación. Ajustamos modelos de especiación y extinción estado-dependientes (SSE) que combinan tres caracteres: nivel de ploidía, modo de polinización y sistema sexual, añadiendo estados ocultos para acomodar otros factores en el proceso de diversificación. Tres combinaciones de caracteres presentaron las tasas más altas de diversificación neta para este clado: especies diploides polinizadas por insectos con flores hermafroditas, y especies poliploides polinizadas por viento con flores hermafroditas o unisexuales. Por lo tanto, combinado con la poliploidía y la polinización por viento, el dioicismo no constituye un "callejón evolutivo sin salida" en *Thalictrum*; y el modo de polinización no afecta la diversificación de especies en poliploides. La poliploidía y la polinización por viento evolucionaron conjunta y repetidamente, con evidencia marginal de que la poliploidía surgió primero, concluyendo con la aparición de flores unisexuales. Este estudio ilustra la importancia de considerar múltiples caracteres interactuantes y sus caminos evolutivos dentro de un marco de diversificación para investigar cómo las transiciones evolutivas impactan la diversificación de linajes.

A nivel microevolutivo, los vectores de polinización ejercen una fuerte presión selectiva sobre la morfología del pistilo en angiospermas, dando lugar a una gran diversidad de estructuras y funciones en estigmas y estilos que, como sitios de polinización y fecundación, son fundamentales para garantizar el éxito reproductivo. Sin embargo, los mecanismos genéticos que subyacen al desarrollo de estas diversas estructuras reproductivas aún no se comprenden completamente. Dado que *Thalictrum* ha experimentado múltiples transiciones independientes de polinización por insectos a la polinización por viento, sus flores muestran adaptaciones del pistilo como estilos alargados y estigmas lineares extendidos o plumosos. Con el objetivo de aportar conocimiento a los mecanismos genéticos que regulan la morfología del estigma y el estilo en flores polinizadas por viento, hemos caracterizado la función de genes candidatos, STYLISH (STY), NGATHA (NGA) y MIXTA (PMX) en el desarrollo del pistilo de *Thalictrum thalictroides* mediante modificaciones de la expresión génica dirigidas mediadas por virus. Nuestros resultados sugieren que, mientras que los homólogos de STY en *Thalictrum* controlan el crecimiento adaxial y el desarrollo del estigma, NGA regula el crecimiento abaxial y la elongación del estilo, mientras que PMX regula la extensión de las papilas estigmáticas.

La desregulación de NGA también resulta en formación ectópica de estigmas en las anteras y de extensiones de tejido conectivo (anteras mucronadas), otra característica asociada a especies polinizadas por viento cuya función aún se desconoce. Así, proponemos que estos genes regulan de manera diferencial aspectos espaciales del desarrollo apical del carpelo en *Thalictrum* que contribuyen a adaptaciones a la polinización por el viento.

➤ **Palabras clave:** Evo-devo, organismo modelo, plantas, angiospermas, LEAFY, *Ceratopteris*, coopción, función génica.

SPECIATION, EXTINCTION, AND THE ECOLOGY OF MACROEVOLUTION

ESPECIACIÓN, EXTINCIÓN Y ECOLOGÍA DE LA MACROEVOLUCIÓN

Daniel L. Rabosky

Department of Ecology and Evolutionary Biology & Museum of Zoology, University of Michigan, Michigan USA.
<drabosky@umich.edu>

Explaining large-scale patterns of biodiversity is one of the most significant challenges in evolutionary biology. Despite decades of study, the causes of most large-scale biodiversity patterns remain poorly understood. The latitudinal diversity gradient, for example, has been called Earth's "first-order biodiversity pattern", yet there is widespread disagreement on its causes. Nearly everyone agrees that life has become more diverse during the past 550 million years, and that ecosystems have increased in complexity. Yet there is still widespread disagreement on whether diversity is generally rising, whether it is characterized by equilibria that hold for tens of millions of years, or something in between these extremes. In a similar vein, we lack a general predictive explanation for the ubiquitous variation in species richness across the tree of life: why are there so many angiosperms, or orchids, or beetles, or passerine birds?

In my talk, I will discuss the causes of these large-scale and dynamic patterns of biological diversity and the complex relationship between these patterns and rates of evolutionary diversification. I will evaluate progress in linking microevolutionary processes to speciation and extinction rates at the macroevolutionary scale. Biodiversity dynamics in space, time, and across clades appear to share an underlying causal unity that reflects ecological modulation of speciation and extinction rates, but fully understanding these patterns will require much greater integration between traditional microevolution, population ecology, and paleobiology.

Keywords: Speciation, extinction, macroevolution, diversity, species interactions.

PLANTAS TRANSGÉNICAS NATURALES: EL IMPACTO EVOLUTIVO DE LA TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE GENES

NATURAL TRANSGENIC PLANTS: EVOLUTIONARY IMPACT OF HORIZONTAL GENE TRANSFER

M. Virginia Sanchez-Puerta[1,2]*, Maria Emilia Roulet[1], Leonardo Gatica-Soria[1,2], Luis Federico Ceriotti[1], Laura Evangelina García[1,2]

[1] IBAM, Universidad Nacional de Cuyo, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Chacras de Coria, Argentina.

[2] Facultad de ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

* <mvsanchezpuerta@fca.uncu.edu.ar>

A diferencia de la herencia vertical de padres a hijos, la transferencia horizontal de genes (THG) es el movimiento de ADN entre diferentes especies y ha sido reconocida como un factor clave de adaptación en procariotas. Su rol en la evolución eucariota está ganando considerable atención a medida que se dispone de más datos genómicos. En el linaje de las plantas, la THG ha ejercido un impacto significativo, con la adquisición de genes de diversos donantes como bacterias, hongos y virus. Más recientemente en la evolución de las angiospermas, los eventos de THG resultan principalmente de transferencias entre plantas y han sido identificados tanto en el genoma nuclear como mitocondrial. No obstante, persisten desafíos fundamentales en la comprensión de la THG en plantas, incluyendo su impacto genómico y funcional, la expresión de los genes transferidos, los mecanismos moleculares de integración y mantenimiento del ADN foráneo, y la dinámica poblacional de estos eventos en ecosistemas naturales.

Las plantas parásitas, con su conexión haustorial íntima con los hospedantes, constituyen modelos ideales para desentrañar la THG en eucariotas. Nuestra investigación se ha centrado en las plantas holoparásitas (carentes de clorofila) de la familia Balanophoraceae, revelando niveles sin precedentes de THG en los genomas mitocondriales (ADNmt) y nucleares de los géneros *Lophophytum* y *Ombrophytum*. Hemos descubierto que el ADNmt de estas holoparásitas es multipartito, compuesto por 54-81 cromosomas circulares (5-27 kpb). Eventos de THG recurrentes, tanto ancestrales como recientes, han modificado significativamente los ADNmt de *Lophophytum* y *Ombrophytum*. Un caso notable es *L. mirabile*, cuyo ADNmt está compuesto en un 93% por ADN derivado de sus hospedantes, reduciendo el ADN nativo a los genes mitocondriales y sus regiones flanqueantes. Un estudio poblacional de *L. mirabile* reveló un pancromosoma mitocondrial de 105 cromosomas distintos, de los cuales 75 están presentes de forma variable en los individuos. Nuestros hallazgos indican que 17 de estos cromosomas variables son altamente similares a regiones continuas en el ADNmt de las plantas hospedantes (Tribu Mimoseae, Fabaceae).

Dichas regiones en las mimosoideas están flanqueadas por repeticiones cortas directas que intervienen en la circularización a través de eventos de reparación del ADN mediado por microhomologías (Figura 1). A esta forma de adquisición de cromosomas mediante THG la denominamos "THG mediada por círculos" y proponemos que este mecanismo también podría evidenciarse en otras plantas con altas incidencia de THG.

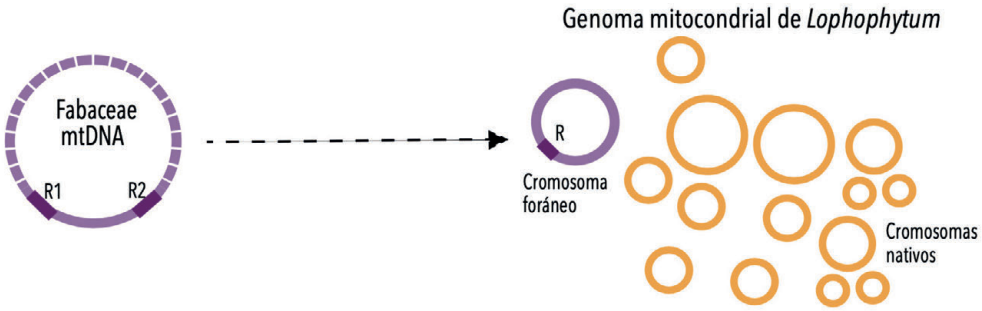


Figura 1. Transferencia horizontal de ADN mitocondrial de plantas hospedantes de la familia Fabaceae a la holoparásita *L. mirabile.* Regiones del ADNmt de las hospedantes se circularizan a través de repeticiones cortas directas (R1, R2) generando un cromosoma circular.

A pesar de que la mayoría de los cromosomas foráneos carecen de genes, *L. mirabile* se erige como una 'planta transgénica natural', albergando 28 genes foráneos, la mayoría de los cuales ha reemplazado total o parcialmente a sus homólogos nativos (Figura 2). Sorprendentemente, y a diferencia de lo observado en otras plantas, la mayoría de estos genes foráneos son funcionalmente activos en las mitocondrias de *L. mirabile*. Este resultado fue inesperado debido a las barreras moleculares que dificultan la expresión heteróloga, tales como el reconocimiento de promotores foráneos y la correcta edición del ARN foráneo. A su vez, el elevado nivel de THG funcional podría, en teoría, generar incompatibilidades núcleo-citoplasmáticas en complejos proteicos formados por subunidades codificadas por genes nucleares nativos y mitocondriales foráneos, como los mitorribosomas o los complejos de fosforilación oxidativa (OXPHOS) encargados de la respiración celular. Sin embargo, hemos demostrado que los complejos OXPHOS de *L. mirabile* mantienen un conjunto completo de subunidades y una tasa de consumo de oxígeno comparable a la de plantas de vida libre. Tampoco se observaron alteraciones en la composición de subunidades de los mitorribosomas. Esta ausencia de incompatibilidad se atribuye a la baja tasa de sustitución en los genes mitocondriales de las angiospermas, lo que resulta en proteínas foráneas y nativas altamente similares.

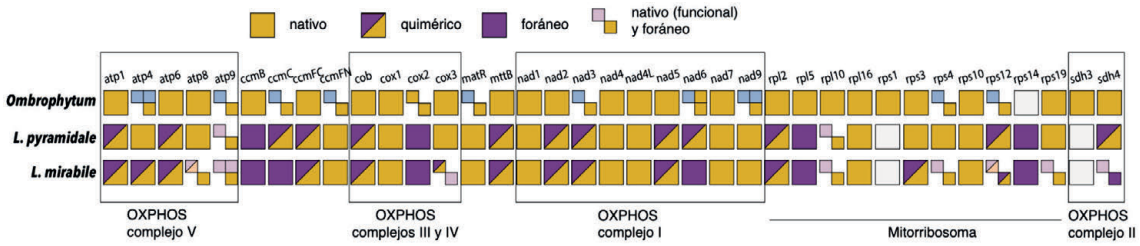


Figura 2. Origen filogenético de los genes que codifican proteínas en los genomas mitocondriales de las holoparásitas *L. mirabile*, *L. pyramidale* y *Ombrophytum subterraneum*.

Para investigar la incidencia de la THG en el genoma nuclear, nuestro grupo analizó los transcriptomas de las holoparásitas *L. mirabile*, *L. pyramidale* y *Ombrophytum subterraneum*. Mediante análisis bioinformáticos y reconstrucciones filogenéticas, identificamos 214 ortogrupos nucleares con genes foráneos en *L. mirabile*, 130 en *L. pyramidale* y 75 en *O. subterraneum*. Estos genes abarcan funciones diversas, incluyendo proteínas de interconversión de metabolitos y otras con actividad catalítica. Observamos tanto eventos ancestrales, compartidos entre especies, como transferencias recientes específicas de cada linaje. La proporción de ADN foráneo en cada especie se correlaciona directamente con la extensión de la THG en sus mitocondrias, sugiriendo que factores comunes, como la intensidad de la conexión haustorial o la exposición a hospedantes específicos, influyen simultáneamente en la adquisición de ADN en ambos compartimentos genómicos.

En síntesis, el intercambio masivo y funcional de genes entre hospedante y parásito puede impulsar la innovación genética, facilitar la explotación de nichos especializados y contribuir a la diversificación de los linajes parásitos. Además, la coexistencia exitosa de genes foráneos en genomas nucleares y mitocondriales cuestiona la rigidez de las barreras genómicas tradicionales y sugiere mecanismos coordinados de coadaptación entre núcleo y organelas.

➤ **Palabras clave:** Balanophoraceae, incompatibilidad núcleo-citoplasmática, Lophophytum, mitogenoma, plantas parásitas.

AZAR Y NECESIDAD EN LA BIOLOGÍA EVOLUCIONISTA: DE LOS SESGOS MUTACIONALES A LA EVOLUCIONABILIDAD

CHANCE AND NECESSITY IN EVOLUTIONARY BIOLOGY: FROM MUTATIONAL BIASES TO EVOLVABILITY

Laura Nuño de la Rosa

Departamento de Lógica y Filosofía Teórica, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España. <lauranun@ucm.es>

Según el marco teórico articulado por la Síntesis Moderna, el proceso evolutivo podía conceptualizarse como el resultado de la combinatoria del azar molecular y la necesidad adaptativa. Sin embargo, desde la publicación del clásico *El azar y la necesidad* de Jacques Monod en 1970, los avances empíricos y conceptuales experimentados por la biología evolucionista han conducido a repensar la interacción entre contingencia y determinismo en la evolución en todas las áreas de la llamada Síntesis Extendida. La investigación de los sesgos mutacionales en el campo de la evolución molecular así como de las constricciones del desarrollo en evo-devo han llevado a reconocer la importancia de los sesgos en la generación de la variación. Por su parte, los estudios en plasticidad, construcción de nicho y evolucionabilidad han llevado a cuestionar la noción misma de azar adaptativo. En mi conferencia, introduciré el debate filosófico en torno al concepto de azar en evolución en su doble dimensión generativa y adaptativa, mostrando cómo este ha dado lugar a nuevas interpretaciones propensionistas de las probabilidades evolutivas.

Palabras clave: Azar, propensiones, síntesis extendida, evo-devo, evolucionabilidad.

ESTUDIANDO UNA RADIACIÓN EVOLUTIVA EN EL TIEMPO PROFUNDO: ANÁLISIS MACROEVOLUTIVOS DE LOS ARCOSAUROMORFOS PERMO-TRIÁSICOS

STUDYING A DEEP-TIME EVOLUTIONARY RADIATION: MACROEVOLUTIONARY ANALYSES OF PERMO-TRIASSIC ARCHOSAUROMORPHS

Martín D. Ezcurra

Sección Paleontología de Vertebrados, CONICET–Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
<martindezcurra@yahoo.com.ar>

La diversificación temprana de los arcosauromorfos (reptiles más cercanamente emparentados a cocodrilos y aves que a lepidosaurios) es un ejemplo de radiación evolutiva en el tiempo profundo. Este grupo pasó de ser muy escaso en el Pérmico (265–252 millones de años atrás [Ma]) a dominar los ecosistemas continentales a partir de fines del Triásico y principios del Jurásico (215–175 Ma). La diversidad taxonómica de los arcosauromorfos tempranos (*ca*. 450 especies válidas) se ha incrementado notablemente en la última década y esto se ha visto acompañado de una mayor y, en algunos casos, inesperada diversidad ecomorfológica. El uso de análisis cuantitativos modernos está generando información novedosa para entender mejor esta radiación evolutiva. Sin embargo, no existía una matriz de datos con un muestreo taxonómico lo suficientemente amplio que permitiera analizar cuantitativamente e integralmente la radiación evolutiva del grupo. En este contexto, iniciamos hace 10 años un proyecto colaborativo internacional a largo plazo (*Complete Archosauromorph Tree Project* [CoArTreeP]) cuyo objetivo es construir una única matriz de datos filogenética que incluya a todas las especies válidas de arcosauromorfos tempranos (actualmente compuesta por 253 especies y 918 caracteres). Más allá de la reconstrucción de las relaciones filogenéticas, esta matriz se está 'cooptando' para realizar análisis macroevolutivos y biogeográficos. Por ejemplo, la radiación evolutiva de los arcosauromorfos tempranos se la ha descrito frecuentemente como un único fenómeno de radiación adaptativa (*i.e.*, eventos caracterizados por altas tasas evolutivas y de diversificación con fenotipos adaptados a cierta o ciertas ecologías). No obstante, esta interpretación no ha sido puesta a prueba explícitamente. En la matriz del CoArTreeP se reconocen al menos ocho clados con incrementos conspicuos de tasas de diversificación y cinco de ellos están asociados a aumentos sustanciales de las tasas evolutivas, presentando ecomorfotipos muy distintivos (Rhynchosauria, Erythrosuchidae, Proterochampsidae, Loricata, Aphanosauria). En consecuencia, estos cinco eventos pueden ser caracterizados como radiaciones adaptativas.

Cuatro de ellos se encuentran concentrados entre el Olenekiano tardío a Anisiano (249–242 Ma) y se correlacionan temporalmente con la estabilización de los ecosistemas continentales luego de la extinción masiva de fines del Pérmico (*ca.* 252 Ma). Cuando se analiza a todo Archosauromorpha en conjunto, se observa una desaceleración de las tasas evolutivas y una estabilización de la diversidad filogenética durante los primeros 15 millones de años luego de la extinción masiva. Este patrón es acorde a un modelo evolutivo de explosión temprana (*early burst*), en donde la velocidad de cambio evolutivo y diversificación disminuyen a medida que los eco-espacios que pueden ser aprovechados por el clado se van ocupando. El estudio de los arcosauromorfos tempranos puede ayudar a una mejor comprensión de fenómenos macroevolutivos en escalas geológicas.

➤ **Palabras clave:** Archosauromorpha, Triásico, extinción masiva, radiación adaptativa.

CAPACIDAD DE DISPERSIÓN DE INVERTEBRADOS DULCEACUÍCOLAS EN AMBIENTES ANTÁRTICOS Y SUBANTÁRTICOS: DEL GONDWANA A LA ACTUAL CRISIS CLIMÁTICA

DISPERSAL CAPACITY OF FRESHWATER INVERTEBRATES IN ANTARCTIC AND SUB-ANTARCTIC ENVIRONMENTS: FROM GONDWANA TO THE CURRENT CLIMATE CRISIS

Claudia S. Maturana[1,2*], Valentina Bernal-Durán[1,3], Melisa Gañan[1,2], Sebastián Rosenfeld[2,3,4], Moisés Valladares[5,6], Guillaume Schwob[1], Nicolás Segovia[7], Claudio González-Wevar[8], Pablo Guerrero[9], Peter Convey[1,2,10], Elie Poulin[1,11], Tamara Contador[1,2,4]

[1] Instituto Milenio BASE, Santiago, Chile.
[2] Centro Internacional Cabo de Hornos, Puerto Williams, Chile.
[3] Universidad Santo Tomás, Puerto Montt, Chile.
[4] Universidad de Magallanes, Punta Arenas, Chile.
[5] Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
[6] Grupo de Biodiversidad y Cambio Global (GBCG), Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile.
[7] Universidad Católica del Norte, Coquimbo. Chile.
[8] Universidad Austral de Chile, Valdivia. Chile.
[9] Universidad de Concepción. Concepción. Chile.
[10] British Antarctic Survey, Cambridge, Reino Unido.
[11] Universidad de Chile.
* <cmaturana.ciencias@gmail.com>

La línea de investigación que hemos ido desarrollando desde hace más de una década está orientada a conocer los procesos micro y macroevolutivos de la conectividad en los invertebrados de agua dulce en ambientes Antárticos y Subantárticos, incluyendo la Ecorregión Subantártica de Magallanes y las Malvinas. Para conocer de mejor manera los diferentes procesos evolutivos, ecológicos y demográficos que están ocurriendo respecto a la conectividad de los organismos, nuestro equipo busca hacer una integración de diferentes escalas espaciales y temporales. En esta presentación, detallaré los principales hallazgos, y me enfocaré en la capacidad de dispersión como rasgo de historia de vida clave y su rol en la evolución de los invertebrados de agua dulce en ecosistemas altamente fragmentados, aislados y vulnerables.

En lo particular, los principales avances que hemos realizado han sido en especies de crustáceos e insectos de agua dulce: *Boeckella poppei* (Copepoda), *Branchinecta gaini* (Anostraca), y *Parochlus steinenii* (Chironomidae). Respecto a las investigaciones realizadas en *Boeckella*, indican que el género actualmente presente en el hemisferio sur, tendría un origen Gondwánico, donde habría experimentado inicialmente eventos vicariantes coincidentes con la separación del supercontinente Gondwana. Tras la separación de los continentes, habrían ocurrido eventos de diversificación por dispersión a larga distancia y establecimiento.

Identificamos una disminución de la tasa de diversificación en el tiempo, que se ajustaría al enfriamiento progresivo del Cenozoico, probablemente por la disminución de disponibilidad de hábitats lacustres. La actual distribución de la única especie de *Boeckella* que logra colonizar Antártica, *B. poppei*, sería el resultado de dos historias biogeográficas contrastantes e independientes. Por un lado, encontramos una persistencia a lo largo de las glaciaciones del Cuaternario en refugio *in situ* en Antártica marítima (probablemente en las Islas Orcadas del Sur), y por otro lado una colonización post-UMG desde el sur de Sudamérica a Antártica marítima e isla Georgia del Sur. Finalmente, encontramos una fuerte estructura genética y filogeográfica en el sitio refugio de *B. poppei* en Antártica. Esto indicaría que los eventos de dispersión a larga distancia con establecimiento serían extremadamente excepcionales, lo que abre la discusión respecto a los mecanismos de dispersión y posibles barreras para la colonización exitosa de las poblaciones.

En segundo lugar, y siguiendo con las aproximaciones metodológicas de la biogeografía histórica y genética de poblaciones, nuestro grupo estudió la capacidad de dispersión de *Parochlus steinenii*, la única mosca alada que es nativa en la Antártica. Esta especie con distribución polar y sub-polar, habría diversificado durante el Pleistoceno-medio del resto de las especies del género, él cual tiene una distribución global, identificando claramente un clado "frío". Adicionalmente, observamos una importante divergencia entre el clado sudamericano y el clado al sur del frente polar, incluyendo Antártica e islas subantárticas, lo que podría estar dando cuenta de una especiación incipiente promovido por una ausencia de dispersión, aislamiento geográfico y selección de hábitats. Interesantemente, esta mosquita despliega hábitats contrastantes en el Cabo de Hornos, versus Antártica. *Parochlus*, presenta poblaciones mucho más abundantes y frecuentes en Antártica que habitan a nivel del mar; mientras que, en el Cabo de Hornos, estas poblaciones son alto andinas, mucho más escasas y con muy pocos individuos. Estas diferencias ecológicas – sumadas a nuestros análisis filogeográficos y demográficos – podrían estar indicando *P. steinenii* es una especie de origen polar y, por lo tanto, las poblaciones del Cabo de Hornos son una población relicta que está actualmente en un refugio interglaciar.

Por último, presentaré los resultados de la última investigación que hemos estado desarrollando. Esta investigación tiene por objetivo conocer los posibles impactos del cambio climático actual en la distribución del "camarón hada" *Branchinecta gaini* en Antártica, islas subantárticas y región de Magallanes en distintas escalas temporales usando aproximaciones moleculares y de modelación de nicho. En primer lugar, determinamos la conectividad histórica de *B. gaini* a lo largo de su distribución y evaluamos escenarios biogeográficos utilizando secuencias de ADN mitocondrial. Encontramos que este camarón de agua dulce tiene una marcada estructura genética y filogeográfica a lo largo de su distribución.

Es decir, existió una conectividad entre las poblaciones de Antártica, la región de Magallanes e islas subantárticas en el pasado, lo que permite concluir que se trata de la misma especie que ha colonizado las distintas regiones, pero esta dispersión – nuevamente – fue bastante limitada. Esta capacidad limitada de dispersar se tradujo en una estructura genética y filogeográfica bien marcada, donde la diversidad genética de cada región se habría generado en ese lugar. En segundo lugar, evaluamos la conectividad contemporánea de *B. gaini* en una resolución espacial mucho mayor, abarcando la isla subantártica de South Georgia y Antártica marítima, utilizando una técnica de secuenciación masiva del genoma. Nuevamente, encontramos que el patrón de estructuración genética es bastante alto con una tasa de flujo génico entre regiones geográficas inferior al 1%, sugiriendo que este invertebrado de agua dulce no estaría dispersando dentro de Antártica, ni entre las islas subantárticas y Antárticas. Estos resultados evidencian una muy baja capacidad efectiva de dispersión, lo que se traduce en que los individuos tienen muy pocas posibilidades de migrar ante cambios en el paisaje, como por ejemplo la disminución de su hábitat por la desaparición de los ecosistemas semipermanentes de agua dulce que existen durante los periodos estivales en Antártica o durante el año en la Patagonia sudamericana, o por el contrario colonizar nuevas áreas libre de hielo. Finalmente, y en relación con el cambio de hábitat que podría experimentar Antártica en el futuro, elaboramos modelos de predicción de hábitat adecuado para *B. gaini* bajo dos escenarios de cambio climático presentados por el Panel Intergubernamental de Cambio Climático (IPCC). Nuestros modelos predicen que habría una expansión del hábitat adecuado para *Branchinecta* en Antártica. Sin embargo, esto no ocurriría en la región de Magallanes y la isla subantártica de South Georgia, donde la disponibilidad de hábitat disminuye considerablemente. Es decir, considerando únicamente las variables climáticas de los modelos, *Branchinecta* solo podría colonizar nuevos ambientes libre de hielo en Antártica, pero en las regiones de latitudes más bajas, podría extinguirse localmente. En conclusión, tenemos que mirar con precaución los modelos climáticos de predicción de hábitat de las especies y no concluir precipitadamente un aumento o disminución de distribución, sin antes considerar previamente los rasgos de historia de vida, como por ejemplo su capacidad de dispersión. El camarón hada Antártico, al tener una muy baja capacidad de dispersión efectiva, limita mucho su potencial colonizador de nuevas áreas libres de hielo que aumentarían para finales de siglo en Antártica. La actual fragilidad de los ecosistemas de agua dulce pone en especial riesgo la permanencia de los hábitats de las regiones subantárticas, lo que extinguiría localmente las poblaciones de *B. gaini* y las interacciones con el resto de la comunidad asociada a los ecosistemas de agua dulce, por ejemplo, otros invertebrados y aves terrestres de la zona.

➤ **Palabras clave:** Áreas libre de hielo, biogeografía, conectividad, ecorregión subantártica de Magallanes, modelación de nicho.

ECOLOGICAL NICHE WIDTH IS RELATED TO MORPHOLOGICAL INTEGRATION, EVOLVABILITY AND FLEXIBILITY? A STUDY CASE IN PRIMATES AND BATS

¿LA AMPLITUD DEL NICHO ECOLÓGICO ESTÁ RELACIONADA A LA INTEGRACIÓN MORFOLÓGICA, EVOLVABILIDAD Y FLEXIBILIDAD? UN CASO DE ESTUDIO EN PRIMATES Y MURCIÉLAGOS

Gabriel Marroig

Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazil.
gmarroig@usp.br

In this conference I would like to bridge a gap between ecological and evolutionary theories by looking at the ecological niche variation hypothesis and incorporating into it an evolutionary quantitative genetics toolbox. Van Valen (1965) in a seminal paper suggested that species that are relatively more variable would also have larger more variable ecological niches. The rational underlying is that to face more variable biotic and abiotic conditions morphology would have to be more variable too. These ideas spurred by the niche variation hypothesis (NVH) have been tested, with different degrees of support or lack of it since then. In this sense, the relatively recent observation that the high within-population variation in ecological generalist species is in fact the result of a heterogeneous collection of relatively specialized individuals can be viewed as a refinement of NVH. But few people usually pay attention to Van Valen 1974 (Multivariate Structural Statistic in Natural History) paper about how variation is structured into the multivariate morphospace. In many ways modern tests of the NVH are still using a relatively simple, one could argue sensible but still univariate approximation, of how to measure relative variation: the average coefficient of variation. We will show here that there is information to be gained and insight from looking at how variation is distributed in a multivariate way and how this connects to evolutionary quantitative genetics.

On the other hand, evolutionary quantitative genetics have made advances in the past 2 decades that are still slowly being absorbed by other areas. Concepts (and explicitly how to measure it) like evolvability, flexibility and integration are either related to how the species/population variation is available for evolutionary processes or involves the interaction between that same genetic/phenotypic variation and the evolutionary mechanisms, particularly natural selection. To illustrate this one can say that a species is "highly integrated" morphologically which in fact is a statement on how the morphological variation is distributed in the morphospace, which in this case, means the variation is highly asymmetrical in the sense that is concentrated in very few dimensions (or directions) and most of the other directions lacks or have relatively small variation available.

Conversely a species with "low integration" means that most of the genetic and phenotypic variation is more equally distributed. Evolvability is the amount of genetic variation available in one direction. This can easily be represented in a relative amount if some form of standardization is applied (like the % of the total variation in one direction). Finally, flexibility is a related concept capturing how closely the population can track natural selection. It is defined as the correlation between the direction of selection and the direction of evolutionary change produced by the application of selection upon the population variation. It is important to keep in mind that most organisms are multivariate (meaning that they are composed of many different traits that interact among themselves). This interaction among traits is usually referred to as integration and can either constraint or facilitate evolutionary changes. Notice that flexibility and integration, at least in biological systems on our planet, are empirically negatively associated since the larger the integration the more asymmetrical is the distribution of genetic/phenotypic variation and thus, more constrained is the response of the population to natural selection (smaller flexibility).

How can these evolutionary quantitative genetics concepts be brought to bear on the problem of NVH? One can therefore imagine that species that are highly integrated would only be able to cope with a limited degree of environmental (biotic and abiotic) variation and thus would perhaps be more prone to local extinction and therefore present smaller niches. Conversely, species that are less integrated are more flexible and therefore would be able to cope with more variable environmental conditions. To test our starting hypothesis, we evaluated here using a dataset of primates and bats. 15,000 skulls of Platyrrhini primates (America), Catarrhini primates (Africa, Asia and Europe) and Phylostomids bats measured for 35 unique and homologous developmental/functional traits. All localities were georeferenced and climatic data (abiotic niche) obtained from Wordclim. We used these climatic data as a measure of the abiotic niche, independent of morphology. From the morphological data we obtained the average coefficient of variation (a proxy for niche width in the NVH as per Van Valen original idea) as well as measures of flexibility, evolvability and morphological integration for each of the 120 species studied.

Our results are clear for all 3 groups indicating that climatic niche and morphological niche width are in fact positively related to integration and negatively related to flexibility. In other words, species that are more integrated morphologically and therefore have smaller flexibility in fact show evidence of having larger climatic and morphological niche width, contrary to our initial hypothesis. To understand this, we need to go back and understand that organism's growth during development impacts size variation, which is one of the factors that contributes to morphological integration within mammalian species.

The larger the relative (not absolute) contribution of size variation to the total variation available the larger the integration between traits which in turn reduces the capability of a population to track the direction selection is acting. But at the same time, this means that those species would be relatively more variable in size, which is a biological component directly related to several physiological and ecological properties that are easily related to niche variation. Prey and other food items' size and hardness are usually directly related to individual's variation in body size, and so are mechanical properties of the food apparatus. The relation between individual body size and physiological cost and properties are well known. Thus, while our results are not in agreement with our initial hypothesis, they are highly informative of the link between integration/modularity, evolutionary properties and niche variation in a macroevolutionary scale. Furthermore, we believe that an integrative approach combining evolutionary quantitative genetics and niche theory would benefit the field.

➤ **Keywords:** Modularity, natural selection, evolutionary change, genetic and phenotypic covariation.

Simposios

— Resúmenes —

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

Simposio / 1

Morfología, genética y evolución de caracteres atípicos en plantas parasíticas comparados con sus parientes autótrofos

MORFOLOGÍA, GENÉTICA Y EVOLUCIÓN DE CARACTERES ATÍPICOS EN PLANTAS PARASÍTICAS COMPARADOS CON SUS PARIENTES AUTÓTROFOS

MORPHOLOGY, GENETICS AND EVOLUTION OF ATYPICAL TRAITS IN PARASITIC PLANTS COMPARED TO THEIR AUTOTROPHIC RELATIVES

Natalia Pabón-Mora

Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
<lucia.pabon@udea.edu.co>

El parasitismo planta-planta ha evolucionado de forma independiente 12 veces en las angiospermas. Aunque las aproximadamente 4.750 especies de angiospermas parásitas suman cerca del 2% del total de plantas con flor, muestran una variación notable en las formas de crecimiento, la historia natural, las modificaciones morfoanatómicas y ontogenéticas, las interrelaciones genéticas entre hospederos y parásitos, los procesos de infección, el rango de hospederos y la distribución geográfica. Dependiendo parcial o totalmente del metabolismo de sus hospederos, las plantas parásitas exhiben algunas de las relaciones genómicas más atípicas, incluidas la transferencia horizontal de genes, la reorganización extrema de los genomas, y el uso de genes del hospedero para el normal funcionamiento del parásito. Todas las plantas parásitas desarrollan estructuras especializadas para anclarse y penetrar tejidos bien sea a nivel de la raíz o del tallo del hospedero. Los hemiparásitos obligados (principalmente concentrados en el orden Santalales), por ejemplo, forman haustorios masivos para establecer conexiones estructurales y fisiológicas profundas con sus hospederos, al tiempo que conservan vástagos funcionales y una autonomía fotosintética rara vez limitada. Por el contrario, los holoparásitos sufren más drásticas reducciones ontogenéticas, fisiológicas y genéticas, y algunas de éstas (los holoendoparásitos) completan gran parte de su ciclo de vida como organismos crípticos con tejidos parenquimáticos indiferenciados, que, a pesar de carecer de meristemas de raíz y de vástago, así como de raíces, tallos, y hojas, emergen de sus hospederos para completar sus fases reproductivas de polinización y fertilización de manera normal. La íntima conexión entre hospedero y parásito permite procesos de transferencia horizontal de genes, que, con mayor frecuencia, modifican la estructura cromosómica y conformación molecular del mitogenoma y genoma nuclear de la planta parásita involucrada. Además, se ha documentado el movimiento de ARNm entre hospederos y parásitos, lo cual dificulta identificar el origen y la función de genes endógenos versus genes exógenos en el desarrollo del parásito. Por lo tanto, las plantas parásitas representan sistemas biológicos excepcionales, ya que transgreden varias de las “reglas” convencionales de las angiospermas autótrofas.

Estos sistemas constituyen “mutantes naturales” que permiten explorar y comprender desviaciones significativas en la morfoanatomía, la fisiología, la genética, el desarrollo y, en fin, la evolución de las plantas con flor. Nuestro simposio convoca a algunos de los grupos en América Latina activamente involucrados en la investigación de angiospermas parasíticas, incluidos aspectos cruciales tales como los cambios en la morfoanatomía de las plantas parásitas en comparación con sus contrapartes autótrofas; los procesos genéticos subyacentes a dichos cambios morfológicos; la dinámica evolutiva de plastomas, mitogenomas y genomas nucleares de plantas parásitas; y la estimación de tasas evolutivas y de especiación en plantas parasíticas versus sus hospederos.

➤ **Palabras clave:** Plantas parasíticas, reducción morfológica, transferencia horizontal de genes, desarrollo atípico.

TRANSFERENCIA GÉNICA HORIZONTAL EN PLANTAS ENDOPARÁSITAS

HORIZONTAL GENE TRANSFER IN ENDOPARASITIC PLANTS

Laura Evangelina García[1,2*], Leonardo Gatica-Soria[1,2], María Emilia Roulet[1], María Virginia Sánchez-Puerta[1,2]

[1] IBAM, Universidad Nacional de Cuyo, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Mendoza, Argentina.

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

* <lgarcia@fca.uncu.edu.ar>

Mitrastemon yamamotoi (Mitrastemonaceae) es un ejemplo extremo de planta holoparásita endoparásita: vive totalmente dentro de su planta hospedante y solo se manifiesta al exterior con flores diminutas, careciendo de raíces, tallos y hojas propias. De modo similar, *Sapria himalayana* (Rafflesiaceae) y *Cytinus hypocistis* (Cytinaceae) representan linajes independientes de parásitas endófitas no fotosintéticas, cuyas estructuras vegetativas están sumamente reducidas. Esta forma de vida endófita obligada, con un contacto íntimo célula a célula entre el parásito y los tejidos del hospedante, crea oportunidades únicas para la transferencia horizontal de genes (HGT) entre especies. En este contexto, hemos investigado comparativamente dichas especies para entender la magnitud y el papel evolutivo de la HGT en plantas endoparásitas. Mediante estrategias de ensamblado de novo, reconstruimos sus genomas mitocondriales y los de sus hospedantes. Los análisis filogenéticos y comparativos revelaron que entre el 35% y el 60% de los genomas mitocondriales de estas especies provienen de sus hospedantes. Estas proporciones incluyen tanto genes como regiones intergénicas, lo que sugiere una transferencia masiva de secuencias de ADN. Nuestros resultados evidencian un proceso activo y reiterado de transferencia horizontal en linajes endoparásitos de angiospermas, que ha moldeado profundamente la arquitectura y composición de sus genomas mitocondriales. Proponemos que la fase endofítica prolongada es un factor clave que favorece este fenómeno, y que su estudio puede arrojar luz sobre la evolución genómica en estas plantas.

Palabras clave: HGT, mitocondria, mtDNA, evolución.

➤ ORBÍCULAS EN ANGIOSPERMAS PARASÍTICAS

ORBICULAE IN PARASITIC ANGIOSPERMS

Virginia Cristina Gómez Villafañe[1*], Ana María González[2], María Virginia Sánchez-Puerta[3], Héctor Arnaldo Sato[1]

[1] CEIBo, Universidad Nacional de Jujuy, Facultad de Ciencias Agrarias, Jujuy, Argentina.
[2] IBONE, Universidad Nacional del Nordeste, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Corrientes, Argentina.
[3] IBAM, Universidad Nacional de Cuyo, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Mendoza, Argentina.
* <vir.gomezvillafane@fca.unju.edu.ar>

Las orbículas o cuerpos de Ubisch son corpúsculos acelulares, generalmente submicrónicos, presentes en anteras maduras. Se desarrollan junto con los granos de polen y están compuestos por esporopolenina. Aunque su función no está del todo clara, se ha sugerido que, al igual que las características morfológicas del polen, poseen valor taxonómico al aportar información útil para la identificación de especies. Se ha documentado en angiospermas una tendencia evolutiva hacia la reducción del tamaño de las orbículas, lo que podría haber llevado a su ausencia en muchos clados más derivados. Dadas las profundas modificaciones morfológicas que han experimentado las plantas parásitas debido a su especialización, nos propusimos determinar si el patrón de distribución y la relevancia taxonómica de las orbículas en las angiospermas parasíticas sigue la misma tendencia general observada en las plantas autótrofas. Para ello, se analizó la información disponible sobre orbículas en los doce linajes de angiospermas que incluyen especies parásitas. No se encontraron datos sobre orbículas en nueve de ellos. De los tres linajes con información disponible sobre orbículas, la familia Balanophoraceae (Santalales) es la más estudiada. Los datos disponibles sobre las orbículas en angiospermas parasíticas están altamente fragmentados y no permiten establecer un patrón de distribución claro. Sin embargo, el análisis de la filogenia de la familia Balanophoraceae con las características de las orbículas de sus especies, muestra una tendencia hacia la reducción y ausencia de orbículas en los grupos de divergencia más reciente, de acuerdo con lo observado en las angiospermas en general con respecto a este carácter. Aunque los datos actuales de Balanophoraceae apoyan la tendencia descrita en plantas autótrofas, es esencial analizar más especies para validar si esta tendencia se extiende a las plantas parásitas en general. Esto permitirá mejorar nuestra comprensión de la evolución de las orbículas en angiospermas parásitas y su relevancia taxonómica.

➤ **Palabras clave:** Parásitas, Balanophoraceae, anteras, cuerpos de Ubisch.

➤ FUNDAMENTOS GENÉTICOS DE LA REGULACIÓN DEL CRECIMIENTO, LA FLORACIÓN Y LA IDENTIDAD DE LOS ÓRGANOS FLORALES EN LAS HOLOPARÁSITAS DE LA FAMILIA APODANTHACEAE (MALPIGHIALES)

GENETIC BASIS OF GROWTH REGULATION, FLOWERING, AND FLORAL ORGAN IDENTITY IN HOLOPARASITES OF THE FAMILY APODANTHACEAE (MALPIGHIALES)

Natalia Pabón-Mora[1*], Favio González[2]

[1] Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
[2] Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.
* <lucia.pabon@udea.edu.co>

El parasitismo planta-planta ha evolucionado independientemente 11 veces en las angiospermas. Las ca. 4750 plantas parásitas constituyen solo el 2% de toda la diversidad de angiospermas. Sin embargo, exhiben algunas de las reducciones genómicas más destacadas y modificaciones extraordinarias en términos de desarrollo, adaptaciones estructurales y estrategias reproductivas. Las reducciones de desarrollo más dramáticas ocurren en los endoholoparásitos, que crecen completamente dentro de sus huéspedes como células parenquimáticas, carecen de raíces, brotes y hojas típicos, y se hacen visibles sólo a través de flores y frutos emergentes. Nos hemos centrado en las Apodanthaceae, específicamente en el parásito Apodanthes de las Salicaceae y el parásito Pilostyles de las Fabaceae. Presentaremos datos sobre: 1) la reducción sustancial en la maquinaria genética de los meristemas apicales del vástago (Shoot apical meristems o SAM); 2) la regulación de la división celular durante la fase endofítica hasta la finalización del desarrollo floral; 3) el reclutamiento potencial de reguladores de la floración del huésped por parte de las plantas holoparásitas; y 4) el análisis de expresión de homólogos endógenos de identidad de órganos florales LEAFY y MADS-box en estas plantas con flores atípicas. Nuestros datos sugieren cambios dramáticos en el control de los meristemas vegetativos y heterocronía asociada a la adquisición del destino floral por parte del endófito de forma prematura, posiblemente asociada con la floración rápida para la supervivencia de la parásita. Por otra parte, las parásitas de la familia Apodanthaceae tienen conservados y activan de forma endógena todos los factores de transcripción asociados a la formación de órganos florales. Compararemos estos datos con resultados de la familia Hydnoraceae, el primer linaje de plantas con flor que exhibe plantas holoparásitas.

➤ **Palabras clave:** Endoholoparasitismo, destino meristemático, LEAFY, floración, Identidad de órganos florales.

NEW PERSPECTIVES IN HAUSTORIUM STRUCTURE AND EVOLUTION ACROSS PARASITIC FLOWERING PLANTS

NUEVAS PERSPECTIVAS EN LA ESTRUCTURA Y EVOLUCIÓN DEL HAUSTORIO EN PLANTAS PARÁSITAS CON FLOR

Luiza Teixeira-Costa

Meertens Instituut, Netherlands / Meise Botanic Garden, Belgium.
<luiza.teixeirac@gmail.com>

Parasitic flowering plants are characterized by the development of an organ known as haustorium, which has evolved in multiple independent angiosperms clades. The haustorium has also been deemed "the most plastic of organs" due to its ability to accommodate physiological and anatomical differences between the parasite itself and its host plants. This is achieved through the development of vascular connections, which involve the differentiation of various specialized cell types by the parasite. The development, structure, and evolution of the haustorium and the connections it fosters are reviewed here considering all 12 parasitic plant lineages. A multi-level comparison between "model" parasitic plants, such as Orobanchaceae and *Cuscuta* species, with members of often neglected groups, such as Lennoaceae, Mitrastemonaceae, and Santalales yields the idea of a shared general body plan of the mature haustorium. This proposed haustorium bauplan is composed of an upper part, including structures associated with mechanical attachment to the host body, and a lower part, including all parasitic tissues and cell types within the host body. The analysis of multi-level convergence is also applied here to the comparison between haustoria and other plant organs. Considering the structure, molecular development, and functionality of this organ under the framework of continuum and process plant morphology, I propose the interpretation of haustoria as morphological misfits.

Keywords: Haustorium, parasitic body plan, convergent evolution.

Simposio / 2

Procesos de especiación y diversificación: integrando perspectivas macro y microevolutivas

➤ PROCESOS DE ESPECIACIÓN Y DIVERSIFICACIÓN: INTEGRANDO PERSPECTIVAS MACRO Y MICROEVOLUTIVAS

SPECIATION AND DIVERSIFICATION PROCESSES: INTEGRATING MACRO AND MICROEVOLUTIONARY PERSPECTIVES

Santiago Benitez Vieyra[1*], Manuel Ignacio Stefanini[1], Mariana Morando[2], Melisa Olave[3]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (Universidad Nacional de Córdoba – CONICET). Córdoba, Argentina.

[2] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, CENPAT (CONICET); Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. Puerto Madryn, Argentina.

[3] Instituto Argentino de Investigación de Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), CCT Mendoza, Argentina.

* <sbenitezvieyra@imbiv.unc.edu.ar>

La especiación y la diversificación fenotípica y ecológica son procesos fundamentales de la evolución, moldeando la biodiversidad a través del tiempo y el espacio. En las últimas décadas, con el advenimiento de las filogenias moleculares, los métodos comparativos, el desarrollo de técnicas genómicas de secuenciación masiva y de herramientas que permiten cuantificar la variación morfológica, se ha vuelto factible evaluar los procesos y patrones asociados a la especiación y al cambio evolutivo con una resolución sin precedentes. Sin embargo, el entendimiento del diálogo entre patrones y procesos microevolutivos y aquellos que subyacen a escala macroevolutiva es aún limitado, en parte porque los enfoques analíticos antes mencionados frecuentemente se aplican en una u otra escala evolutiva de manera aislada. En este simposio buscaremos discutir cómo las interacciones entre procesos microevolutivos—como la selección natural/sexual, la deriva genética, y la hibridación—y fenómenos macroevolutivos—como tasas de especiación, extinción y cambio fenotípico, patrones macroevolutivos, convergencia evolutiva— dan forma a la diversidad de los linajes. Al abordar múltiples escalas y perspectivas, buscaremos contribuir al desarrollo de una mirada integral sobre la formación y mantenimiento de la biodiversidad.

➤ **Palabras clave:** Genómica, filogenia, introgresión, convergencia, morfología.

ESPECIACIÓN PERIFÉRICA TRAS LA EXPANSIÓN DEL ÁREA DE DISTRIBUCIÓN EXPLICA LA DIVERSIDAD Y DISTRIBUCIÓN DE LOS PECES VIVÍPAROS DEL GÉNERO *JENYNSIA*

PERIPHERAL SPECIATION FOLLOWING RANGE EXPANSION EXPLAINS THE DIVERSITY AND DISTRIBUTION OF LIVE-BEARING FISHES OF THE GENUS *JENYNSIA*

Rachel Berg, Julián Torres-Dowdall*

University of Notre Dame, Notre Dame, Estados Unidos.
* <torresdowdall@nd.edu>

La especiación periférica se produce cuando las poblaciones divergen de una población parental extendida y se diferencian a lo largo de su periferia, facilitada por la interacción de barreras ecológicas y geográficas. Este fenómeno da lugar a especies que difieren en el tamaño de su área de distribución y el rango de tolerancia ecológica, y puede dar lugar a filogenias equívocas. Aquí examinamos los patrones de especiación periférica en el complejo de especies *Jenynsia lineata* utilizando un enfoque genómico. El complejo de especies *lineata* es un grupo de peces vivíparos de Sudamérica que muestra señales de especiación periférica en la asimetría de sus rangos de distribución, siendo *J. lineata* una especie ampliamente distribuida, y con una filogenia no resuelta. Nuestro objetivo es resolver el complejo *lineata*, delimitar las especies dentro del complejo e identificar señales de introgresión para comprender mejor los patrones evolutivos subyacentes. Obtuvimos muestras de DNA de 85 individuos del complejo y realizamos la secuenciación RAD para generar marcadores moleculares de todo el genoma para análisis filogenéticos. Encontramos evidencias de seis grupos genéticos distintos dentro del complejo y delimitamos al menos cinco especies, con una nueva especie de *Jenynsia* en el norte de Argentina a lo largo de la periferia de *J. lineata*. *Jenynsia lineata* se recuperó como la especie de divergencia más reciente en nuestra filogenia. Esta filogenia, junto con los patrones observados de introgresión entre especies, sugiere que la diversificación del complejo *lineata* es el resultado de una serie de eventos de especiación periférica, tras una expansión del área de distribución de una *J. lineata* parental. Nuestros resultados muestran patrones genómicos asociados con la especiación periférica y apoyan la utilidad de utilizar la especiación periférica para entender mejor patrones filogenéticos contradictorios o confusos.

Palabras clave: Peces vivíparos, especiación peripátrica, gemación periférica, filogenia, delimitación de especies.

UNA MIRADA GENÉTICA A LA PERSISTENCIA DE DOS ESPECIES DE PLANTAS CON POCO AISLAMIENTO REPRODUCTIVO

A GENETIC LOOK AT THE PERSISTENCE OF TWO PLANT SPECIES WITH LITTLE REPRODUCTIVE ISOLATION

Henry Arenas-Castro[1,2]*, Cage Cochran[1], Jenn Coughlan[1]

[1] Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University. Connecticut, Estados Unidos.
[2] Yale Institute for Biospheric Studies. Connecticut, Estados Unidos.
* <henry.arenasc@gmail.com>

Un enigma igual de interesante que el origen de las especies es la persistencia de las especies: ¿Cómo especies que se entrecruzan pueden habitar y persistir en el mismo espacio? Esta es una de las principales preguntas de las investigaciones contemporáneas en especiación. Nosotros investigamos cómo ocurre este fenómeno en dos especies de plantas cercanamente emparentadas que cohabitan en el norte de California: *Mimulus guttatus* y *M. glaucescens*. Estas especies difieren ampliamente en varios rasgos morfológicos y sus barreras reproductivas son permeables. Generamos secuencias genómicas de individuos de ambas especies muestreados a lo largo del área de simpatría y analizamos los patrones de estructura genética y diferenciación genómica. A pesar de la facilidad con que individuos de ambas especies se pueden cruzar en el laboratorio y niveles muy bajos de diferenciación genómica, los patrones de frecuencias alélicas claramente diferencian a *M. guttatus* de *M. glaucescens*. También descubrimos dos regiones del genoma en cromosomas diferentes que muestran una señal excepcional de diferenciación, indicando que la selección natural les ha impedido fluir entre especies. Estas regiones codifican dos subunidades del mismo factor de transcripción, el cual cumple un rol fundamental en la expresión de muchos rasgos. Estos resultados sugieren que la diferenciación fenotípica de especies puede persistir a pesar de los efectos homogenizadores del flujo genético si la selección natural actúa sobre unos pocos genes que afectan múltiples rasgos.

Palabras clave: Especiación, adaptación, flujo genético, selección natural, *Mimulus.*

➤ ESPECIACIÓN CRÍPTICA EN LÉMURES RATÓN: ESPECIES SIMPÁTRICAS MUESTRAN DIFERENCIAS GENÉTICAS, DE COMPORTAMIENTO, ECOLÓGICAS, FISIOLÓGICAS PERO NO MORFOLÓGICAS

CRYPTIC SPECIATION IN MOUSE LEMURS: SYMPATRIC SPECIES SHOW GENETIC, BEHAVIORAL, ECOLOGICAL, AND PHYSIOLOGICAL, BUT NOT MORPHOLOGICAL, DIFFERENCES

J. Carolina Segami Marzal[1*], Sam Hyde Roberts,[1] Paschalia Kapli[2], Ziehang Yang[3], Anne Yoder[1]

[1] Department of Biology, Duke University, Durham NC, USA.
[2] Natural History Museum, London, UK.
[3] University College London, UK.
* <carolina.segami@duke.edu>

Los lémures ratón del género *Microcebus* son primates endémicos de Madagascar que presentan muy poca variación morfológica a pesar de tener niveles altos de diferenciación genética. En este estudio revisitamos dos zonas de contacto entre *M. griseorufus* y *M. murinus* en el sudeste de Madagascar donde ha habido evidencia de hibridación. Utilizando *RADseq* y *WGS* (secuenciación del genoma completo), no encontramos evidencia de hibridación actual sugiriendo que los antiguos reportes hayan sido probablemente falsos positivos. A pesar de que los análisis de tiempo de divergencia sugieren un tiempo estimado de menos de 80 mil años, toda la evidencia indica un aislamiento reproductivo completo. Esto es sorprendente tratándose de primates. Estudios de campo intensivo conducidos por nuestro equipo, refuerzan la evidencia de aislamiento reproductivo a pesar de compartir el territorio hasta el extremo de poder capturar animales de las dos especies en los mismos árboles. Uno de los hallazgos más interesantes es el uso de una estrategia metabólica drásticamente distinta entre las dos especies. Mientras una recurre al torpor para soportar la temporada seca de escasez de alimentos y bajas temperaturas, la otra se mantiene utilizando fuentes de comida alternativa de baja calidad, pero abundante como la goma de los árboles. Pensamos que esta diferencia en estrategia puede ser parte de la causa de la rápida divergencia.

➤ **Palabras clave:** Especiación, aislamiento reproductivo, *Microcebus*, especies crípticas, especies simpátricas.

HIBRIDACIÓN, RETICULACIÓN Y DESAFÍOS PARA COMPRENDER LA DIVERSIFICACIÓN EN *LIOLAEMUS*

HYBRIDIZATION, RETICULATION, AND CHALLENGES IN UNDERSTANDING DIVERSIFICATION IN *LIOLAEMUS*

Mariana Morando[1,2*], Kevin I. Sánchez[1], Luciano J. Avila[1], Melisa Olave[3,4,5]

[1] Grupo de Herpetología Patagónica, IPEEC-CONICET, Puerto Madryn, Argentina.
[2] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Puerto Madryn, Argentina.
[3] Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Mendoza, Argentina.
[4] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[5] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Reino Unido.
* <morandocnp@gmail.com>

El género *Liolaemus* (Squamata: Liolaemidae) constituye un modelo excepcional para estudiar los procesos de especiación y diversificación en zonas templadas de Sudamérica. Con más de 280 especies descriptas y una notable expansión ecológica y morfológica, *Liolaemus* no sólo representa el grupo de amniotas más diverso en estos ambientes, sino que su familia exhibe la tasa de especiación más alta entre los Squamata. Esta radiación plantea un excelente modelo para analizar conexiones entre micro y macroevolución, particularmente para explicar eventos de especiación rápida. En este trabajo se realiza una síntesis de los casos documentados de hibridación en *Liolaemus*, discutimos los desafíos que plantea la delimitación de especies en contextos de reticulación, y presentamos perspectivas para una agenda de investigación comparativa que conecte procesos microevolutivos (flujo génico, selección) con patrones macroevolutivos (radiación, disparidad y tasas de diversificación). En las últimas dos décadas, diversos estudios moleculares y morfológicos han documentado casos concretos de hibridación en *Liolaemus*, así como zonas de contacto con señales de introgresión histórica o actual. Particularmente, a partir del uso de datos genómicos y multilocus, se han identificado relaciones no bifurcadas entre linajes, evidencia de flujo génico entre especies no hermanas y patrones genéticos inconsistentes con escenarios de divergencia estricta. Esto sugiere que el flujo génico podría haber jugado un rol relevante en la rápida diversificación del grupo. No obstante, aún se carece de un marco genómico comparativo que permita cuantificar el alcance y el impacto adaptativo de estos eventos. Con el inicio de un nuevo proyecto de secuenciación de genomas completos en múltiples especies de *Liolaemus*, se abre la posibilidad de integrar estas observaciones con un enfoque comparativo más robusto. La disponibilidad creciente de genomas completos en otros vertebrados ha revelado que la hibridación no es una rareza, sino un componente común en su evolución.

En muchos casos, la introgresión ha contribuido a la adquisición de rasgos adaptativos clave, como tolerancia térmica, pigmentación o resistencia a patógenos. Planteamos que *Liolaemus*, con su gran variación en fisiología térmica, modos reproductivos y coloración, puede ser un sistema ideal para poner a prueba hipótesis sobre introgresión adaptativa y su rol en la expansión ecológica y la formación de nuevas especies.

➤ **Palabras clave:** Introgresión, microevolución, macroevolución, radiaciones rápidas, delimitación de especies.

➤ ¿CÓMO CAMBIAN LAS ASOCIACIONES ENTRE RASGOS? COMPARANDO PROCESOS A ESCALA MICRO Y MACROEVOLUTIVA

HOW DO ASSOCIATIONS BETWEEN TRAITS CHANGE? COMPARING PROCESSES AT THE MICRO AND MACROEVOLUTIONARY SCALES

Santiago Benitez-Vieyra*, Santiago Castillo, Juliana Verónica Izquierdo, Federico Sazatornil, Manuel Ignacio Stefanini

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC – CONICET). Córdoba, Argentina.
* <sbenitezvieyra@imbiv.unc.edu.ar>

La teoría de las radiaciones adaptativas y su corolario, la especiación ecológica, han sido un campo fructífero de investigación. Ambas otorgan un rol preponderante a la selección divergente, debido a diferencias ecológicas entre poblaciones o especies incipientes, la cual, directa o indirectamente conduce al aislamiento reproductivo y la especiación. Numerosos estudios han señalado que la adaptación a distintos nichos ecológicos conduce a la diferenciación fenotípica y genómica. Sin embargo, un aspecto menos explorado es cómo responden las asociaciones entre rasgos frente a la selección divergente. Estas asociaciones, producto de la estructura genética y los procesos de desarrollo, pueden constituir un sesgo que restrinja o facilite la respuesta a la selección, pero a la vez son el resultado de procesos evolutivos, que posiblemente actúan a escalas de tiempo mayores. En este trabajo, comparamos la divergencia en los patrones de asociación de rasgos morfo-geométricos florales a escala intra e interespecífica. Primero, estimamos las matrices de (co)varianza fenotípica de 43 especies de *Salvia* subgen. *Calosphace*, donde las morfología floral se asocia mayormente a la polinización por abejas y por colibríes. En segundo lugar, hicimos lo mismo con 11 poblaciones de *S. stachydifolia*, una especie donde estudios recientes soportan un escenario de adaptación local a estos mismos polinizadores. Finalmente, construimos un espacio donde las distancias entre especies o poblaciones son proporcionales a las distancias Riemannianas entre sus matrices de (co)varianza, indicando su similitud. Este espacio reveló una zona de alta densidad de especies con estructuras de (co)varianza similares, dominado por especies polinizadas por abejas. Una zona de menor densidad fue ocupada por especies polinizadas por colibríes, sugiriendo que el cambio entre polinizadores se asocia a un cambio en las estructuras de (co)varianza, junto a diferencias en integración y modularidad. Las poblaciones de *S. stachydifolia* ocuparon una fracción relativamente grande del espacio de (co) varianzas de *Calosphace*. Esta dispersión parece estar vinculada a fenómenos estocásticos y al aislamiento entre poblaciones, más que a diferencias en su polinización.

Este contraste entre los niveles intra e interespecífico refuerza la idea de un desacople entre la evolución de los rasgos fenotípicos y sus asociaciones a diferentes escalas evolutivas, pero también nos indica que las diferencias que observamos entre poblaciones representan una gran flexibilidad para el cambio en las asociaciones entre rasgos, explorando de esas formas nuevas combinaciones y abriendo paso a modificaciones mayores en los complejos fenotipos florales.

➤ **Palabras clave:** Especiación ecológica, fenotipos, matrices de varianza-covarianza, radiación adaptativa, selección mediada por polinizadores.

EVOLUCIÓN DEL CRÁNEO DE FURNARIIDAE (AVES: PASSERIFORMES): APORTE DE LOS FACTORES INTRÍNSECOS A LA PRODUCCIÓN DE NOVEDADES EVOLUTIVAS Y SU RELACIÓN CON PROCESOS DE ESPECIACIÓN ECOLÓGICA

EVOLUTION OF THE SKULL OF FURNARIIDAE (AVES: PASSERIFORMES): CONTRIBUTION OF INTRINSIC FACTORS TO THE PRODUCTION OF EVOLUTIONARY NOVELTIES AND THEIR RELATIONSHIP WITH ECOLOGICAL SPECIATION PROCESSES

Manuel Ignacio Stefanini

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC - CONICET), Córdoba, Argentina.
* <nachostefanini@gmail.com>

En las últimas décadas se han hecho grandes avances en la comprensión del aporte de los factores intrínsecos a los procesos de evolución morfológica. Sin embargo, ciertos aspectos, como la relación entre modularidad, alometría y el surgimiento de novedades evolutivas, todavía resultan poco claros. Estudios recientes han mostrado que en las aves, cambios en la kinesis craneal suelen traer aparejados cambios en los patrones de modularidad, ya que afectan conjuntos de rasgos relacionados en términos de desarrollo, funcionales y genéticos a lo largo de todo el cráneo. Por lo tanto, los distintos sistemas de kinesis craneal avianos constituyen un excelente modelo para evaluar la relación entre factores intrínsecos, novedades evolutivas y el impacto de estos en la capacidad de producción de disparidad adaptativa de un linaje. El cráneo en la familia Furnariidae presenta en muchas de sus especies un tipo poco común de kinesis craneal que otorga mayor movilidad intra-pico (rincokinesis proximal), mientras que en otras donde retiene el tipo de kinesis ancestral (prokinesis), muestra una serie de novedades evolutivas relacionadas con gran osificación y picos muy conspicuos. Estas novedades evolutivas exhibidas por ambos tipos de kinesis han sido consideradas innovaciones clave que podrían haber impulsado la radiación adaptativa de la familia. Mediante el uso de morfometría geométrica y métodos comparativos filogenéticos, se evaluó aquí el grado de modularidad y alometría en el pico y el neurocráneo en cada tipo de kinesis. Luego, con el objetivo de cuantificar si las novedades evolutivas de las kinesis constituyen disparidad adaptativa (potenciales innovaciones clave), se evaluaron regímenes de convergencia evolutiva asociados a ambos tipos de kinesis, así como su covariación con distintas variables ecológicas. Los resultados muestran que en los furnáridos el pico y el neurocráneo han evolucionado de manera modular, a diferencia de otros paseriformes que exhiben cráneos altamente integrados (e.g., pinzones de Darwin).

Como en otros vertebrados, se observa que las especies que presentan la kinesis novedosa con mayor movilidad poseen cráneos con menor grado de modularidad y contribución alométrica que aquellas con el tipo de kinesis ancestral con menor movilidad, lo cual puede estar relacionado con diferencias en la integración funcional entre rasgos del pico y el neurocráneo. Además, se obtuvieron dos regímenes de convergencia evolutiva asociados a novedades evolutivas de ambos tipos de kinesis, los cuales a su vez covarían con el tipo de nido y alimentación. En su conjunto, los resultados sugieren que la modularidad cranio-facial puede haber facilitado el surgimiento del nuevo tipo de kinesis y la producción de disparidad adaptativa del cráneo. Dado que el pico participa activamente en procesos de reconocimiento específico y aislamiento reproductivo a través del comportamiento (e.g., vocalizaciones), procesos microevolutivos de divergencia ecomorfológica pueden haber promovido procesos de especiación ecológica, contribuyendo a la radiación adaptativa de la familia a través del Neotrópico.

➤ **Palabras clave:** Ecomorfología, disparidad adaptativa, radiación adaptativa.

Simposio / 3

Genómica sudamericana: iniciativas regionales para secuenciar la biodiversidad

GENÓMICA SUDAMERICANA: INICIATIVAS REGIONALES PARA SECUENCIAR LA BIODIVERSIDAD

SOUTH AMERICAN GENOMICS: REGIONAL INITIATIVES FOR BIODIVERSITY SEQUENCING

Pamela Morales

1,000 Chilean Genomes Project and Millennium Institute Center for Genome Regulation (CGR)
<pmorales@1000genomas.cl>

Sudamérica es uno de los epicentros mundiales de biodiversidad, albergando una extraordinaria variedad de especies, ecosistemas y linajes evolutivos únicos. En este contexto, el desarrollo de iniciativas de secuenciación genómica a gran escala representa un avance transformador en el conocimiento, conservación y gestión sostenible de esta riqueza biológica. Este simposio tiene como objetivo reunir y visibilizar tres de las principales iniciativas sudamericanas que están liderando la generación de genomas de referencia para especies nativas y endémicas: 1000 Genomas Chile, Genomics of the Brazilian Biodiversity y EBP-Colombia. Cada una de estas iniciativas está abordando desafíos técnicos, logísticos y éticos propios de sus contextos nacionales, desarrollando capacidades locales, y promoviendo la ciencia abierta y colaborativa. A su vez, todas convergen en una visión compartida: generar genomas de alta calidad que permitan estudiar la evolución, la adaptación y la vulnerabilidad de las especies frente al cambio global, apoyando la toma de decisiones para la conservación de la biodiversidad. El simposio se estructurará en seis presentaciones en total, con dos presentaciones por cada iniciativa. La primera exposición presentará a la iniciativa, sus objetivos, desafíos que ha enfrentado y los resultados que ha ido obteniendo. La segunda exposición se enfocará en un tema particular de la iniciativa, desarrollado a cabalidad. Este simposio busca no solo compartir experiencias y resultados, sino también abrir un espacio de diálogo sobre el futuro de la genómica de la biodiversidad en América del Sur.

Palabras clave: Genómica de la biodiversidad, genomas de referencia, Sudamérica, integración regional.

➤ COLOMBIA: EPIC BIODIVERSITY, STRUGGLING GENOMICS

COLOMBIA: BIODIVERSIDAD EXCEPCIONAL, DESAFÍOS EN GENÓMICA

Santiago J. Sánchez-Pacheco[1*], Andrew Crawford[2], Paola Pulido-Santacruz[3]

[1] Universidad Nacional de Colombia, Sede de La Paz, La Paz, Cesar, Colombia.
[2] Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.
[3] Escuela de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia.
* <ssanchezpac@unal.edu.co>

Colombia is among the most biodiverse countries on Earth, home to approximately 10% of all known eukaryotic species. Its remarkable biological richness includes an extraordinary diversity of birds, butterflies, orchids, palms, fishes, non-avian reptiles, amphibians, and other taxa, distributed across diverse ecosystems—from Pacific and Amazonian rainforests to tropical grasslands, deserts, dry forests, and high-elevation páramos along three Andean ranges, as well as both Atlantic and Pacific coastlines. Given this diversity, Colombia holds exceptional potential to be a global epicenter for biodiversity genomics (BG). This talk will explore the substantial challenges facing the development of BG in Colombia, including limited governmental research funding, infrastructure constraints, and the need to directly link genomic research to urgent societal and conservation priorities. Despite these barriers, Colombian researchers have pioneered successful genomics projects through creative strategies and strong international collaborations, which will be illustrated through several case studies. The country's sequencing infrastructure remains modest—with some Illumina platforms, limited Oxford Nanopore access, and no PacBio technology—while sequencing costs within Colombia often exceed those in wealthier nations. Moreover, the country's deep cultural diversity, including Afro-Colombian communities and over 100 Indigenous groups, offers both ethical considerations and opportunities for inclusive, community-engaged research. Together, these experiences highlight how biodiversity genomics in Colombia is advancing under constraints and offer valuable lessons for building genomic capacity in other megadiverse but resource-limited regions.

➤ **Keywords:** Capacity building, community-engaged research, ethical considerations, genomic infrastructure, international collaboration.

CONSERVATION AND EVOLUTIONARY GENOMICS OF COLOMBIAN SPECIES AT RISK

GENÓMICA DE LA CONSERVACIÓN Y EVOLUCIÓN DE ESPECIES COLOMBIANAS EN RIESGO

Paola Pulido-Santacruz[1*], Camilo Chacón-Duque[2], Ian Barnes[3], Santiago J. Sánchez-Pacheco[4], Alejandra Bonilla-Sánchez[5], Eduardo Eizirik[5], Victor Araújo[6], Andrew Crawford[6]

[1] Escuela de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Rosario, Colombia.
[2] Centre Palaeogenetics and Dept of Zoology, Stockholm University, Sweden.
[3] Department of Earth Sciences, Natural History Museum, London, United Kingdom.
[4] Universidad Nacional de Colombia, Sede de La Paz, La Paz, Cesar, Colombia.
[5] Pontifícia Universidade Católica de Rio Grande do Sul, Brazil.
[6] Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.
* <paola.pulidos@urosario.edu.co>

Colombia, one of the world's most biodiverse countries, faces significant challenges in advancing biodiversity genomics due to limited resources and urgent conservation needs. This talk highlights how Colombian researchers are overcoming these barriers through innovative genomic approaches with broad applications for conservation, systematics, and policy. Case studies include the first genomic reconstruction of the endangered Andean bear (*Tremarctos ornatus*), based on ancient DNA from museum specimens. The research revealed that population structure of the Andean bear closely aligns with the country's distinct mountain ranges. While genome-wide heterozygosity and inbreeding levels appear stable over time, some populations exhibit reduced genetic diversity—likely reflecting the consequences of recent habitat fragmentation and population decline.The second case study investigates the complex taxonomy of the northern tiger cat (*Leopardus tigrinus*) using whole-genome sequencing, identifying at least two distinct genetic groups within Colombia and emphasizing the need for region-specific conservation strategies.These applied studies are complemented by foundational work to expand genomic resources for Colombia's underrepresented taxa. This includes the first de novo genome assembly for an *Atelopus* species—the Santa Marta Harlequin Toad (*Atelopus laetissimus*), a critically endangered amphibian emblematic of chytrid-driven declines. The high-quality genome provides a key resource for exploring the genetic basis of pathogen resistance, a pressing priority for amphibian conservation. Together, these case studies illustrate the growing role of genomics in addressing Colombia's most urgent biodiversity challenges.

By leveraging museum collections, cutting-edge sequencing technologies, and interdisciplinary collaboration, Colombian scientists are closing critical data gaps and shaping a model for how genomics can inform conservation, influence policy, and advance biodiversity science across the Global South.

➤ **Keywords:** Biodiversity, comparative genomics, genomic resources, historical demography, Northern South America.

➤ ESCOGIENDO QUÉ SECUENCIAR: NAVEGANDO EL PAISAJE DE LA BIODIVERSIDAD CHILENA

CHOOSING WHAT TO SEQUENCE: NAVIGATING THE LANDSCAPE OF CHILEAN BIODIVERSITY

Carola Cañón[1,2,3*], Heraldo Norambuena[4], Juan Navedo[5], Andrea Varela[6], Fernando Torres[7], Claudio Correa[6], Pamela Morales[2,3], Claudio Quezada[8], Hugo Benítez[1,9], Rodrigo Barahona[10], Leyla Cárdenas[6], Paulina Carimán[6], Moisés Valladares[11], Javiera Chinga[12], Sylvain Faugeron[13], Gotz Palfner[6], Juliana Vianna[2,3,13,14]

[1] Centro Internacional Cabo de Hornos (CHIC), Puerto Williams, Chile.
[2] Proyecto 1000 Genomas.
[3] Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG), Santiago, Chile.
[4] Universidad Santo Tomás, Santiago, Chile.
[5] Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[6] Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
[7] Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
[8] Universidad de Tarapacá, Tarapacá, Chile.
[9] Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[10] Universidad de Los Lagos, Osorno, Chile.
[11] Proyecto Anillo de Investigación en Insectos Plaga y Cambio Climático, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[12] Universidad Mayor, Santiago, Chile.
[13] Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
[14] Instituto Milenio para la Biodiversidad de los Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
* <carolacanonv@gmail.com>

El proyecto 1000 Genomas Chile es la primera iniciativa nacional dedicada a caracterizar la biodiversidad eucarionte del país a través de la obtención de genomas de referencia, fortaleciendo el desarrollo científico-tecnológico nacional. Esta es una iniciativa colaborativa y multidisciplinaria que reúne centros de excelencia, investigadores e investigadoras de las principales universidades del país y un equipo de divulgación y educación científica que promueve el acceso al conocimiento en todo el territorio. En el marco del proyecto, diversos comités técnicos han sido creados. En particular, el "Comité de selección de especies y procesamiento de muestras" reúne a especialistas de diferentes grupos taxonómicos que, con su conocimiento y experticia, contribuyen a evaluar el estatus de las especies presentes en Chile y sugerir listados que reflejen correctamente la biodiversidad y la complejidad de los ecosistemas naturales del país. Durante la presentación se plantearán algunos de los desafíos más frecuentes del proceso de selección de especies, así como las decisiones que deben ser abordadas y discutidas en cada una de las etapas hasta la colecta y preservación de las muestras.

Estas dinámicas de discusión y colaboración se ven favorecidas por la conformación heterogénea del comité, ya que permiten integrar diferentes perspectivas, fomentar el intercambio interdisciplinario, promover la sinergia entre diferentes áreas y grupos de estudio y contribuir con información necesaria para la toma de decisiones en torno a la conservación de la biodiversidad chilena. Finalmente, se abordarán los principales avances, desafíos y perspectivas en la generación de genomas de alta calidad en Chile, así como la relevancia de articular una red sudamericana de iniciativas en genómica de la biodiversidad.

➤ **Palabras clave:** Criterios de selección, Chile, desafíos, especies, genomas de referencia.

GENOTROPICS: A COLLABORATIVE NETWORK FOR GENOMICS OF NEOTROPICAL SPECIES

GENOTROPICS: UNA RED COLABORATIVA PARA LA GENÓMICA DE LAS ESPECIES NEOTROPICALES

Camila J. Mazzoni[1,2*], Mariana P. C. Telles[3,4], Eduardo Eizirik[5], Mariana Nery[6], Ricardo J. Pereira[7], Frederico Henning[8], Pedro Galetti[9], Patricia Domingues de Freitas[9], Larissa S. Arantes[10], Fabricio R. Santos[10]

[1] Department of Evolutionary Genetics, Leibniz Institute for Zoo- and Wildlife Research (IZW), Berlin, Germany.
[2] Berlin Center for Genomics in Biodiversity Research (BeGenDiv), Berlin, Germany.
[3] School of Medical and Life Sciences, PUC Goiás, Goiânia, Brazil.
[4] Department of Genetics (ICB), Federal University of Goiás, Goiânia, Brazil.
[5] Laboratory of Genomics and Molecular Biology, School of Health and Life Sciences, PUCRS, Porto Alegre, Brazil.
[6] Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brazil.
[7] Department of Biodiversity Monitoring, State Museum of Natural History Stuttgart, Stuttgart, Germany.
[8] Department of Genetics, Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Rio de Janeiro, Brazil.
[9] Laboratório de Biodiversidade Molecular e Conservação, Departamento de Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brazil.
[10] Department of Genetics, Ecology and Evolution, Institute of Biosciences, UFMG, Belo Horizonte, MG, Brazil.
* <mazzoni@izw-berlin.de>

GenoTropics is a collaborative consortium of multinational researchers dedicated to scaling up the use of genomics to accelerate our understanding of Neotropical biodiversity. The consortium aims to generate knowledge on species' adaptive capacities that can inform conservation strategies and support the sustainable use of biological resources in the Neotropics. Founded in Brazil, GenoTropics maintains strong ties to Brazilian researchers both within the country and abroad. It also seeks to connect scientists across Latin America and foster impactful collaborations with international partners, particularly through its European base in Germany. The consortium prioritizes inclusive and equitable scientific partnerships, capacity building, and broad benefit-sharing through training, knowledge exchange, and long-term cooperation. In this presentation, we introduce GenoTropics' latest initiative: the Neotropical BioGenomes Network. This network aims to strengthen genomic research in the Neotropics by establishing a collaborative platform focused on generating and analyzing high-quality reference genomes of Neotropical species. Currently in its pilot phase in Brazil, the network supports ongoing research, addresses operational challenges in genome generation by local teams, and promotes standardized practices.

It also prioritizes the long-term storage of biological samples within the region and the meaningful integration of local researchers into global biodiversity genomics efforts.

➤ **Keywords:** Neotropical biodiversity, genomics, equitable collaboration, capacity building.

➤ CONSORCIO GENÓMICA DE LA BIODIVERSIDAD BRASILEÑA (GBB) (GBB)

THE GENOMICS OF BRAZILIAN BIODIVERSITY CONSORTIUM (GBB)

Alexandre Aleixo[1*], Amely Branquinho Martins[2], Amanda F. Vidal[1], Ana Carolina Pavan[1], Bruno Marques Silva[1], Carolina S. Carvalho[1], Cintia Povill[1], Danielle Luna-Lucena[1], Gisele L. Nunes[1], Henrique Vieira Figueiró[1], José Augusto P. Bittencourt[1], Lara Gomes Cortes[3], Lucas Canesin[1], Renato R. M. Oliveira[1], Roberta P. Damasceno[1], Santelmo Vasconcelos[1], Sibelle Torres Vilaça[1], Silvia B. Barreto[1], Valeria Tavares[1], Guilherme Oliveira[1]

[1] Instituto Tecnológico Vale, Belém, Pará, Brazil.
[2] Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Primatas Brasileiros, Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, Cabedelo, Paraíba, Brazil.
[3] Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Répteis e Anfíbios, Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, Goiânia, Goiás, Brazil.
* <alexandre.aleixo@itv.org>

In January 2023, the "Genomics of Brazilian Biodiversity" (GBB) consortium was launched in co-partnership between the Vale Technology Institute (ITV) and the Chico Mendes Institute of Biodiversity Conservation (ICMBio), the national authority in charge of developing, implementing, and managing policies promoting biodiversity conservation in Brazil. This research program aims to generate baseline genomic information to support conservation actions targeting threatened Brazilian biodiversity and the genetic knowledge for the enhancement of native species and varieties already linked or potentially relevant for the bioeconomy. In addition to ICMBio and ITV, dozens of Brazilian academic institutions have so far joined the GBB consortium, and together will be responsible for reaching the following main deliverables by the end of 2028: 1) structuring a national network for generating barcode references (i.e., mitogenomes and plastomes) for species identification; 2) sequencing high-quality reference genomes for selected species of the fauna and flora, including those of interest for the Brazilian bioeconomy; 3) resequencing genomes for i) estimates of population structure and genetic diversity for wildlife and captive species of conservation concern; and ii) association of phenotypic and environmental traits of species of interest for bioeconomy; and 4) implement a national monitoring scheme of target species/biological communities using environmental DNA (eDNA). As of June 2025, 122 projects encompassing the scope of activities outlined above have either entered or will soon be developed under the GBB umbrella, with many more joining the consortium soon. New partners are welcomed and needed to scale-up the generation of genomic data for Brazilian native species.

➤ **Keywords:** Environmental DNA, reference genomes, resequenced genomes, superbarcodes.

GENOMICS OF THE BRAZILIAN BIODIVERSITY (GBB): A PUBLIC-PRIVATE PARTNERSHIP TO USE GENOMIC TOOLS FOR CONSERVATION

GENÓMICA DE LA BIODIVERSIDAD BRASILEÑA (GBB): UNA ALIANZA PÚBLICO-PRIVADA PARA UTILIZAR HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA LA CONSERVACIÓN

Amely Branquinho Martins[1*], Alexandre Aleixo[2], Cintia Povill[2], Silvia Britto Barreto[2], Danielle Luna-Lucena[2], Roberta Pacheco Damasceno[2], Ana Carolina D'Oliveira Pavan[2], Amanda Ferreira Vidal[2], Daniel Luis Zanella Kantek[1], Diego de Medeiros Bento[1], Emanuel Bruno Neuhaus[2], Gisele Lopes Nunes[2], Henrique Vieira Figueiró[2], Lara Gomes Côrtes[1], Luanne Helena Augusto Lima[3], Santelmo Vasconcelos[2], Sibelle Torres Vilaça[2], José Augusto P. Bittencourt[2], Renato R. M. Oliveira[2], Guilherme Oliveira[2]

[1] Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, Brazil.
[2] Instituto Tecnológico Vale, Belém, PA, Brazil.
[3] Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brazil.
* <amely.martins@icmbio.gov.br>

Brazil is a megadiverse country, harboring between 15%–20% of the world's biological diversity. However, the impacts of anthropogenic activities, such as habitat loss and fragmentation, have increased the extinction risk for several species. Therefore, generating scientific information, such as genomic data, to support developing immediate and effective conservation policies to preserve biodiversity is crucial for Brazil's ecological stability and global conservation efforts. In this context, the GBB – Genomics of the Brazilian Biodiversity, a public-private partnership between the Chico Mendes Institute for Biodiversity Conservation (ICMBio) and the Vale Technological Institute (ITV), aims to develop genetic and genomic tools for the conservation, monitoring, and management of Brazilian species. To identify target species, a survey of conservation demands was conducted with the National Research and Conservation Centers (CNPCs) and conservation units (UCs) of ICMBio. From the demands of the CNPCs, the demands were identified for vertebrates (76.0%), invertebrates (17.4%), and plants (6.6%), encompassing all GBB hubs (DNA barcode; DNA metabarcoding; genomics for conservation; and genomics of species of interest for the bioeconomy). The UCs, in turn, presented demands mainly related to the analysis of population structure, connectivity, and effective population size. This collaborative approach was designed to assess and produce genomic data for species of significant national importance, focusing on the broader goal of biodiversity conservation and socio-economic inclusion of traditional communities.

The conservation genomics hub prioritizes projects focusing on (1) imperiled species, (2) species with no available genomic data, (3) species in need of genomic data to support management, as listed by the ICMBio Research Centers, and (4) endemic species. Concerning bioeconomy, many native Brazilian species widely consumed were included, such as the açaí (*Euterpe oleracea*) and the pirarucu fish (*Arapaima gigas*). So far, the GBB has more than 2000 samples received; 23 reference genomes already sequenced, assembled, and curated; 336 genomes for a population genomics approach and 384 organelle genomes sequenced; and has structured an extraordinary net of collaborators from 107 Brazilian and foreign research institutes, universities or NGOs, encompassing 289 researchers involved.

➤ **Keywords:** Biodiversity, conservation genomics, threatened species.

Simposio / 4

Organismo y ambiente en la biología evolutiva: polisemia y centralidad conceptual

➤ ORGANISMO Y AMBIENTE EN LA BIOLOGÍA EVOLUTIVA: POLISEMIA Y CENTRALIDAD CONCEPTUAL

ORGANISM AND ENVIRONMENT IN EVOLUTIONARY BIOLOGY: POLYSEMY AND CONCEPTUAL CENTRALITY

María Alejandra Petino Zappala[1], Nicolás José Lavagnino[2]

[1] Institute for Molecular Systems Engineering and Advanced Materials, Universidad de Heidelberg. Heidelberg, Alemania.

[2] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (UBA-CONICET), CABA, Argentina.

Los análisis filosóficos de conceptos biológicos aparentemente mundanos, como “gen” o “especie”, han iluminado una complejidad que muchas veces puede escapar a la atención de quienes los emplean rutinariamente. Estas investigaciones no sólo han expuesto enormes diferencias en el significado atribuido a estos términos dentro de las distintas sub-disciplinas de la biología, sino también algunas de sus consecuencias positivas y negativas. Asimismo, los análisis históricos del cambio conceptual reflejan cómo nuestro entendimiento acerca de los conceptos biológicos se modifica en el tiempo, cómo nuevas categorías son creadas, ganan relevancia o pierden nuestra confianza colectiva llegando a caer en desuso. Los cambios ocurridos en la biología evolutiva en las últimas décadas han causado un renovado interés por la discusión de distintos conceptos, desde aquellos más históricamente recientes, como “evolvabilidad”, hasta otros mucho más antiguos, como “organismo” o “ambiente”. En particular, aquellos conceptos que se relacionan a la centralidad de los organismos, su desarrollo e interacción con el ambiente, temas que muchos consideran fueron subestimados en su importancia durante el apogeo de la Síntesis Moderna, se encuentran actualmente en el centro de numerosas discusiones. Las charlas que componen este simposio lidian con los conceptos de organismo, ambiente y otros asociados, desde perspectivas filosóficas e históricas. Algunas preguntas que estas contribuciones buscan responder son: ¿Cómo se han conceptualizado las relaciones entre organismos y ambientes a lo largo de la historia? ¿Cómo debemos entender conceptos como construcción de nicho en base a su interacción con mecanismos evolutivos como la deriva? ¿Cómo se establecieron los significados de estos conceptos y cuáles son las consecuencias de su polisemia en las relaciones disciplinares dentro de la biología evolutiva? ¿Cómo se relacionan nuevos conceptos de la biología evolutiva con aquellos de larga data, y cómo pueden colaborar a mejorar nuestro entendimiento del cambio evolutivo? ¿Cómo se delimitan conceptos como “organismos”, “individuos” o “agentes evolutivos” y cómo ello afecta nuestras teorías sobre la evolución? ¿Cómo podemos conceptualizar la agencia y autonomía de los organismos y cómo ello difiere de enfoques que les otorgan un rol de objeto pasivo?

A través de dichas contribuciones, que presentan visiones diferentes, a veces complementarias, en otras ocasiones contrapuestas, sobre la complejidad de los conceptos centrales en la biología evolutiva, este simposio busca presentar herramientas filosóficas e históricas y fomentar la reflexión sobre estos conceptos en quienes los aplican día a día para generar conocimiento sobre la evolución biológica.

➤ **Palabras clave:** Historia, filosofía, pluralismo, cambio conceptual.

➤ CÓMO LA CONSTRUCCIÓN DE NICHO AFECTA LA DERIVA DE LAS POBLACIONES

HOW NICHE CONSTRUCTION AFFECTS POPULATION DRIFT

Alejandro Fábregas-Tejeda*, Grant Ramsey

Centro de Lógica y Filosofía de la Ciencia, Instituto de Filosofía, Lovaina, Bélgica.
* <alejandro.fabregastejeda@kuleuven.be>

La construcción de nicho es el proceso por el cual los organismos modifican su propio entorno, ocasionando así desviaciones en la trayectoria evolutiva de su población. Tradicionalmente, se ha entendido que estos cambios evolutivos son desencadenados por alteraciones en las presiones de selección. Por tanto, según la visión estándar, la construcción de nicho implica necesariamente, para contar como tal, que los organismos modifiquen dichas presiones selectivas. Aquí argumentamos que los cambios en las presiones de selección no constituyen la única moneda de cambio de la construcción de nicho. Proponemos que los organismos, al modificar sus entornos o sus relaciones con estos, también pueden afectar las probabilidades de deriva de las poblaciones, y que tales modificaciones deberían considerarse como construcción de nicho bona fide. Las probabilidades de deriva pueden ser moduladas mediante la alteración del tamaño poblacional o afectando la 'derivabilidad' (driftability, en inglés), que refiere a la varianza individual en los posibles resultados reproductivos. Consideramos ambas rutas causales y proporcionamos ejemplos de cómo distintos tipos de construcción de nicho pueden estabilizar, incrementar o atenuar las probabilidades de deriva. Finalmente, revisamos y ampliamos la definición tradicional de construcción de nicho. Sostenemos que las actividades organísmicas que modifican las probabilidades de deriva deberían clasificarse como construcción de nicho, incluso cuando las presiones selectivas permanezcan inalteradas.

➤ **Palabras clave:** Construcción de nicho, deriva, selección natural, tamaño poblacional, varianza reproductiva.

DEVELOPMENT AS A BRIDGE BETWEEN PLASTICITY AND EVOLVABILITY

EL DESARROLLO COMO PUENTE ENTRE LA PLASTICIDAD Y LA EVOLVABILIDAD

Lisandro Milocco

Department of Zoology, SciLifeLab, Stockholm University, Stockholm, Sweden.
<lisandro.milocco@zoologi.su.se>

Phenotypic variation can arise from genetic or environmental sources, but it remains unclear to what extent these sources produce similar or divergent patterns of variation. Under what conditions are the phenotypic effects of genetic and environmental change similar or different—and why? Addressing these questions is key to understanding the relationship between *plasticity*, a system's response to environmental inputs, and *evolvability*, its capacity to adapt through genetic change. Gaining such insight would open new avenues for evolutionary prediction and understanding. To this end, we present a general framework that models development as a dynamical system, enabling the analysis of how different types of perturbations shape phenotypic outcomes. We identify broad conditions under which genetic and environmental perturbations produce concordant effects, arising from two generic features of development: the recursive influence of the phenotype on itself, and the requirement that all perturbations act through the same developmental process. We apply this framework to classical *in silico* models of development and show how plastic responses can be used to predict evolutionary trajectories and even guide adaptive change. Finally, we provide a conceptual bridge between the components of our framework and core concepts of quantitative genetics, such as average effects, and show how this bridge allows us to provide development-based explanations for observed statistical patterns—such as the similarity of variance-covariance matrices associated with different sources of variation.

Keywords: Evo-devo, theory, prediction, systems biology, quantitative genetics.

➤ EL PRINCIPIO DE DIVERGENCIA DARWINIANO

THE DARWINIAN PRINCIPLE OF DIVERGENCE

Santiago Ginnobili[1*], Ariel Roffé[1], Agustina Borzi[2]

[1] Centro de Estudios de Filosofía e Historia de la Ciencia (UNQ-CONICET) / UBA. Instituto de Estudios sobre la Ciencia y la Tecnología, UNQ, Buenos Aires, Argentina.

[2] Instituto de Investigaciones Filosóficas (SADAF-CONICET) / UBA. Instituto de Investigaciones Filosóficas, SADAF, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* <santi75@gmail.com>

Nuestro objetivo es elucidar en qué consiste el principio de divergencia darwiniano (PD). La tarea resulta relevante ya que el propio Darwin realizó un conjunto muy amplio de afirmaciones acerca del PD bastante diferentes entre sí. Esto lleva a que la discusión acerca de la naturaleza del principio sea equívoca. Por ejemplo, entre otras cosas, Darwin sostiene que el PD se relaciona con la "cantidad de vida" total (como peso o biomasa) que habita una región, que está conectado con el origen de variedades y especies, que se relaciona con la "economía de la naturaleza" y la idea de nichos ecológicos, etc. Sostendremos que esta diversidad puede comprenderse mejor si se atiende a que Darwin llamó "principio de divergencia" a (al menos) tres cosas distintas. Primero, a una explicación histórica que, partiendo de una presión selectiva a favor de los que divergen, e iterando sobre múltiples generaciones, lleva a la especiación. Segundo, a una especialización de la teoría de la selección natural. Tercero, a una teoría que explica la biomasa de cada tipo de organismo en una región partiendo de los nichos ecológicos ocupados por dicho tipo. Nos centraremos especialmente en este tercer principio, ofreciendo una reconstrucción más detallada.

➤ **Palabras clave:** Darwin, biomasa, nichos ecológicos, economía natural.

EL ORGANISMO COMO SUJETO ACTIVO EN LA EVOLUCIÓN: AGENCIA Y AUTONOMÍA BIOLÓGICAS DESDE UNA PERSPECTIVA DE BIOLOGÍA DIALÉCTICA

THE ORGANISM AS AN ACTIVE SUBJECT IN EVOLUTION: BIOLOGICAL AGENCY AND AUTONOMY FROM A DIALECTICAL BIOLOGY PERSPECTIVE

Nicolás José Lavagnino[1*], Jorge Carlos Mora[2**]

[1] IEGEBA (UBA-CONICET), CABA, Argentina.
[2] UNTREF, CABA, Argentina.
[*] <nlavagnino@gmail.com>
[**] <morajorgecarlos@gmail.com>

No es descabellado afirmar que en la Biología Evolutiva dominante las nociones de agencia y autonomía biológicas no han tenido mucho recorrido. Por ejemplo, no se encuentra un rol relevante de la entidad organismo como sujeto activo en la evolución, sino que éste es concebido más bien como objeto de otras entidades y mecanismos. Contrario a dichas tendencias nos proponemos abordar las nociones de agencia y autonomía biológica de los organismos desde una perspectiva de Biología Dialéctica. Dichas nociones reconocen antecedentes de otros contextos históricos y teóricos en Aristóteles y Hegel, como también en Lamarck; mientras que ya en el siglo XX tanto los aportes de Jean Piaget en *Biología y Conocimiento* (1969[1967]) y el de Richard Lewontin y Richard Levins en *El Biólogo Dialéctico* (1985) generan una versión contemporánea de la agencia biológica de los organismos. En general la agencia biológica es la capacidad de los sistemas vivientes en distintos niveles de participar en su propio desarrollo, mantenimiento y funcionalidad, mediante la regulación de las estructuras y actividades en respuesta a las condiciones que encuentran. En donde "participar" implica metas y direccionalidad pero no una intencionalidad consciente. Introducir en la Biología Evolutiva la noción de agencia de los organismos implica considerar tanto reacciones inmediatas al ambiente (dimensión sincrónica) como interacciones con al ambiente (dimensión diacrónica) de tipo no pasivas, sino basadas en la organización interna resultado de la historicidad y la arquitectura multinivel particular de cada tipo organísmico. Además, que los organismos sean agentes implica que son entidades con cierta autonomía. Así, las respuestas organísmicas al ambiente no necesariamente son automáticas, sino autónomas basadas en la organización interna, la arquitectura multinivel, los eventos determinados e indeterminados del desarrollo y la historicidad particular de cada entidad. También, el organismo agente autónomo adquiere la capacidad de construir y dar forma a diferentes dimensiones del ambiente: a través de los mecanismos como construcción de nicho y plasticidad del desarrollo, otorga una orientación a la evolución.

En definitiva, buscaremos desarrollar un recorrido conceptual histórico y resaltar los aportes actuales más relevantes de la noción de agencia biológica en la Biología Evolutiva.

➤ **Palabras clave:** Biología dialéctica, agencia biológica, autonomía organísmica, Interacción organismos-ambiente.

Simposio / 5

Genomas completos como ventana a la evolución

GENOMAS COMPLETOS COMO VENTANA A LA EVOLUCIÓN

WHOLE-GENOME INSIGHTS INTO EVOLUTION

Carola Cañón[1,2*], Gabriela Narváez[2,3,4,5], Lucila Morales[2,5,6], Paulo Zepeda[2,4,7]

[1] Cape Horn International Center (CHIC), Puerto Williams, Chile.
[2] Millenium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.
[3] Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[4] Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Valdivia, Chile.
[5] Millennium Institute Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[6] Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[7] Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile.
* <carolacanonv@gmail.com>

Durante las últimas décadas, la obtención y disponibilidad de datos genómicos de alta calidad revolucionaron nuestra comprensión de la biodiversidad y su evolución. El estudio de genomas completos se consolidó como una herramienta clave para comprender procesos de adaptación, especiación y migración de los organismos en diversos escenarios geográficos, temporales y ecológicos. Esta perspectiva genómica permite investigar cómo las variaciones en el ADN influyen en los organismos y cómo estos responden a las presiones impuestas por el entorno. Desde una perspectiva comparativa, analizamos cómo la genómica contribuye con información novedosa acerca de la diversidad genética y evolución de las especies, con trayectorias ecológicas y biogeográficas muy diferentes. Discutiremos los mecanismos que sustentan la expansión de rangos geográficos, la capacidad de invasión, la adaptación local y las estrategias de dispersión de seis grupos taxonómicos independientes. Exploraremos la genómica poblacional de la rata invasora *Rattus rattus* (Rodentia: Muridae) poseedora de una corta historia de colonización en Sudamérica con un gran impacto ecológico; la singularidad y complejidad del género *Nothofagus* (Fagales: Nothofagaceae), taxón de origen Gondwánico y único representante de la familia; las adaptaciones a diferentes estilos de vida de un grupo de roedores neotropicales (Cricetidae: Sigmodontinae) y las implicancias en su éxito evolutivo; la notable historia de evolución reciente del grupo de aves marinas conocidas como skuas/jaegers (Charadriiformes: Stercorariidae) y su adaptación en ambos polos; la genómica evolutiva del ave neotropical *Scytalopus speluncae* y su potencial diversidad críptica; y por último, aspectos de la historia evolutiva de *Butia yatay,* una palmera subtropical endémica de Sudamérica cuya historia estaría íntimamente ligada a procesos geológicos regionales. Cada una de estas investigaciones identifica patrones evolutivos propios de cada linaje y procesos de selección natural difíciles de detectar con enfoques parciales.

Comprender cómo las especies se relacionan, diversifican y diferencian, o cómo prosperan en nuevos hábitats y se adaptan a condiciones cambiantes, es fundamental para conocer su capacidad actual e histórica de supervivencia frente a escenarios cambiantes como el que experimentamos actualmente con el cambio climático. Este tipo de evidencia genómica ilumina estos aspectos y ayuda a relacionarlos con el riesgo de extinción de las especies, lo que es crucial para desarrollar estrategias de conservación efectivas.

➤ **Palabras clave:** Adaptación, biogeografía, especiación, genómica.

➤ LA HISTORIA GENÓMICA DE LOS *NOTHOFAGUS* DE SUDAMÉRICA

THE GENOMIC HISTORY OF SOUTH AMERICAN *NOTHOFAGUS*

Gabriela Narváez[1,2,3,4*], J. Jorquera[1], Daly Noll[3,4,5], M. Guillemin[1,6,7], R.A. Gutiérrez[3,8,9], A.G. Gutiérrez[8,10], N. Bellora[11], V. Arana[12], R. Nespolo[1,2,9,13], Juliana Vianna[2,3,4,14]

[1] Inst. de Cs. Ambientales y Evolutivas, Fac. de Cs., Univ. Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[2] Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Valdivia, Chile.
[3] Millennium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.
[4] Millennium Institute Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[5] Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[6] Millennium Nucleus of Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH), Valdivia, Chile.
[7] Centro FONDAP de Inv. de Ecos. Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Valdivia, Chile.
[8] Institute of Ecology and Biodiversity (IEB), Santiago, Chile.
[9] Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile.
[10] Dep. de Ciencias Ambientales y Rec. Nat. Renovables, Univ. de Chile, Santiago, Chile.
[11] Fundación INTECNUS, Bariloche, San Carlos de Bariloche, Argentina.
[12] INTA Bariloche, Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche IFAB (INTA-CONICET), San Carlos de Bariloche, Argentina.
[13] Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile.
[14] Instituto para el Desarrollo Sustentable, Pontificia Univ. Católica de Chile, Chile.
* <gabriela.narvaez.guinez@gmail.com>

El género *Nothofagus* (Fagales; *Nothofagus*) ha despertado un creciente interés por su compleja historia biogeográfica en el hemisferio sur; sin embargo, la limitada disponibilidad de datos genómicos y la dificultad para obtener muestras representativas de toda su distribución geográfica han restringido nuestra comprensión de los procesos que han dado forma a su diversificación. En este estudio abordamos dicha brecha mediante la resecuenciación genómica de alta cobertura de todas las especies de *Nothofagus* presentes en Sudamérica (*N. pumilio*, *N. antarctica*, *N. dombeyi*, *N. nitida*, *N. betuloides*, *N. obliqua*, *N. macrocarpa*, *N. glauca*, *N. alpina* y *N. alessandri*), incluyendo además al híbrido descrito como especie *N.* × *leoni*. Utilizamos como referencia un genoma ensamblado a nivel de cromosoma de *N. pumilio* (aún no publicado) y aplicamos metodologías de análisis filogenético y genómico comparativo para reconstruir la historia evolutiva del grupo, evaluar los patrones de introgresión entre especies y caracterizar sus relaciones ortólogas y contenido génico. Nuestros resultados destacan dos áreas clave de interés evolutivo: primero, la relación entre las especies perennifolias del grupo (*N. dombeyi*, *N. nitida* y *N. betuloides*), cuya historia refleja una compleja señal de introgresión; segundo, la trayectoria evolutiva de *N.* × *leoni*, único híbrido descrito formalmente en los *Nothofagus* sudamericanos, cuya conformación genómica pone en duda su origen híbrido.

En ambos casos, las señales de flujo génico obligan a replantear las relaciones filogenéticas tradicionales dentro del género, sugiriendo un modelo evolutivo donde la introgresión ha jugado un rol clave en la generación y mantenimiento de la diversidad. Nuestra investigación se desarrolló en un marco colaborativo, integrando experticia en genómica, evolución y ecología forestal, y se apoyó en un diseño experimental robusto con herramientas analíticas de vanguardia. Los hallazgos obtenidos no solo amplían el conocimiento fundamental sobre la evolución de los árboles del hemisferio sur, sino que también ofrecen nuevas perspectivas para el diseño de estrategias de conservación y manejo forestal ante escenarios de cambio climático.

➤ **Palabras clave:** *Nothofagus*, genómica, introgresión.

HUELLAS GENÓMICAS DE LA INTROGRESIÓN EN LA HISTORIA EVOLUTIVA DEL GÉNERO *STERCORARIUS* (CHARADRIIFORMES: STERCORARIIDAE) EN SU DISTRIBUCIÓN CIRCUMPOLAR

GENOMIC TRACES OF INTROGRESSION IN THE EVOLUTIONARY HISTORY OF THE GENUS *STERCORARIUS* (CHARADRIIFORMES: STERCORARIIDAE) IN ITS CIRCUMPOLAR DISTRIBUTION

Lucila B. Morales[1,3,4*], Carola Cañón[4,6], Paulo Zepeda[2,3,4], Daly Noll[3,4,7], Moisés Valladares[8], Borge Moe[9], Juliana A. Vianna[2,3,4,5]

[1] Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[2] Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile.
[3] Millennium Institute of Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[4] Millennium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.
[5] Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Santiago, Chile.
[6] Centro Internacional Cabo de Hornos (CHIC), Puerto Williams, Chile.
[7] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[8] Research Ring in Pest Insects and Climate Change (PIC[2]), Santiago, Chile.
[9] Norwegian Institute for Nature Research, Fram Centre, 9296 Tromsø, Norway.
* <l.morales4@uandresbello.edu>

Comprender las relaciones evolutivas entre especies es esencial en biología evolutiva, ya que fundamenta estudios comparativos de rasgos morfológicos, fisiológicos y genéticos. Sin embargo, a escalas macroevolutivas, las filogenias suelen ser inconsistentes por muestreo limitado, implemento de metodologías y regiones genómicas variables o poco informativas. El auge de la secuenciación genómica ha transformado nuestra capacidad para caracterizar la biodiversidad. No obstante, el verdadero reto actual es generar datos robustos que permitan inferencias filogenéticas profundas y confiables. En este estudio nos enfocamos en la familia Stercorariidae, compuesta por siete especies de aves marinas distribuidas en las regiones polares del Ártico y la Antártida, que presentan una historia evolutiva notoriamente compleja. Las relaciones filogenéticas dentro del grupo han sido objeto de debate, con evidencias de hibridación e introgresión a lo largo de su historia evolutiva. Tradicionalmente, esta familia fue clasificada en dos grupos fenotípicos (*Catharacta* y *Stercorarius*), una división que no fue respaldada por estudios mitogenómicos, los cuales revelaron relaciones inesperadas entre haplotipos y propusieron escenarios de especiación híbrida. Para aportar claridad en su historia evolutiva, realizamos un muestreo poblacional exhaustivo de toda su distribución, secuenciando 172 genomas completos de las siete especies de un total de 142 localidades, un esfuerzo sin precedentes para este grupo. Usamos herramientas de genómica comparativa poblacional y analizamos regiones conservadas, ortólogas e intergénicas.

Nuestros hallazgos revelan diferentes topologías en las filogenias para diferentes regiones del genoma, además de patrones de variación genética compartida, señales de selección positiva en regiones introgresadas, iluminando procesos evolutivos complejos y proporcionando una base sólida para estudios futuros en adaptación y conservación en ambientes extremos.

➤ **Palabras clave:** Filogenómica, introgresión, selección positiva, evolución adaptativa.

ADAPTACIÓN LOCAL EN *RATTUS RATTUS* (RODENTIA: MURIDAE): SEÑALES GENÓMICAS DE SELECCIÓN EN SUDAMÉRICA

LOCAL ADAPTATION IN *RATTUS RATTUS* (RODENTIA: MURIDAE): GENOMIC SIGNALS OF SELECTION IN SOUTH AMERICA

Paulo S. Zepeda[1,2,4]*, Francisco J. González-Pinilla[1], Fernando A. Perini[5], Eliana Florencia Burgos[6], Isabel Elisa Gómez Villafañe[7], Víctor Pacheco[8], Guillermo D'Elía[9], Juliana A. Vianna[1,2,3,4] R. Eduardo Palma[1,10]

[1] Pontificia Universidad Católica de Chile, Fac. de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile.
[2] Millennium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.
[3] Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Santiago, Chile.
[4] Millennium Institute of Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[5] Laboratório de Evolução de Mamíferos, Departamento de Zoologia, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, Brasil.
[6] Instituto Nacional de Medicina Tropical–ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", CONICET, Puerto Iguazú, Argentina.
[7] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
[8] Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.
[9] Universidad Austral de Chile, Inst. de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Valdivia, Chile.
[10] Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
* <pszepeda@uc.cl>

La "rata negra" *Rattus rattus* es una de las especies invasoras más exitosas del planeta, ampliamente distribuida por su fuerte asociación con la actividad humana. Su historia invasiva en Sudamérica ha sido poco explorada desde una perspectiva genómica, particularmente en cuanto a su variación, estructura y señales de adaptación. En este contexto, el presente estudio tiene como objetivo analizar señales genómicas de selección en poblaciones de *R. rattus* de diferentes regiones de Sudamérica. Mediante análisis de variantes tipo SNPs, se caracterizó la estructura genética de 55 individuos provenientes de poblaciones de Brasil, Argentina, Perú y Chile. Se detectaron barridos selectivos estimando el estadístico μ con RAiSD. Las regiones genómicas con mayores valores del estadístico fueron identificadas utilizando el 0.1% superior de los valores de μ, y se intersectaron con regiones codificantes para obtener genes candidatos. Se encontraron patrones de estructura genética geográfica entre localidades. Con base en Admixture y PCA, se definieron siete unidades genéticas para el análisis de selección. Los resultados apuntan hacia una alta especificidad poblacional de los genes candidatos: la mayoría son únicos para distintas poblaciones y pocos son compartidos entre ellas, lo que sugiere una fuerte señal de adaptación local. Por ejemplo, en el norte de Chile se identificaron genes como *Apoa1*, *Apoa4*, *Apoc3* y *Sik3*, ligados al metabolismo lipídico.

Estas funciones son fundamentales para la homeostasis energética, especialmente en entornos con alta variabilidad ambiental o disponibilidad de recursos alterada por la actividad humana. El énfasis en rutas metabólicas sugiere que la notable adaptación de *R. rattus* a presiones selectivas locales, tales como una dieta variable, estrés ambiental o exposición a toxinas urbanas, podría estar vinculada a la capacidad de modular su metabolismo. Esta habilidad podría conferir ventajas clave para la colonización y persistencia en hábitats urbanos y ambientes naturales. En conjunto, estos resultados destacan la importancia de la adaptación local en el éxito invasivo de *R. rattus* y ofrecen un marco para entender las bases genéticas de su plasticidad ecológica. Esta información puede ser útil no solo desde el punto de vista evolutivo, sino también en el diseño de estrategias de manejo y control en distintos contextos ambientales.

➤ **Palabras clave:** Invasión biológica, barridos selectivos, variación genética, metabolismo lipídico.

O GÊNERO DE AVE MAIS DIVERSO DO NEOTRÓPICO ESCONDE AINDA MAIS DIVERSIDADE? GENÔMICA EVOLUTIVA DO COMPLEXO *SCYTALOPUS SPELUNCAE* (PASSERIFORMES; RHINOCRYPTIDAE)

¿ESCONDE EL GÉNERO DE AVES MÁS DIVERSO DEL NEOTRÓPICO AÚN MÁS DIVERSIDAD? GENÓMICA EVOLUTIVA DEL COMPLEJO *SCYTALOPUS SPELUNCAE* (PASSERIFORMES; RHINOCRYPTIDAE)

Bruna B. Andriola[1*], Alexandre Aleixo[2], Tânia F. Quaresma[2], Marcos R. Bornschein [3], Sandro L. Bonatto[1]

[1] Laboratório de Biologia Genômica e Molecular, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre – Rio Grande do Sul, Brasil.
[2] Instituto Tecnológico Vale, Belém – Pará, Brasil.
[3] Universidade Estadual Paulista, São Vicente – São Paulo, Brasil.
* <bruna.andriola@edu.pucrs.br>

Scytalopus é conhecido por ser um dos gêneros mais diversos do Neotrópico, porém suas espécies apresentam alta similaridade morfológica, dificultando a delimitação de linhagens. É o caso do complexo *Scytalopus speluncae*. Restrito a regiões elevadas da Mata Atlântica, apresenta alta estruturação populacional, com profunda divergência entre linhagens. Contudo, os processos de especiação e adaptação dessas linhagens permanecem pouco elucidados. Para investigar a história evolutiva e a diversificação de *S. speluncae* e do clado leste do gênero, sequenciamos 64 genomas completos, sendo 60 do *S. speluncae* e quatro de outras espécies do clado. A PCA, assim como a estimativa de componente ancestral, indicaram a separação das linhagens 1 a 7, com subdivisões internas, exceto na 2, 5 e 6. As linhagens 5 a 7 apresentaram estruturação de acordo com a ocorrência geográfica das amostras, com compartilhamento de componente entre amostras da linhagem 7 com a 5 e a 6. O valor de F_{ST} variou de baixo (0,013, entre 5 e 7) a alto (0,74, entre 1 e 6). De modo geral, a linhagem 1 é mais divergente que as demais. A linhagem 1 apresentou alto grau de endocruzamento (F=0,8 a 0,9), enquanto as linhagens ao sul apresentaram valores menores (F=0,2 a 0,6). Seis amostras de diferentes linhagens, sendo cinco do norte da distribuição (1 a 4), apresentaram os maiores níveis de endocruzamento (F=0,97), consequentemente, baixa heterozigosidade média (>0,01). A heterozigosidade do complexo variou de 0,04-0,22, sendo maior nas linhagens ao sul (5 a 7) e na 2. A filogenia recuperou o padrão observado nos dados mitocondriais, com uma diversificação assimétrica, do norte para o sul. Até o momento, os resultados sugerem que as linhagens do norte exibem maior estruturação, porém, sua diversidade interna e alto grau de endocruzamento, sugerem populações pequenas e isoladas.

Por outro lado, as linhagens ao sul apresentaram estruturação geográfica e uma diversidade média maior que as do norte, podendo indicar maiores tamanhos populacionais e possíveis eventuais fluxos gênicos entre indivíduos de diferentes cadeias montanhosas. Esses padrões sugerem uma diversificação mais complexa do que a estimada anteriormente.

➤ **Palabras clave:** Diversificação, estruturação, evolução, genômica populacional, linhagem.

DIVERSIDAD GENÓMICA Y DIFERENCIACIÓN POBLACIONAL EN *BUTIA YATAY* (ARECACEAE): SEÑALES DE HISTORIA EVOLUTIVA EN UN PAISAJE FRAGMENTADO

GENOMIC DIVERSITY AND POPULATION DIFFERENTIATION IN *BUTIA YATAY* (ARECACEAE): SIGNS OF EVOLUTIONARY HISTORY IN A FRAGMENTED LANDSCAPE

G. Carolina Silva[1*], Luana Soares[2], Henrik Balslev[3], Viviana G. Solís Neffa[1,4]

[1] Instituto de Botánica del Nordeste UNNE-CONICET, Corrientes, Argentina.
[2] Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.
[3] Department of Biology-Ecoinformatics and Biodiversity Aarhus University, Aarhus C, Denmark.
[4] Facultad de Ciencias Agrarias y Exactas y Naturales, Universidad Nacional del Nordeste (FaCENA-UNNE), Corrientes, Argentina.
* <gisellacarolinasilva@gmail.com>

Butia yatay es una palmera de distribución subtropical endémica de Sudamérica, reconocida por su valor ambiental, paisajístico, cultural y por sus diversos usos tradicionales. Habita pastizales y sabanas abiertas del noreste de Argentina y el oeste de Uruguay, donde forma palmares con distintas densidades y estructuras etarias. En la provincia de Corrientes (Argentina), estas palmeras se desarrollan sobre lomadas arenosas originadas por la deposición de sedimentos durante el proceso de formación del curso actual del río Paraná. No obstante, la expansión de la frontera agropecuaria en dichas lomadas ha provocado la degradación, y en algunas zonas la desaparición, de los ecosistemas de sabana que albergan poblaciones de esta emblemática palmera. Dado que la heterogeneidad del paisaje puede influir en la estructura genética y el flujo génico entre poblaciones, en este estudio se analizó la diversidad y la estructura genética de *B. yatay* mediante la técnica de secuenciación de ADN asociada a sitios de restricción de doble digestión (ddRAD). A partir del análisis de 96 individuos de 18 poblaciones, se identificaron 9253 SNPs. Los resultados sugieren que la reducción y fragmentación de los palmares, junto con factores demográficos, pudieron favorecer los efectos de la endogamia, ocasionando la disminución de la heterocigosis (HO=0,03 ± 0,002; HE=0,15 ± 0,1). Los análisis bayesianos y de coordenadas principales revelaron la existencia de tres grupos genéticamente diferenciados (K=3) cuya distribución espacial se corresponde con las lomadas arenosas del norte, centro y sur del área de estudio. Esta diferenciación podría estar vinculada con la génesis de estas lomadas, siendo las del norte las más antiguas. En este contexto, la historia evolutiva de las poblaciones de *B. yatay* estaría íntimamente ligada a procesos geológicos regionales, sugiriendo que cada grupo se originó en momentos distintos de la historia.

Actualmente, estos grupos actúan como unidades evolutivas localmente diferenciadas debido a barreras al flujo genético, que podrían tener origen geológico o ser resultado de la fragmentación, especialmente si las características geográficas y ecológicas actuales son similares.

➤ **Palabras clave:** Lomadas arenosas, ddRAD, flujo genético.

CONVERGENCIA EVOLUTIVA EN ROEDORES SIGMODONTINOS (CRICETIDAE: SIGMODONTINAE): ESTRATEGIAS PARA EL ÉXITO

EVOLUTIONARY CONVERGENCE IN SIGMODONTINE RODENTS (CRICETIDAE: SIGMODONTINAE): STRATEGIES FOR SUCCESS

Carola Cañón[1,2*], Lucila Morales[2,3,4], Paulo Zepeda[2,4,5], Elisa González[2,5,6], Francisco Pinilla[2,7], Juliana Vianna[2,4,5,6]

[1] Cape Horn International Center (CHIC), Puerto Williams, Chile.
[2] Millenium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.
[3] Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Santiago, Chile.
[4] Millennium Institute of Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[5] Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Chile.
[6] Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi).
[7] Laboratorio de Ecología Molecular, Fac. de Ciencias, Univ. de Chile, Santiago, Chile.
* <carolacanonv@gmail.com>

En la naturaleza, la convergencia evolutiva tiene lugar cuando dos o más linajes desarrollan características semejantes o idénticas de forma independiente, generalmente como respuesta a presiones ambientales similares. Tradicionalmente, estas similitudes han sido evaluadas desde la ecomorfología, disciplina enfocada en las relaciones entre el diseño funcional de un organismo y su ambiente. Sin embargo, los datos a escala genómica y el desarrollo de nuevos enfoques han favorecido el estudio de cómo la selección natural y otros procesos subyacentes, podrían moldear rutas evolutivas similares en linajes genéticamente distintos. Los roedores Sigmodontinae, un grupo diverso y ampliamente distribuido en el continente americano con énfasis en Sudamérica, reúne ecomorfos o hábitos que brindan un campo de estudio fascinante para entender cómo estructuras y funciones semejantes pueden surgir en linajes no relacionados con gran éxito evolutivo. Actualmente, la subfamilia reúne cerca de 490 especies agrupadas en 13 tribus de diversidad y distribución variable. La diversificación ecomorfológica de los sigmodontinos es sorprendente, pues incluye taxones acuáticos, arborícolas, cursoriales, escansoriales, fosoriales, saltatoriales y algunas especies con rasgos que dificultan su asignación a alguno de los ecomorfos en particular. Especies pertenecientes a diferentes tribus, sin vínculo filogenético cercano, exhiben el mismo ecomorfo (e.g. arborícolas - Euneomyini, Oryzomyini, Rhagomyini, Thomasomyini y Wiedomyini), sin embargo, no son rasgos exclusivos de las tribus en su totalidad. A pesar de esto, existe cierta asimetría ecomorfológica (también geográfica) en algunas tribus, predominando en algunos casos un ecomorfo por sobre otro (e.g. los ictiominos agrupan especies fundamentalmente acuáticas).

El objetivo de este estudio es evaluar la convergencia evolutiva de los ecomorfos presentes en Sigmodontinae, explorando la base genómica de estos. De forma exploratoria y a través de la detección de barridos selectivos y ventanas genómicas con homología entre los genomas evaluamos señales de selección en 13 especies de Abrotrichini, Akodontini, Euneomyini, Neomicroxini, Oryzomyini, Phyllotini y Sigmodontini, representantes de los hábitos arborícola (n=3), cursorial (n=6), fosorial/semifosorial (n=3), semiacuático (n=1). Nuestros resultados revelan regiones genómicas y posibles genes candidatos a selección vinculados con los diferentes hábitos presentes en la subfamilia, sugiriendo evolución convergente entre los linajes. Finalmente, análisis de mayor cobertura taxonómica y ecomorfológica permitirán discernir el impacto del ambiente en la evolución de los Sigmodontinae y con esto, comprender mejor los procesos que generan y mantienen la diversidad biológica del grupo.

➤ **Palabras clave:** Adaptación, ecomorfos, fenotipo, genoma, selección.

Simposio / 6

EduEvo: diversas perspectivas en la enseñanza de la evolución. Un desafío actual

EDUEVO: DIVERSAS PERSPECTIVAS EN LA ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN. UN DESAFÍO ACTUAL

EDUEVO: DIVERSE PERSPECTIVES IN TEACHING EVOLUTION. A CURRENT CHALLENGE

Sandra Araya-Crisóstomo[1], Judith Babot[2], Nelson A. Velásquez[3*]

[1] Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
[2] Fundación Miguel Lillo. UEL-CONICET (Unidad Ejecutora Lillo), Tucumán, Argentina.
[3] Laboratorio de Comunicación Animal. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
* <nvelasquez@ucm.cl>

La teoría evolutiva constituye un eje articulador fundamental de la biología, proporcionando un marco teórico robusto para comprender fenómenos esenciales como la diversidad biológica, las adaptaciones, las interacciones entre especies, los procesos de extinción, la aparición y distribución de enfermedades, y el comportamiento de los organismos. Además de su relevancia científica, la evolución posee un fuerte componente formativo y epistemológico, ya que incide directamente en la construcción de una cosmovisión informada sobre el mundo natural y el lugar que los seres humanos ocupamos en él. A pesar de su importancia, la comprensión y aceptación de la evolución por parte de la ciudadanía sigue siendo un desafío pendiente. Diversos estudios han evidenciado la persistencia de concepciones alternativas, malentendidos conceptuales e incluso el rechazo abierto hacia la teoría evolutiva. Este fenómeno se debe a múltiples factores, entre ellos, deficiencias en su enseñanza a nivel escolar y universitario, barreras culturales y religiosas, y una escasa comunicación científica accesible y contextualizada para públicos no especializados. En el ámbito educativo, la implementación de modelos basados en competencias ha permitido la enseñanza de la biología con una mirada evolutiva. No obstante, esta estrategia ha demostrado ser insuficiente para lograr una comprensión profunda y significativa del pensamiento evolutivo. Aunque se han promovido enfoques transversales que integren esta perspectiva en distintas asignaturas, los resultados han sido limitados, lo que pone de relieve la necesidad de estrategias pedagógicas más efectivas, innovadoras e inclusivas. A su vez, la comunicación científica ha tendido históricamente a restringirse a audiencias académicas, bajo la premisa de que la divulgación implica una simplificación excesiva del conocimiento. Esta visión ha marginado a públicos amplios, limitando su acceso a conceptos evolutivos clave. Superar esta barrera requiere valorar y fortalecer la difusión del conocimiento evolutivo en formatos y lenguajes accesibles, sin renunciar al rigor científico.

En este contexto, el simposio que se propone busca abordar la enseñanza y divulgación de la evolución desde una mirada amplia, interdisciplinaria y crítica. Se analizarán experiencias pedagógicas en distintos niveles educativos —escolar, preuniversitario y universitario—, así como iniciativas desarrolladas en espacios no formales como museos y actividades inclusivas para personas con discapacidad. El objetivo es identificar prácticas exitosas, reconocer limitaciones actuales y generar propuestas que contribuyan a una mejor apropiación social de la teoría evolutiva. Promover una comprensión más sólida y crítica de la evolución no solo es fundamental para fortalecer la alfabetización científica, sino también para formar una ciudadanía capaz de enfrentar los desafíos éticos, sociales y ambientales del siglo XXI. En definitiva, se trata de construir puentes entre la ciencia, la educación y la sociedad, haciendo de la evolución un conocimiento vivo, accesible y culturalmente significativo.

➤ **Palabras clave:** Enseñanza de la evolución, alfabetización científica, divulgación inclusiva, barreras culturales, pensamiento crítico.

ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN EN LA FORMACIÓN DOCENTE: DESAFÍOS DE HOY PARA LOS PROFESORES DEL MAÑANA

TEACHING EVOLUTION IN TEACHER TRAINING: TODAY'S CHALLENGES FOR TOMORROW'S TEACHERS

Sandra Araya-Crisóstomo[1*], Nelson A. Velásquez[2]

[1] Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

[2] Laboratorio de Comunicación Animal, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

* <saraya@ucm.cl>

La Evolución Biológica (EB) constituye uno de los pilares fundamentales para la comprensión de los fenómenos naturales dentro de las ciencias de la vida. Por esta razón, su adecuada enseñanza debe estar asegurada en los programas de formación de profesores. No obstante, numerosos estudios han evidenciado que, a pesar de recibir instrucción formal sobre el tema, muchos estudiantes —incluso a nivel universitario— persisten en ideas alternativas que obstaculizan su comprensión científica. Entre los obstáculos epistemológicos (OE) más frecuentes se encuentran el pensamiento teleológico y las concepciones lamarckianas. Uno de los factores que inciden en la persistencia de estas ideas erróneas es el propio discurso docente. Los y las profesoras del sistema escolar, al poseer concepciones inadecuadas sobre la EB, tienden a transmitirlas a sus estudiantes mediante explicaciones poco ajustadas al conocimiento científico. Esta situación genera un ciclo de reproducción de errores conceptuales difíciles de erradicar en la educación formal. Por ello, resulta imprescindible trabajar en la identificación y superación de estos OE desde la formación inicial docente, para mejorar el aprendizaje de contenidos evolutivos. La presente ponencia tiene como objetivo principal exponer experiencias formativas desarrolladas por estudiantes de último año de la carrera de Pedagogía en Ciencias en la Universidad Católica del Maule (Chile), en el marco de sus seminarios de título. Estos trabajos, basados en investigaciones y propuestas didácticas centradas en la EB, se enfocan en dos ámbitos. Primero, en la identificación de OE presentes en estudiantes de pedagogía en ciencias, y profesores en ejercicio. Este diagnóstico permite detectar los conceptos erróneos más comunes y comprender las causas de su persistencia, con el fin de diseñar estrategias educativas que fomenten una comprensión más sólida de la evolución en futuros profesores de Biología. El segundo ámbito abordado es la elaboración de propuestas pedagógicas innovadoras que permitan enfrentar de manera didáctica los obstáculos epistemológicos detectados.

Estas propuestas, elaboradas por los propios estudiantes como parte de su proceso de titulación, buscan fomentar un aprendizaje significativo de la EB, utilizando recursos y estrategias que promuevan el pensamiento científico y el abandono de estas ideas alternativas. Al involucrarse activamente en la creación de soluciones educativas, los futuros profesores desarrollan habilidades críticas para enfrentar los desafíos propios de la enseñanza de las ciencias, y en particular, de la evolución biológica. De esta manera, experiencias formativas como las descritas, permiten visualizar el potencial de la formación inicial docente como espacio para investigar y transformar la práctica pedagógica, favoreciendo una enseñanza de la EB más efectiva, crítica y ajustada al conocimiento científico actual.

➤ **Palabras clave:** Evolución biológica, obstáculos epistemológicos, ideas alternativas, formación inicial docente, propuestas pedagógicas innovadoras.

➤ ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN PARA FUTUROS FILÓSOFOS

TEACHING EVOLUTION FOR FUTURE PHILOSOPHERS

Joaquín Suárez[1*], Leonardo González Galli[2], Betina Cupo[3]

[1] Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación y Facultad de Psicología, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (UBA), Universidad de Buenos Aires-CONICET. Buenos Aires, Argentina.
* <ejsuarezruiz@gmail.com>

El término 'tradición filosófica' generalmente suele ser asociado a las dos corrientes contemporáneas predominantes en filosofía académica: la tradición continental y la analítica. Más allá de que existieron y existen numerosos intentos de trazar puentes teóricos y metodológicos entre ambas, aún se mantiene una marcada distancia que es lo suficientemente grande como para continuar comprendiéndolas en cuanto perspectivas distintas de cómo identificar y abordar problemas de orden filosófico. En la actualidad, no obstante, existe una comunidad creciente de investigadores relacionados con un modo distinto de llevar a cabo una pesquisa filosófica, el cual, si bien posee puntos de contacto con las dos tradiciones dominantes, merece ser analizado como un fenómeno particular. Se trata de un enfoque que, siendo filosófico en su núcleo, incluye conocimientos científicos como parte integral de sus análisis. Esta tercera tradición podría denominarse "filosofía científicamente informada". Así, la enseñanza de evolución en el marco de la filosofía no se limita a la subdisciplina filosófica denominada "filosofía de la biología". Según autores como Daniel Dennett, Michael Ruse o Philip Kitcher, la evolución biológica posee importantes implicaciones al interior de la investigación filosófica. En pocas palabras, implica comprender al género humano dentro de una escala geológica y en su continuidad para con otras especies (especialmente, por su cercanía filogenética, para con los otros grandes simios). Filósofos como David Livingstone Smith caracterizan a este tipo de movimiento que va no desde la filosofía hacia las ciencias, sino desde las ciencias hacia la filosofía como "biofilosofía". En esta ponencia detallaré sus características y analizaré algunas de sus dificultades didácticas en contextos institucionales donde las tradiciones filosóficas predominantes son la continental y la analítica.

➤ **Palabras clave:** Tradición filosófica, evolución, filosofía de la biología.

EXPLORANDO LA EVOLUCIÓN DE LOS SENTIDOS CON LOS SENTIDOS: LA PALEONTOLOGÍA Y SU POTENCIAL EN LA COMUNICACIÓN INCLUSIVA DE LA CIENCIA

EXPLORING THE EVOLUTION OF THE SENSES WITH THE SENSES: PALEONTOLOGY AND ITS POTENTIAL FOR INCLUSIVE SCIENCE COMMUNICATION

Charlène Gaillard[1*], Analía M. Forasiepi[1], Jorge Blanco[2], Leila Abdala[3], M. Judith Babot[4], Catalina Suárez[1], M. Carolina Madozzo Jaén[5]

[1] Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Ciencias Ambientales, CCT-CONICET UNCUYO. Mendoza, Argentina.
[2] Artista independiente. Mendoza, Argentina.
[3] Fundación Minka, Tucumán, Argentina.
[4] Fundación Miguel Lillo-Unidad Ejecutora Lillo, Tucumán, Argentina.
[5] Facultad de Ciencias Naturales-UNT-INSUGEO. Tucumán, Argentina.
* <charlene.gaillard.pal@gmail.com>

Es frecuente que la difusión científica se realice mediante una estrategia unilateral de transferencia de contenidos en formato de charlas, artículos o libros, con un lenguaje más llano. Sin embargo, la sociedad es diversa y el espacio de comunicación de la ciencia debería considerar esa diversidad. Con el objetivo de potenciar una comunicación más inclusiva, durante el 2024 se realizó en el Museo de Ciencias Naturales y Antropológicas "J. C. Moyano", Mendoza, la exposición temporaria "Tocar para aprender: Explorando los órganos de los sentidos", destinada a personas con déficit visual y/o auditivo y con trastornos específicos del aprendizaje. La exposición incluyó una muestra, charlas para todo público y actividades específicas, y se enmarcó en los resultados de la tesis doctoral de C. Gaillard vinculada a la evolución de las estructuras encefálicas de los mamíferos depredadores nativos de América del Sur (Metatheria, Sparassodonta). Se presentaron los carnívoros más representativos, tamaños, diversidad, morfologías y se destacó en particular una forma extrema: el "marsupial dientes de sable", *Thylacosmilus atrox*. Se trabajó sobre sus cráneos, encéfalos y órganos de los sentidos relacionados al olfato, visión y oído. Para la exposición y las actividades se creó material para los tres tipos de comunicación: el material visual incluyó elementos gráficos, un panel con reconstrucciones artísticas tanto en 2D como en 3D y videos expuestos en un monitor acompañados de música; el material auditivo se basó en doce grabaciones explicativas, disponibles a través de códigos QR; el material háptico fue creado a partir de impresiones 3D basadas en reconstrucciones digitales de los fósiles y modelos artísticos, y también se utilizaron fósiles originales de valor didáctico, herramientas de uso en la paleontología y material del emprendimiento GEOland.toys.

El diseño de la muestra intentó respetar criterios vinculados a accesibilidad cognitiva y al diseño universal del aprendizaje (DUA), el cual considera la diversidad del alumnado y minimiza las barreras para el aprendizaje a través de los tres principios que lo sustentan: representación, expresión y compromiso. El eje de las actividades trató sobre qué es la paleontología, el tiempo geológico, el trabajo del paleontólogo, los fósiles, los tipos ecológicos y la reconstrucción de los sentidos, adecuando el balance entre los conceptos a transmitir y los exploratorios de acuerdo al grupo. Para la futura experiencia a realizarse en el Museo de Ciencias Naturales M. Lillo (Tucumán), se propone redireccionar los objetivos, agregando la vivencia concreta de una línea del tiempo geológico, que introduzca al visitante en el concepto de tiempo profundo y sus principales eventos evolutivos. Para reforzar el aspecto inclusivo se incorporarán como guías de la muestra, a jóvenes neurodiversos que cuentan con trayecto formativo previo.

➤ **Palabras clave:** Diversidad social, difusión, ciencia, arte, fósiles.

ENTRE CIENCIA Y ARTE: RECURSOS SENSIBLES PARA LA ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN

BETWEEN SCIENCE AND ART: SENSITIVE RESOURCES FOR TEACHING EVOLUTION

María Celina Reynaga[1*], Daniel Andrés Dos Santos[1,2]

[1] Instituto de Biodiversidad Neotropical (IBN), CONICET-UNT. Tucumán, Argentina.
[2] Cátedra de Bioestadística, Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, UNT. Tucumán, Argentina.
[*] <celinareynaga@gmail.com>

La enseñanza de la evolución representa un desafío constante en los niveles educativos obligatorios, debido tanto a su complejidad conceptual como a resistencias socioculturales. Proponemos explorar nuevas estrategias didácticas que integren elementos artísticos y emocionales en la enseñanza de contenidos científicos, específicamente en el abordaje de la teoría evolutiva. La propuesta surge de las experiencias realizadas donde evidenciamos que el arte, en sus múltiples lenguajes, puede facilitar una aproximación más empática, crítica y significativa al conocimiento científico. Desde un enfoque transdisciplinario, se pretende articular saberes de las ciencias biológicas, la educación y las artes. Se proponen talleres y acciones donde se implementen actividades construidas colectivamente en torno a conceptos clave de la evolución, como talleres narrativos, performances, muestras, etc. En este contexto, involucrar acciones cotidianas como en los talleres realizados sobre: La cocina creativa como herramienta didáctica para iniciarnos en el concepto de diversidad filogenética, se transforman en canales de comunicación certeros. En este taller abordamos la importancia de este concepto, detalles sobre su cálculo y una discusión acerca de su trascendencia suelen ser soslayados en planes de enseñanza tanto de nivel medio como superior. El presente taller procura subsanar ese déficit a través de un recurso didáctico y ameno como ser analizar la diversidad filogenética implícita en sándwiches asequibles, en el cual se propuso someter a refutación la siguiente hipótesis de trabajo: la magnitud de diversidad funcional de un sándwich está directamente relacionada con su complejidad alimenticia y de sabores, esperándose en consecuencia una mayor oferta de nutrientes para aquellos sándwiches que articulen ingredientes biológicos disímiles desde una perspectiva taxonómica. Los resultados evidencian que el cruce entre ciencia y arte potencia una comprensión más profunda y significativa de la evolución, al favorecer procesos de apropiación subjetiva, pensamiento crítico y diálogo interdisciplinario que promueva una alfabetización científica más inclusiva, plural y situada en contextos socioculturales específicos.

Palabras clave: Transdisciplina, arte y ciencia, educación inclusiva, recursos sensibles.

➤ APREHENDIENDO EVOLUCIÓN DESDE MÁS DE UNA DIMENSIÓN

UNDERSTANDING EVOLUTION FROM MORE THAN ONE DIMENSION

Nelson A. Velásquez

Laboratorio de Comunicación Animal, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule. Talca, Chile.
<nvelasquez@ucm.cl>

La enseñanza de la evolución en los sistemas escolares y universitarios ha tendido históricamente a centrarse en la selección natural como mecanismo explicativo principal, dejando muchas veces fuera la riqueza y diversidad de marcos teóricos que ofrece la biología evolutiva contemporánea. En este sentido, se ha propuesto una comprensión multidimensional del cambio evolutivo, cuyas implicancias han estado, hasta ahora, mayoritariamente ausentes de las aulas escolares y universitarias. Según este planteamiento, la evolución opera a través de al menos cuatro dimensiones de herencia: genética, epigenética, conductual y simbólica. Esta visión expandida permite abordar fenómenos como la plasticidad fenotípica, el aprendizaje social y la transmisión cultural, abriendo así un espacio fértil para el diálogo interdisciplinario y la reflexión crítica en el ámbito educativo. En el contexto chileno, algunas experiencias docentes han buscado integrar estas perspectivas ampliadas. Lejos de rechazar la selección natural, estas propuestas la abordan críticamente dentro de un marco epistemológico más amplio, promoviendo el debate informado entre distintas explicaciones evolutivas. Esto no solo fortalece el pensamiento científico, sino que también permite a los estudiantes comprender que la ciencia es una construcción histórica, reflexiva y en constante revisión. Esta presentación propondrá estrategias didácticas para integrar estas dimensiones en la enseñanza de la evolución, incluyendo el uso de controversias científicas, estudios de caso interdisciplinarios y el desarrollo de habilidades críticas. Asimismo, se discutirán los principales desafíos curriculares y epistemológicos de este enfoque, particularmente en contextos marcados por alta diversidad sociocultural y limitaciones estructurales del sistema educativo. Aprehender la evolución desde más de una dimensión implica asumir una visión transformadora de la educación científica, capaz de formar estudiantes que comprendan la complejidad de la vida y ciudadanos comprometidos con los grandes desafíos del presente.

➤ **Palabras clave:** Enseñanza de la evolución, dimensiones heredables, obstáculos epistemológicos, selección natural.

Mesas redondas

— Resúmenes —

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

Mesa redonda / 1

Dinámicas eco-evolutivas a largo plazo en Latinoamérica: importancia, avances y desafíos

DINÁMICAS ECO-EVOLUTIVAS A LARGO PLAZO EN LATINOAMÉRICA: IMPORTANCIA, AVANCES Y DESAFÍOS

LONG-TERM ECO-EVOLUTIONARY DYNAMICS IN LATIN AMERICA: IMPORTANCE, PROGRESS, AND CHALLENGES

Juan J. Martínez

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía (LEEB), Instituto de Ecorregiones Andinas (CONICET-UNJu), San Salvador de Jujuy, Argentina.
<jjmartinez@conicet.gov.ar>

Latinoamérica ofrece escenarios excepcionales para estudiar cómo las especies responden y se adaptan a los cambios ambientales. Sin embargo, los procesos evolutivos contemporáneos no pueden captarse únicamente a través de estudios a corto plazo; es necesario adoptar, además, perspectivas de largo alcance temporal que combinen monitoreo individual y series de tiempo. Esta mesa redonda reúne experiencias que abarcan moluscos marinos, murciélagos, aves y anfibios, reflejando la riqueza taxonómica y la amplitud de aproximaciones metodológicas. Los trabajos invitados exploran una gama diversa de rasgos fenotípicos: caracteres morfológicos clásicos (tamaño corporal), indicadores fisiológicos (condición corporal, inestabilidad en el desarrollo), parámetros reproductivos y atributos demográficos (supervivencia). Este abanico permite evaluar tanto respuestas rápidas, frecuentemente mediadas por plasticidad, como cambios microevolutivos detectables sólo a lo largo de múltiples generaciones. No obstante, el contexto latinoamericano presenta una serie de obstáculos para la implementación y mantenimiento de estos estudios: limitaciones financieras y logísticas, inestabilidad política y económica, y dificultades para la formación y retención de personal especializado. Tales barreras pueden comprometer la continuidad de los programas de monitoreo y la comparación interanual de los datos. Aun así, en las últimas décadas han surgido iniciativas prometedoras que buscan consolidar programas de monitoreo individual a largo plazo, impulsando la generación de datos fundamentales para comprender las presiones selectivas contemporáneas. Además, estos estudios cobran especial relevancia ante un escenario de cambio climático acelerado, pérdida de hábitats y creciente impacto humano sobre los ecosistemas. Los datos a largo plazo permiten no sólo describir tendencias actuales sino también proyectar trayectorias evolutivas futuras. La discusión se centrará en cómo estos estudios se integran en políticas de conservación y manejo sostenible, los principales obstáculos para su implementación y sostenimiento a largo plazo, y finalmente, sobre las lecciones aprendidas de proyectos exitosos en distintos taxones y ecorregiones.

El objetivo es fomentar un debate constructivo que resalte la diversidad temática de los estudios eco-evolutivos contemporáneos en Latinoamérica, formule estrategias para superar limitaciones estructurales y evidencie cómo los datos de largo plazo son esenciales para entender la evolución en tiempo real frente a la crisis ambiental global.

➤ **Palabras clave:** Adaptación ecológica, cambio climático, estudios longitudinales, evolución contemporánea.

LONG-TERM EVOLUTIONARY DYNAMICS: LINKING PHENOTYPE, PERFORMANCE AND ADAPTATION IN THE FACE OF ENVIRONMENTAL CHANGE

DINÁMICAS EVOLUTIVAS A LARGO PLAZO: CONECTANDO FENOTIPO, PERFORMANCE Y ADAPTACIÓN ANTE LOS CAMBIOS AMBIENTALES

Leandro R. Monteiro

Laboratório de Ciências Ambientais, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.
<lrmont@uenf.br>

Long-term studies are crucial for understanding the evolutionary dynamics responsible for the diversity of life. The evolutionary responses of populations in the presence of environmental fluctuations can be assessed by the temporal variation in measures of phenotype, performance, and fitness. We aim to discuss the ecological and evolutionary processes involved in the adaptive responses of bats in relation to environmental changes, combining phenotypic markers and long-term population demographic studies. Our study has monitored a population of short-tailed bats (*Carollia perspicillata*), starting in 2013. We use a mark-recapture protocol for multi-state and open-population model analysis, measuring fitness variation associated with temporal trends and phenotypic variables, as well as regulatory (immunological) and dynamic functional performance (aerodynamics, energetic cost of flight). The results show evidence that body mass, wing morphology, and asymmetry predict survival and reproductive potential in *C. perspicillata*. Asymmetry measures developmental instability and is linked to poorer immune function, which might explain why higher asymmetry is related to lower fitness. Wing morphology determines foraging efficiency due to the energetic cost of maneuvred flight. The cost is lower for individuals whose wings have a lower aspect ratio and relative proportions of wing bone elements that facilitate camber (change in angle of attack). The functional differences observed represent significant savings in the daily energy budget and are associated with an increased probability of survival. We observed patterns of stabilizing selection in wing loading, with sexual dimorphism in the selection gradients. Stabilizing selection is rarely observed and measured in field studies, emphasizing the relevance of long-term studies in providing empirical support to evolutionary concepts. Variation in survival probability was observed between years and seasons (dry and rainy). It is possible to see a seasonal trend of decreased survival during the dry season, but there are also steeper declines in survival in years with prolonged droughts. As bat recaptures accumulate, we observe new events that help answer and generate questions.

We will also discuss the challenges of pursuing long-term studies in places where research is underfunded. The development of different projects and collaborations within this long-term study will allow us to build a robust body of knowledge on evolutionary and ecological dynamics.

➤ **Keywords:** Chiroptera, mark-recapture, functional morphology, survival, developmental instability.

EXPLORANDO LA DINÁMICA MORFOLÓGICA Y FISIOLÓGICA EN AVES: DESAFÍOS Y PERSPECTIVAS DE UN ESTUDIO A LARGO PLAZO EN AMBIENTES NATIVOS Y ANTROPIZADOS

EXPLORING MORPHOLOGICAL AND PHYSIOLOGICAL DYNAMICS IN BIRDS: CHALLENGES AND PERSPECTIVES OF A LONG-TERM STUDY IN NATIVE AND ANTHROPIZED ENVIRONMENTS

Matías Pretelli*, Alejandro Baladrón, Matilde Cavalli, Nicolás Chiaradia

Grupo Vertebrados, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Mar del Plata, Argentina.

* <matiaspretelli@gmail.com>

Las respuestas de las aves a los cambios ambientales dependen en gran medida de las características intrínsecas de cada especie. Algunas son rápidas y fácilmente detectables, como la evasión de hábitats modificados; otras, en cambio, son más sutiles o requieren escalas temporales prolongadas para evidenciarse, como ciertos cambios fisiológicos o morfológicos vinculados a procesos de adaptación evolutiva. En este contexto, los programas de monitoreo a largo plazo constituyen herramientas fundamentales para detectar y comprender la dirección y magnitud de estas respuestas fenotípicas graduales. En la región pampeana de Argentina, los principales disturbios ambientales están relacionados con la pérdida y transformación de los ambientes nativos, como resultado de la expansión agrícola y la urbanización. Desde 2018, desarrollamos un programa de monitoreo de aves a largo plazo en el sudeste de la región, con el objetivo de estudiar los ensambles de aves que habitan ambientes boscosos bajo distintos contextos de cambio ambiental, y detectar respuestas a nivel morfológico y fisiológico. Se han realizado capturas sistemáticas de aves con redes de neblina en las temporadas reproductivas y no reproductivas en tres sitios con distinto nivel de disturbio: 1) montes nativos de tala inmersos en una matriz de pastizal natural (disturbio bajo), 2) montes nativos de tala insertos en una matriz de agroecosistemas (intermedio), y 3) montes exóticos ubicados en un entorno urbano (alto). Cada individuo capturado fue anillado, se registraron sus medidas morfométricas, su condición corporal y se le tomó una muestra de sangre para evaluar parámetros hematológicos. Hasta el momento, se han capturado 847 individuos (508 en temporada reproductiva y 339 en no reproductiva) pertenecientes a 47 especies. De éstos, 310 individuos fueron capturados en montes con disturbio bajo (28 especies), 383 en montes con disturbio intermedio (35 especies), y 154 en montes con disturbio alto (20 especies). Nueve especies estuvieron presentes en los tres niveles de disturbio, 18 en dos niveles y 20 fueron exclusivas de solo un nivel de disturbio.

La continuidad de este programa permitirá evaluar regionalmente el impacto de los disturbios ambientales sobre las respuestas adaptativas, en particular a través del estudio de la dinámica morfológica y fisiológica de las especies pampeanas. Si bien los estudios a largo plazo implican desafíos económicos y logísticos, representan una oportunidad valiosa para abordar procesos ecológicos y evolutivos en escalas espaciales y temporales amplias, así como integrar actividades educativas y promover colaboraciones interinstitucionales.

➤ **Palabras clave:** Condición corporal, disturbio ambiental, estrés fisiológico, morfometría, paseriformes.

ESTUDIANDO LA DINÁMICA EVOLUTIVA DE LOS ECOTIPOS DE UNA LAPA ANTÁRTICA DESDE CÓRDOBA: SU COMPLEJIDAD, LOS DESAFÍOS ECONÓMICOS Y LOGROS ALCANZADOS (A PESAR DE TODO)

STUDYING THE EVOLUTIONARY DYNAMICS OF ANTARCTIC LIMPET ECOTYPES FROM CÓRDOBA: ITS COMPLEXITY, ECONOMIC CHALLENGES, AND ACHIEVEMENTS (DESPITE EVERYTHING)

M. Carla de Aranzamendi[1]*, Juan J. Martínez[2], Clarisa Marek-Ortiz[1], Marcela Libertelli[3], Santiago Castillo[4], Martín Ansaldo[5], Ricardo Sahade[1]

[1] Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), CONICET-UNC, Córdoba, Argentina.
[2] Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía (LEEB), Instituto de Ecorregiones Andinas (CONICET-UNJu), San Salvador de Jujuy, Argentina.
[3] Departamento de Biología de Predadores Topes, Instituto Antártico Argentino (IAA), San Martín, Argentina.
[4] Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET–UNC), Córdoba, Argentina.
[5] Departamento de Ecofisiología y Ecotoxicología, IAA, San Martín, Argentina.
* <mcdearanzamendi@conicet.gov.ar>

La comprensión de cómo los rasgos fenotípicos responden a las fuerzas evolutivas y variaciones ambientales es esencial para predecir las adaptaciones de las especies frente a cambios climáticos futuros. En el escenario actual de Cambio Climático, la Antártida y el Océano Austral han experimentado transformaciones significativas de temperatura, generando profundas consecuencias para los ecosistemas antárticos. Particularmente, la Península Antártica Occidental (PAO) ha experimentado una de las tasas de calentamiento más rápidas durante la segunda mitad del siglo XX. Estos cambios plantean desafíos para las especies marinas cuya supervivencia depende de su capacidad de migrar, adaptarse o responder mediante plasticidad fenotípica. En el marco de esta mesa redonda, compartimos una reflexión sobre los desafíos logísticos, económicos y metodológicos que enfrentan los estudios a largo plazo sobre evolución paralela en poblaciones de la lapa *Nacella concinna* (Gastropoda) cuando se gestionan y llevan a cabo desde una región geográficamente alejada de la PAO, como es el caso de Córdoba (Argentina). Esta especie exhibe dos ecotipos (litoral y sublitoral), ofreciendo un modelo para estudiar evolución paralela y adaptación fenotípica a diferentes presiones ambientales. Estudios previos utilizando morfometría geométrica mostraron una fuerte divergencia fenotípica paralela entre estos ecotipos a lo largo de más de 2.000 km, destacando la consistencia en dirección y magnitud del cambio fenotípico. También reportamos una notable estabilidad en la divergencia morfológica durante 17 años (2004-2021), mostrando evidencia clara de presiones selectivas consistentes en la diferenciación fenotípica.

Identificamos selección fenotípica direccional causada por depredación por parte de la gaviota *Larus dominicanus*, favoreciendo rasgos implicados en la diferenciación entre los ecotipos, y destacando el papel crucial de la selección fenotípica mediada por depredación como fuerza evolutiva. A pesar de múltiples desafíos, el trabajo sostenido ha permitido obtener datos valiosos y establecer una red de colaboraciones nacionales e internacionales. Este estudio mejora nuestra comprensión de los cambios temporales entre los ecotipos de *N. concinna* y los procesos microevolutivos involucrados. Resalta el valor del monitoreo fenotípico para analizar dinámicas evolutivas a largo plazo, fundamentales para entender la adaptación y orientar estrategias de conservación.

➤ **Palabras clave:** Selección fenotípica, evolución paralela, estudios longitudinales, depredación, cambio climático.

MONITOREO PROLONGADO Y POLIMORFISMO DE COLOR EN EL SAPITO DE PANZA ROJA: UNA MIRADA EVOLUTIVA DESDE EL BORDE SUBTROPICAL ANDINO

LONG-TERM MONITORING AND COLOR POLYMORPHISM IN THE RED-BELLIED TOAD: AN EVOLUTIONARY PERSPECTIVE FROM THE ANDEAN SUBTROPICAL BORDER

Lucía Valeria Sommaro*, Juan José Martínez

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía (LEEB), Instituto de Ecorregiones Andinas (CONICET-UNJu), San Salvador de Jujuy, Argentina.
* <lucisommaro@gmail.com>

Los polimorfismos de color en las “ranas venenosas” han intrigado a la ecología evolutiva, ya que su mantenimiento suele atribuirse a fluctuaciones espaciales y temporales en las presiones selectivas. Los estudios de monitoreo individual de largo plazo son clave para entender la dinámica eco-evolutiva de los rasgos fenotípicos y por consiguiente para entender los procesos evolutivos contemporáneos. Sin embargo, esta aproximación es aún escasa en anfibios aposemáticos en escenarios altamente diversos y a la vez amenazados. Durante siete temporadas reproductivas consecutivas (2018-2024) realizamos un seguimiento de 744 sapitos de panza roja (*Melanophryniscus rubriventris*) en las Yungas andinas del Noroeste argentino, acumulando 1061 capturas con registro de color dorsal-ventral, longitud hocico-cloaca (SVL), masa corporal y recapturas. Detectamos un aumento promedio de 2 mm en la talla de las hembras (~0,3 mm por año), mientras que la talla de los machos se mantuvo estable; los machos del morfo ventral negro fueron significativamente más pequeños que los de vientre rojo. Las frecuencias de morfos de color fluctuaron sin tendencia direccional, y los patrones dorsal y ventral variaron de forma independiente. Los modelos mixtos generalizados revelaron selección direccional negativa en machos ya que la probabilidad de supervivencia disminuyó con la condición y con la SVL, mientras que en hembras solo se detectó selección direccional negativa en la SVL. Los morfos de color no influyeron en la supervivencia tras controlar por tamaño y condición, y las interacciones entre color y talla fueron no significativas. Estos resultados apuntan a un *trade-off* de los machos, donde mayor talla y condición corporal reducen la supervivencia, mientras que la variación en la coloración adulta parece selectivamente neutra en términos de supervivencia. El incremento de la talla de las hembras plantea la necesidad de discriminar entre plasticidad, reemplazo de cohortes o sesgo de captura, subrayando el valor de los seguimientos multi-anuales para separar procesos demográficos, plásticos y selectivos en poblaciones naturales.

Este estudio resalta cómo los seguimientos a largo plazo permiten separar entres estos procesos, y constituyen una línea de base indispensable para evaluar los procesos evolutivos en especies de montaña frente al cambio climático global.

➤ **Palabras clave:** Condición corporal, dimorfismo sexual, selección natural, sobrevida, Yungas andinas.

BIOLOGÍA REPRODUCTIVA DE UN AVE ESPECIALISTA DE PASTIZAL EN UN ESTUDIO DE LARGO PLAZO: DESAFÍOS Y OPORTUNIDADES DESDE MENDOZA

REPRODUCTIVE BIOLOGY OF A GRASSLAND SPECIALIST BIRD IN A LONG-TERM STUDY: CHALLENGES AND OPPORTUNITIES FROM MENDOZA

Paulo E. Llambías*

Grupo de Investigación de Biología de Aves, IADIZA CCT-Mendoza, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

* <pllambias@mendoza-conicet.gob.ar>

Los estudios de largo plazo son herramientas cruciales para desentrañar procesos eco-evolutivos, revelando desde respuestas microevolutivas hasta los impactos del cambio climático sobre la reproducción. Desarrollamos un programa de investigación de largo plazo enfocado en la ecología del comportamiento de la Ratona Aperdizada (*Cistothorus platensis*: Clase Aves: Orden Passeriformes) en un pastizal altoandino en Mendoza (Argentina). Por su tamaño pequeño y dieta insectívora, la Ratona Aperdizada es un modelo excelente para evaluar el efecto de las variables climáticas en el comportamiento reproductivo. A través del seguimiento de individuos anillados en parcelas permanentes durante 12 años, hemos acumulado una base de datos que incluye 1500 intentos reproductivos de 600 individuos. Esto reveló la plasticidad reproductiva de la especie frente a fluctuaciones en la temperatura ambiental. La aplicación de protocolos estandarizados para la recolección y digitalización de datos ha garantizado la calidad, consistencia y reutilización potencial de la información. El programa ha enfrentado desafíos clave en financiamiento y gestión/preservación de datos a largo plazo. Este trabajo pone en valor cómo los estudios longitudinales contribuyen no solo a la comprensión de las dinámicas reproductivas de especies especialistas de pastizal, sino también al entendimiento de los procesos de adaptación frente a escenarios ambientales cambiantes.

Palabras clave: Ecología del comportamiento, *Cistothorus platensis*, adaptación reproductiva, estudios longitudinales, pastizales andinos.

CONCLUSIONES DE LA MESA REDONDA: DINÁMICAS ECO-EVOLUTIVAS A LARGO PLAZO EN LATINOAMÉRICA: IMPORTANCIA, AVANCES Y DESAFÍOS

ROUNDTABLE CONCLUSIONS: LONG-TERM ECO-EVOLUTIONARY DYNAMICS IN LATIN AMERICA: IMPORTANCE, PROGRESS, AND CHALLENGES

Juan J. Martínez

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía (LEEB), Instituto de Ecorregiones Andinas (CONICET-UNJu), San Salvador de Jujuy, Argentina.

* <jjmartinez@conicet.gov.ar>

La mesa redonda "Dinámicas eco-evolutivas a largo plazo en Latinoamérica" resaltó la importancia de los estudios longitudinales para comprender procesos evolutivos en tiempo real. A partir de las cinco ponencias se identificaron puntos convergentes, desafíos compartidos y líneas de acción prioritarias.

Los estudios presentados abarcan un gradiente latitudinal que se extiende desde las Yungas subtropicales y el Bosque Atlántico hasta la Península Antártica. Esto demuestra que el monitoreo longitudinal puede aplicarse de manera efectiva en distintos contextos ambientales: tropicales, templados, extremos y antropizados. Esta diversidad de escenarios ofrece un contexto de alto contraste que, de articularse mediante una red colaborativa, habilitaría comparaciones robustas entre sitios. Además, nuestra región ha estado históricamente subrepresentada en estudios de largo plazo; una red latinoamericana, como la red *Long Term Ecological Research,* contribuiría a desarrollar y sostener nuevos sitios, pero adaptadas a nuestras realidades institucionales y logísticas.

Se resaltó la capacidad de los seguimientos multi-anuales para discriminar entre procesos demográficos, plasticidad y cambio evolutivo. Por ejemplo, se documentaron patrones de selección estabilizadora (murciélagos, sapitos de panza roja), selección direccional mediada por depredadores (lapas antárticas) y plasticidad reproductiva sensible a la temperatura ambiental (ratona aperdizada). La convergencia metodológica aporta un marco común para comparar trayectorias evolutivas en distintos taxones y ecosistemas, y habilita metanálisis a lo largo del gradiente latitudinal del sur de América del Sur.

En cuanto a los desafíos que identificamos para sostener proyectos de seguimiento a largo plazo, podemos mencionar: i) el financiamiento intermitente, ya que la continuidad depende, en la mayoría de los casos, de proyectos competitivos cuya duración está entre dos y cuatro años. Sería importante contar con líneas específicas para estudios de largo plazo que permitan tanto el sostenimiento de los proyectos existentes como la promoción de nuevas iniciativas. ii) Logística y accesibilidad: el trabajo en sitios

remotos (Península Antártica, Yungas y valles andinos) exige costos elevados y ventanas temporales de muestreo acotadas. iii) Retención de recursos humanos: rotación de estudiantes y falta de cargos técnicos permanentes dificultan sostener protocolos consistentes para la toma de datos. iv) Escasa adopción de repositorios estandarizados limita la reproducibilidad y el uso sinérgico de la información. v) Apoyo institucional: la incorporación de proyectos de largo plazo como parte de las políticas fundamentales de los institutos de investigación podría facilitar el sostenimiento de este tipo de investigaciones, en particular aquellas que abordan la respuesta de la biodiversidad a los cambios globales.

Ante las dificultades mencionadas, pensamos que sería recomendable: i) crear un consorcio regional dedicado a estudios eco-evolutivos de largo plazo, que articule proyectos existentes y futuros, comparta protocolos y gestione financiamiento regional. ii) Acordar un número mínimo común de variables comparables y módulos específicos por taxón/objetivo, evitando imponer una estandarización rígida de la toma de datos dada la diversidad de sistemas. Estandarizar el almacenamiento y los metadatos bajo principios FAIR a fin de garantizar el acceso, la interoperabilidad, la reproducibilidad y la reutilización. iii) Incluir herramientas genómicas para vincular rasgos fenotípicos con bases genéticas, maximizando la inferencia evolutiva de los monitoreos longitudinales. iv) Fortalecer la formación de pasantes, estudiantes y técnicos mediante becas de doctorado y postdoctorado, programas de campo rotativos y talleres anuales, e integrar actividades educativas para diversos niveles. v) Visibilizar los resultados ante organismos de conservación y tomadores de decisiones en recomendaciones de manejo basadas en conceptos ecológicos y evolutivos.

La mesa dejó claro que, aun con limitaciones presupuestarias, la región cuenta con capacidades científicas que permiten avanzar en proyectos a largo plazo para comprender las dinámicas eco-evolutivas en nuestra región. Por lo tanto, consolidar un programa regional de monitoreo eco-evolutivo permitiría detectar umbrales críticos de respuesta poblacional al cambio climático y al disturbio ambiental, evaluar la efectividad de áreas protegidas y de políticas sobre el uso del suelo o de poblaciones. Además, facilitaría la generación de casos de estudio propios que se complementen con los clásicos sistemas modelo liderados desde el hemisferio norte, y contribuiría a formar una nueva generación de investigadores comprometidos con la continuidad a largo plazo y la sostenibilidad de los proyectos.

Como reflexión final, podemos decir que las experiencias compartidas demuestran que la perseverancia, el ingenio logístico y la colaboración pueden sostener investigaciones de alto impacto aún en contextos de recursos limitados, pero esa estrategia no es sostenible ni deseable a largo plazo. Convertir esas virtudes en política científica estable requiere de respaldo institucional y, a la vez, una comunidad más amplia y diversa.

En ese sentido, aunque el título de la mesa redonda aspiraba a un alcance latinoamericano, esta edición inaugural reunió proyectos y ponentes casi exclusivamente del Cono Sur de Sudamérica. Una prioridad inmediata y deseable sería ampliar la participación más allá del Cono Sur; ello será decisivo para que nuestra región juegue un papel protagónico en la comprensión de la evolución contemporánea.

➤ **Palabras clave:** Adaptación ecológica, cambio climático, estudios longitudinales, evolución contemporánea.

Mesa redonda / 2

Publicar ciencia en Argentina: problemáticas y perspectivas desde nuestras revistas

PUBLICAR CIENCIA EN ARGENTINA: PROBLEMÁTICAS Y PERSPECTIVAS DESDE NUESTRAS REVISTAS

PUBLISHING SCIENCE IN ARGENTINA: PROBLEMS AND PERSPECTIVES FROM OUR JOURNALS

Josefina Bodnar[1*], Alicia López[2], Gonzalo Márquez[3]

[1] CONICET-Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata. Mar del Plata, Argentina.

[2] CONICET CCT Mar del Plata, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina.

[3] División Paleobotánica, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. La Plata, Argentina.

* <josefinabodnar@gmail.com>

Las revistas científicas juegan un papel fundamental en la comunicación del conocimiento. Sin embargo, en el contexto argentino, estas publicaciones enfrentan múltiples desafíos que van desde la falta de financiamiento hasta la presión por cumplir con estándares internacionales de indexación y visibilidad. Esta mesa redonda tiene como objetivo generar un espacio de debate sobre las dificultades y oportunidades de las revistas científicas en Argentina, para discutir modelos de financiamiento y sustentabilidad en el acceso abierto, evaluar el impacto de la indexación y las métricas en la visibilidad de las revistas y explorar estrategias de colaboración entre revistas de Argentina y Latinoamérica. Se analizarán los beneficios para la comunidad de las políticas del acceso abierto y su impacto en la sostenibilidad económica de las revistas, considerando el contexto de financiamiento público y la escasez de recursos en Argentina. Se debatirán alternativas viables para asegurar la continuidad de las publicaciones sin depender exclusivamente de los/as autores/as o de las instituciones responsables de las revistas. Debido a que la gestión editorial en la mayoría de las revistas científicas argentinas recae sobre investigadores/as que realizan estas tareas ad-honorem, lo que plantea desafíos en términos de eficiencia, tiempos de respuesta y calidad editorial. Se discutirá la necesidad de fortalecer estructuras de apoyo, capacitar equipos editoriales y buscar mecanismos para la remuneración. Por otro lado, la citación y el reconocimiento internacional son clave para el posicionamiento de las revistas científicas. Sin embargo, muchas publicaciones nacionales enfrentan dificultades para atraer artículos de alto impacto y retener trabajos que, en muchos casos, son enviados a revistas de quartiles más altos. Se debatirán estrategias para fomentar la colaboración entre revistas e incrementar su presencia en bases de datos internacionales. A diferencia de las grandes editoriales comerciales, muchas revistas argentinas son gestionadas por sociedades científicas e instituciones académicas, que deben garantizar su continuidad en condiciones adversas.

Se discutirá el papel de estas entidades en la sustentabilidad y en la calidad editorial de las revistas, así como posibles estrategias de cooperación para enfrentar estos desafíos. Se espera que el intercambio de experiencias y propuestas contribuya a la construcción de soluciones colectivas para fortalecer el sistema de publicaciones científicas en la región.

➤ **Palabras clave:** Ciencias Naturales, publicación, acceso abierto, gestión editorial, citación.

➤ *BONPLANDIA*: 65 AÑOS, AVANCES Y PERSPECTIVAS EN LA PROFESIONALIZACIÓN DE EDICIÓN

BONPLANDIA: 65 YEARS, ADVANCES AND PERSPECTIVES IN THE PROFESSIONALIZATION OF PUBLISHING

Myriam C. Peichoto[1,2]*, María C. Puigbó[2], Matías Acuña[2]

1 Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.

2 Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Corrientes, Argentina.

* <mcpeichoto@gmail.com>; <mcpeichoto@agr.unne.edu.ar>

Bonplandia, la revista científica botánica más antigua del nordeste argentino, ha evolucionado desde sus orígenes como publicación institucional hasta adoptar un esquema de edición profesionalizada, adaptándose continuamente a los nuevos estándares tecnológicos. En su transición hacia la ciencia abierta, la revista ha implementado sistemas avanzados de gestión editorial, como plataformas digitales para arbitraje por pares y publicación continua, asegurando una difusión ágil y transparente del conocimiento. La adopción de identificadores únicos y metadatos estandarizados ha permitido mejorar la interoperabilidad y visibilidad de los contenidos. Actualmente, la revista explora la integración de herramientas basadas en inteligencia artificial para optimizar procesos vinculados a la generación del estándar XML-JATS (Journal Article Tag Suite) permite describir la estructura y el contenido gráfico y de texto de los artículos de una revista. Bonplandia afronta el desafío que tienen actualmente las publicaciones científicas históricas de progresar mediante la incorporación estratégica de innovaciones tecnológicas, manteniendo su rigor académico, mientras se adaptan a las demandas de la comunicación científica moderna.

➤ **Palabras clave:** Botánica, categorizaciones, revista científica argentina, sistema de código abierto.

➤ PUBLICACIONES EN ACCESO ABIERTO Y FINANCIACIÓN

OPEN ACCESS PUBLICATIONS AND FUNDING

Fernando Biganzoli*

Facultad de Agronomía, UBA, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.
Instituto de Botánica Darwinion, San Isidro, Argentina
* <biganzol@agro.uba.ar>

Las revistas que publican trabajos en acceso abierto —es decir, sin que los lectores paguen para descargar y leer los artículos— representan una tendencia creciente en la gestión editorial dentro de la comunidad científica. En muchos casos, la publicación en acceso abierto está promovida o incluso exigida por políticas nacionales de ciencia. Existen dos modelos principales de publicación abierta: la vía dorada, que cobra a los autores por publicar, y la vía diamante, que no cobra ni a autores ni a lectores. En esta charla discutiremos ventajas y desventajas de ambas modalidades, poniendo el foco en la visibilidad y la calidad de los trabajos publicados y en las dificultades para financiar los costos de publicar en revistas doradas. Analizaremos opciones disponibles en revistas científicas argentinas y repasaremos propuestas y estrategias, tanto personales como colectivas, que buscan enfrentar el desafío de "publicar o morir en el intento".

➤ **Palabras clave:** Cargo por procesamiento de artículos (ACPs), equidad para publicar, evaluación científica, modelos editoriales, publicación científica.

INTERNACIONALIZACIÓN Y VISIBILIDAD DE LAS REVISTAS CIENTÍFICAS DESDE LA EXPERIENCIA DE *AMEGHINIANA*

INTERNATIONALIZATION AND VISIBILITY OF SCIENTIFIC JOURNALS FROM THE EXPERIENCE OF *AMEGHINIANA*

Martín D. Ezcurra[1*], Bárbara Cariglino[1], Darío G. Lazo[2], Diego Pol[1]

[1] CONICET–Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

[2] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, IDEAN (UBA-CONICET), Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* <martindezcurra@yahoo.com.ar>

Ameghiniana, publicada por la Asociación Paleontológica Argentina desde el año 1957, es una de las revistas paleontológicas de mayor trayectoria de América del Sur. La revista tiene actualmente una periodicidad bimestral y se encuentra en el segundo cuartil del índice Scimago de ranking de revistas. Desde el año 2015, la dirección de *Ameghiniana* decidió que la revista adopte un enfoque gondwánico (antiguo supercontinente que incluyó a los actuales continentes/sub-continentes de América del Sur, África, India, Australia y Antártida). Entre las primeras políticas editoriales adoptadas para buscar la internacionalización de la revista fue la de restringir el idioma de los artículos publicados al inglés y ampliar el cuerpo editorial científico para incluir miembros de otros países de América del Sur y del resto del hemisferio sur. A su vez, se incentivó la edición de volúmenes especiales cuyas temáticas atraigan un mayor caudal de manuscritos enfocados en materiales o temáticas de otras regiones del hemisferio sur. Como resultado de estas políticas se logró que la proporción de manuscritos enfocados en nuestro país pasara de más del 80% entre 2005–2014 a un valor que actualmente promedia el 65%. Estos resultados reflejan que Ameghiniana tiene una presencia muy fuerte a nivel sudamericano y se posicionó en la última década como una revista de referencia para la región. Sin embargo, la gran mayoría de los manuscritos 'internacionales' que pudo captar la revista en la última década corresponden a temáticas sudamericanas, mientras que el envío de manuscritos de otras regiones del hemisferio sur continuó siendo relativamente bajo. En consecuencia, actualmente estamos planeando y empezando a implementar nuevas políticas editoriales en la revista para aumentar la presencia de la misma entre las comunidades paleontológicas del hemisferio sur, incluyendo: la creación de editores regionales que actúen como vínculos entre *Ameghiniana* y la comunidad de su país o región respectiva; y aumentar la presencia de la revista en las redes sociales (e.g., X, Instagram, Facebook) con publicaciones tanto en español como

en inglés. De esta forma, esperamos incrementar la visualización regional e internacional de la revista en el mediano plazo, con el objetivo final de aumentar el caudal de manuscritos recibidos tanto desde otros países de América del Sur como de otras regiones del hemisferio sur. Las políticas que ha tomado la dirección de Ameghiniana en la última década pueden servir como referencia para otras revistas para mejorar la internacionalización de las mismas.

➤ **Palabras clave:** Gestión editorial, paleontología, Argentina, América del Sur.

LAS SOCIEDADES CIENTÍFICAS COMO SOSTÉN DE LAS PUBLICACIONES: EL EJEMPLO DEL *BOLETÍN DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE BOTÁNICA*

SCIENTIFIC SOCIETIES AS A SUPPORT FOR PUBLICATIONS: THE EXAMPLE OF THE *BULLETIN OF THE ARGENTINE BOTANICAL SOCIETY*

Josefina Bodnar[1*], Gonzalo Márquez[2], Alicia López[3]

[1] CONICET–Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata. Mar del Plata, Argentina.

[2] División Paleobotánica, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. La Plata, Argentina.

[3] CONICET CCT Mar del Plata, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina.

* <josefinabodnar@gmail.com>

Históricamente, las sociedades científicas han sido fundamentales en la consolidación de comunidades disciplinares y en la construcción de una ciencia pública en Argentina. Uno de sus principales aportes ha sido la creación y sostenimiento de revistas científicas, muchas de las cuales representan espacios de referencia en sus campos de estudio. Además, la mayoría de estas publicaciones son gestionadas sin fines de lucro. La Sociedad Argentina de Botánica (SAB) se fundó el 21 de junio de 1945 y entre sus objetivos iniciales estuvo la publicación de una revista científica. En noviembre del mismo año, nació el *Boletín de la SAB*, con el propósito de que sea una herramienta para que la comunidad botánica se vincule, no sólo a través de novedades de investigación, sino también como un instrumento de cohesión social, donde compartir experiencias en eventos internacionales, así como también dudas, dificultades, y, cuando fuera posible, soluciones a problemas de interés común. A lo largo de sus ocho décadas, el *Boletín* ha mantenido ese espíritu, desempeñando un papel clave en la construcción de redes de colaboración entre científicos y científicas de distintas instituciones y países. Hoy en día cumple con estas funciones: difundir investigaciones originales, promover estándares de calidad académica, impulsar el desarrollo de jóvenes investigadores/as y fortalecer la circulación del conocimiento en lengua española (además de tener una política de acceso abierto). En un contexto donde gran parte de la producción científica nacional queda fuera de los principales canales de visibilidad internacional, esta revista (como otras editadas por sociedades científicas) cumple además un rol fundamental en la preservación de agendas de investigación locales y en la democratización del acceso al conocimiento. La falta de financiamiento estructural (sólo fondos provenientes de las cuotas societarias), la dependencia del trabajo voluntario (el 90% del personal ad honorem), las exigencias crecientes de indexación (caída de los índices) y la presión por la internacionalización, colocan a estas revistas en una situación de alta vulnerabilidad.

En esta presentación, proponemos reflexionar sobre estos puntos críticos a partir de la experiencia de participación en equipos editoriales y comisiones directivas de sociedades científicas. Asimismo, compartiremos algunas estrategias de gestión editorial colaborativa, iniciativas de articulación interinstitucional y propuestas para pensar políticas públicas que reconozcan y fortalezcan el rol de las sociedades científicas en el ecosistema editorial argentino, sin perder el propósito con el que se formaron estas revistas.

➤ **Palabras clave:** SAB, revista científica, financiamiento, indexación.

CONCLUSIONES DE LA MESA REDONDA: PUBLICAR CIENCIA EN ARGENTINA: PROBLEMÁTICAS Y PERSPECTIVAS DESDE NUESTRAS REVISTAS

CONCLUSIONS OF THE ROUNDTABLE: PUBLISHING SCIENCE IN ARGENTINA: PROBLEMS AND PERSPECTIVES FROM OUR JOURNALS

Josefina Bodnar[1*], Alicia López[2], Gonzalo Márquez[3]

[1] CONICET – Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata. Mar del Plata, Argentina.

[2] CONICET CCT Mar del Plata, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina.

[3] División Paleobotánica, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. La Plata, Argentina.

* <josefinabodnar@gmail.com>

Luego de las exposiciones, se abrió la discusión sobre diferentes aspectos, llegando a las siguientes consideraciones y conclusión final.

1) La problemática de los rankings.— Los rankings internacionales, como el de Scimago, generan un sistema de jerarquización que no siempre refleja la calidad de la producción científica. Esto a menudo subestima las revistas de países en desarrollo, como las argentinas, que no siempre pueden competir en visibilidad con las revistas del hemisferio norte. La evaluación cuantitativa a menudo privilegia revistas con un mayor impacto global, aunque a veces estas revistas no aborden específicamente las necesidades de los investigadores locales o regionales. Se expusieron las dificultades de las revistas locales para ascender o mantenerse en los cuartiles más altos del ranking, pero también se advirtió que es un problema a nivel global.

2) La "fiebre" por los cuartiles y su reconsideración.— Se destacó la tendencia creciente de que algunas revistas, en tiempo muy corto, alcanzan el primer cuartil en el ranking Scimago. Este fenómeno podría estar relacionado con una sobrerrepresentación de ciertas métricas (como el cociente de citas) sin considerar otros factores que aseguren una evaluación integral de la calidad científica. Aunque algunos/as opinaron que publicar en una revista Q1 no garantiza necesariamente calidad en el trabajo publicado, se sugirió que deberían existir alternativas a las métricas tradicionales que pudieran ofrecer un criterio más equitativo para la valoración de revistas en el contexto de nuestro país, en especial cuando se están considerando las evaluaciones de personas en el sistema científico.

3. Crisis de los/as revisores/as y su impacto en el sistema.— La escasez de revisores/as es un tema recurrente que afecta tanto a revistas internacionales como locales. Muchos/as editores/as enfrentan dificultades para conseguir revisores/as, lo que retrasa los procesos editoriales y genera una

sobrecarga de trabajo en las pocas personas que están dispuestas a colaborar. Además, se discutió la ética del trabajo gratuito para las revistas, destacando que la solidaridad en la revisión por pares es esencial para el sistema científico. Sin embargo, la falta de incentivos para los/as revisores/as y la carga adicional que esto representa para becarios/as, investigadores/as y docentes sigue siendo un desafío importante, en especial porque no es una actividad remunerada ni debidamente reconocida.

4) Democratización del conocimiento y el acceso abierto.— Se subrayó el valor de la democratización del conocimiento y la importancia de fomentar el acceso abierto en un modelo no pago (acceso abierto diamante). Las revistas de acceso abierto pagas (acceso abierto dorado) que se han convertido en una tendencia, podrían estar contribuyendo a la exclusión de autores/as con recursos limitados, especialmente en contextos como el de América Latina. Es imperativo que los recursos sean accesibles para todos los/as autores/as, y que las políticas en torno al acceso abierto avancen hacia un modelo verdaderamente inclusivo y sin costos para los/as autores ni los/as lectores/as.

5) Visibilidad de las revistas argentinas.— La visibilidad internacional de las revistas científicas argentinas sigue siendo un desafío. Muchos participantes destacaron la importancia de que nuestras revistas sean leídas y citadas fuera de las fronteras nacionales, pero esto no debe implicar una pérdida de la identidad local. Se sugirió que la visibilidad también puede aumentar a través de nuevas herramientas tecnológicas, como la inteligencia artificial y los repositorios abiertos, que permiten mejorar la difusión de los trabajos científicos a través de múltiples plataformas.

6) Red de revistas científicas y la centralización.— La idea de una red de revistas científicas argentinas fue ampliamente respaldada. Sin embargo, surgieron preocupaciones sobre cómo centralizar las operaciones editoriales para reducir los costos sin perder la autonomía de cada revista. Algunos sugirieron que el CONICET o otras entidades gubernamentales podrían asumir la gestión de la infraestructura editorial, como la parte administrativa y la preparación de los artículos, mientras que las revistas mantendrían su independencia académica. Esta centralización podría optimizar los recursos y mejorar la calidad de las publicaciones sin sobrecargar a las revistas individuales. Sin embargo, se alertó acerca de la complejidad de que la centralización la realice una entidad como el CONICET, dado que una parte importante de la ciencia del país se desarrolla por fuera de esta institución. Otro problema de la centralización es poder conciliar la gran diversidad de tipos de artículos que reciben las revistas de áreas tan diferentes de la investigación en Argentina.

7) **El futuro de las revistas científicas argentinas**.— El futuro de las revistas científicas argentinas parece estar orientado hacia un modelo más democrático, donde las revistas colaboran entre sí a través de una red de publicaciones. Además, se mencionó que es necesario que los investigadores adopten un papel más activo en la difusión de su trabajo, aprovechando tanto las plataformas digitales como las redes sociales científicas.

Conclusión final.— El debate sobre las revistas científicas argentinas reveló una gran preocupación por la calidad, la visibilidad y la accesibilidad del conocimiento. Si bien los rankings y las métricas internacionales siguen siendo relevantes en la evaluación de publicaciones, es necesario pensar en un modelo más equitativo, centrado en la democratización del acceso a la ciencia y la colaboración entre revistas de la región. Además, se reconoció que la redes de colaboración podrían ser claves para mejorar la sostenibilidad y la calidad de las revistas científicas argentinas a nivel internacional.

➤ **Palabras clave:** Ciencias Naturales, publicación, acceso abierto, gestión editorial, citación.

Sesiones libres

— Resúmenes —

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

Sesión libre / 1

Evolución y diversidad genómica y molecular

Evolução e diversidade genômica e molecular

➤ GENÉTICA E ISÓTOPOS EN GUANACOS ANTIGUOS DEL SUR DE MENDOZA: CAMBIOS DIETARIOS Y POBLACIONALES (PRE/POST 1000 AP)

GENETICS AND ISOTOPES IN ANCIENT GUANACOS FROM SOUTHERN MENDOZA: DIETARY AND POPULATION CHANGES (PRE/POST 1000 BP)

Cinthia Carolina Abbona[1,2*], Clara Otaola[1], Adolfo Gil[1], Gustavo Neme[1]

[1] IDEVEA, San Rafael, Mendoza, Argentina.
[2] Universidad de Mendoza Sede San Rafael, San Rafael, Mendoza, Argentina.
* <cinthia.abbona@gmail.com>

[POSTER]

Los guanacos (*Lama guanicoe*) han sido un componente ecológico y cultural clave en el sur de Sudamérica durante el Holoceno, demostrando una notable capacidad para adaptarse a diversos ambientes, desde zonas áridas hasta bosques templados. Sin embargo, aún se desconoce en qué medida su diversidad genética estuvo asociada a cambios en el uso de los recursos ecológicos a través del tiempo, particularmente en contextos de fluctuaciones climáticas y presión antrópica creciente. Este estudio aborda esta problemática mediante un enfoque novedoso que combina genética de poblaciones e isótopos estables en restos arqueológicos, con el objetivo de evaluar la relación entre cambios en la estructura genética y variaciones en el nicho ecológico de los guanacos del sur de Mendoza (Argentina) entre dos períodos clave: antes y después de los 1000 años antes del presente, un lapso asociado a procesos de aridización y mayor influencia humana en la región. Se analizaron 23 restos óseos provenientes de contextos arqueológicos datados entre 2000 y 500 años antes del presente, mediante: 1) Secuenciación de ADN mitocondrial (región control) para caracterizar la diversidad haplotípica y estructura poblacional; 2) Análisis de isótopos estables ($\delta^{13}C$ y $\delta^{15}N$) para reconstruir la dieta (ej. proporción de plantas C3/C4) y amplitud de nicho ecológico; 3) Integración estadística (análisis multivariados, pruebas de correlación) para evaluar si los cambios en las señales isotópicas se asocian a variación genética. Estos análisis evalúan si los cambios genéticos y dietarios estuvieron acoplados (adaptación/reemplazo) o independientes (plasticidad), evidenciando los mecanismos de resiliencia del guanaco frente a cambios ambientales y antrópicos. Los resultados permiten diferenciar entre distintos escenarios: adaptación local (correlación gen-dieta), plasticidad ecológica (cambios dietarios sin diferenciación genética) o reemplazo poblacional (linajes nuevos con distinto nicho).

➤ **Palabras clave:** ADN antiguo, isótopos estables, *Lama guanicoe*, Holoceno tardío.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN ABEJAS MELÍFERAS DEL NORESTE DE LA ARGENTINA

GENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE IN HONEY BEES FROM NORTHEASTERN ARGENTINA

Marcelo Nicolás Agra[1], Carolina Isabel Miño[2*]

[1] Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, (INTA) / Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (CONICET), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

[2] Laboratorio de Genética Evolutiva - Instituto de Biología Subtropical, CONICET / Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Misiones, Argentina.

* <carolinamino@conicet.gov.ar>

[POSTER]

Las abejas melíferas *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) son polinizadoras clave de diversas especies vegetales de consumo humano, y son manejados para la producción agrícola y de miel a nivel mundial, desde hace miles de años. En Argentina, las subespecies europeas fueron introducidas entre 1830-1834 y en 1855, y alrededor de 1960 se expandió la subespecie africana desde Brasil. Actualmente existen poblaciones manejadas y asilvestradas en diferentes ecorregiones de la Argentina. Conocer la distribución de la diversidad genética es crucial para fortalecer las estrategias de programas de mejoramiento genético y de criadores de reinas a fin de mantener recursos genéticos apícolas de alta calidad, adaptados a cada región ecoclimática. En este estudio genotipamos en 8 *loci* microsatélites nucleares a 122 obreras y reinas de 30 colmenas de 4 provincias del noreste de Argentina, en áreas con presencia constante o transitoria de abejas africanizadas, en un rango latitudinal S de 12°. Encontramos en promedio 11 alelos por *locus* (6 alelos efectivos), la heterocigosis observada fue 0,75 y la esperada fue 0,83. La mayoría (74%) de las abejas pudo ser efectivamente atribuida a su localidad de muestreo con base únicamente en su información genotípica, lo que sugiere cierta estructura genética. El Análisis Discriminante de Componentes Principales y los análisis espaciales Bayesiano arrojaron que la variación genética total se distribuye en cuatro unidades genéticamente distinguibles (*clusters*) que coinciden ampliamente con el gradiente de "africanización" presuntivo del área geográfica estudiada (Buenos Aires < Entre Ríos < Chaco < Formosa). Nuestros resultados coinciden con, y profundizan, los reportados en estudios previos, identificando las posiciones geográficas de las discontinuidades genéticas significativas presentes en el acervo génico de *Apis mellifera* en el noreste de la Argentina. Considerando el insustituible rol ecológico que desempeñan las abejas melíferas, a fin de incrementar su potencial evolutivo frente a estresores ecológicos y antropogénicos contemporáneos, recomendamos manejar las poblaciones de forma tal de mantener (o incrementar) la diversidad genética presente.

Se deberían tener en cuenta los patrones de estructuración poblacional revelados en este estudio, ya que la hibridación puede tener un impacto significativo en la productividad de las colmenas y lotes agrícolas. La información genética aquí provista puede informar programas de manejo, domesticación, selección y conservación de abejas melíferas en el noreste de Argentina.

➤ **Palabras clave:** Apicultura, diferenciación genética, polinizadores, *STR*s, variabilidad genética.

GENOMIC INSIGHTS INTO THE DIVERGENCE AND ADAPTATION OF *SOTALIA* DOLPHINS ACROSS MARINE AND FRESHWATER ENVIRONMENTS

PERSPECTIVAS GENÓMICAS SOBRE LA DIVERGENCIA Y ADAPTACIÓN DE LOS DELFINES DE *SOTALIA* EN ENTORNOS MARINOS Y DE AGUA DULCE

Lucas Albuquerque[1]*, Diego de Panis[2], Thomas Brown[2], Beatriz Daros[1], Luana Nara[1], Daniel Pinilla[1], Giovanna Selleghin-Veiga[1], Elisa Ramos[3], Marcos César de Oliveira[5], Miriam Marmontel[6], Camila Mazzoni[2], Susana Caballero[4], Mariana Nery[1]

[1] Campinas State University, Brazil.
[2] Leibniz Institute for Zoo and Wildlife Research, Germany.
[3] Basel University, Switzerland.
[4] Los Andes University, Colombia.
[5] University of São Paulo, Brazil.
[6] Mamirauá Institute, Brazil.
* <lucasabqsto@gmail.com>

[POSTER]

Cetaceans have undergone dramatic evolutionary shifts from terrestrial to aquatic environments. Among them, the genus *Sotalia*—comprising the coastal *Sotalia guianensis* and the freshwater *Sotalia fluviatilis*—offers a unique model to investigate secondary transitions between marine and freshwater habitats. These sister species diverged relatively recently, during the Pliocene-Pleistocene, and show ecological, morphological, and behavioral differences despite their phenotypic similarity. Here we present the first chromosome-level genome assembly and annotation for *S. guianensis* and the first sequenced genome for *S. fluviatilis*. Our analyses reveal high-quality assemblies supported by HiFi and Hi-C reads, enabling detailed investigation of coding and non-coding regions, gene content, and repeat landscapes. Transposable elements, especially LINEs and SINEs, occupy over 20% of the genome, suggesting important roles in genome structure and evolution. Non-coding RNAs also constitute a substantial fraction, indicating complex regulatory dynamics. Comparative genomic analyses and phylogenomics using 3,928 single-copy orthologs confirm the placement of *Sotalia* within Delphinidae and estimate a divergence between *S. guianensis* and *S. fluviatilis* at ~5 Ma. Initial gene family and synteny analyses, particularly of sensory genes, hint at habitat-specific adaptations and possible roles of transposable elements in shaping functional evolution. These resources provide critical insight into the genomic basis of adaptation to distinct aquatic environments and offer valuable data to guide conservation efforts for these threatened species.

Keywords: Macroevolution, cetaceans, bioinformatics, assembly, comparative.

CHROMOSOME-LEVEL GENOME ALIGNMENT REVEALS HISTORY OF INTERSPECIFIC HYBRIDIZATION AND INTROGRESSION IN THE *DROSOPHILA BUZZATII* CLUSTER

ALINEAMIENTO A NIVEL CROMOSÓMICO REVELA HISTORIA DE HIBRIDACIÓN INTERESPECÍFICA E INTROGRESIÓN EN EL COMPLEJO *DROSOPHILA BUZZATII*

Francisca Cunha Almeida[1,2,*], Nicolás Nahuel Moreyra[1,2], David Ezequiel Kachanovski[1], Esteban Hasson[1,2]

[1] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires - CONICET, Buenos Aires, Argentina.
[2] Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.
* <falmeida@ege.fcen.uba.ar>

[ORAL]

The *Drosophila buzzatii* cluster includes 7 cactophilic species that inhabit several biomes of the dry diagonal of South America, from northeastern Brazil to northwestern Argentina. These species have been model organisms for an array of evolutionary studies. Nevertheless, their evolutionary relationships had remained elusive until recently, with the sequencing of 5 whole genomes, representing 4 species (*D. buzzatii*, *D. antonietae*, *D. borborema* and 2 strains of *D. koepferae*). Phylogenomic analysis revealed a complex history, with extensive incongruence between loci and genomes. While the mitochondrial genome recovered a topology where *D. buzzatti* and *D. koepferae* appear as sister species, the nuclear genome suggests that *D. koepferae* is more closely related to *D. borborema* and *D. antonietae*. The relationships among the latter three species, however, had very low support values in concatenated analysis, and a great amount of discordance between gene trees. One possible explanation for discordance between gene trees is introgression caused by interspecific gene flow. To evaluate this hypothesis, we aligned chromosome-level genome assemblies of 4 species of the *buzzatti* cluster and applied tests to detect introgression. We found, using both genomic windows and BUSCO genes approaches, that a specific region of chromosome 2 supports a sister relationship between the *D. koepferae* and *D. borborema*, in contrast to other parts of chromosome 2 and chromosomes 3, 4, 5, and X, which mostly support a sister relationship between *D. borborema* and *D. antonietae*. These findings agree with the results of ABBA/BABA tests, which showed high D values in that same discordant region of chromosome 2, suggesting introgression between *D. koepferae* and *D. borborema*. Further tests pointed to the latter species as the most likely recipient. Interestingly, the supposedly introgressed region largely overlaps with two fixed chromosomal inversions: j9 (in *D. koepferae*), and x7 (in *D. antonietae*).

These results suggest a history in which introgression and chromosome rearrangements played important roles in the evolution of the *buzzatii* cluster.

➤ **Keywords:** Cactophilic *Drosophila*, comparative genomics, chromosomal rearrangements, ABBA/BABA test, horizontal gene flow.

DIFFERENTIAL GENE EXPRESSION IN WILD AND CULTIVATED CACTI REVEALS DIVERSE METABOLIC PATHWAYS FOR STRESSFUL ENVIRONMENTS

LA EXPRESIÓN GÉNICA DIFERENCIAL EN CACTUS SILVESTRES Y CULTIVADOS REVELA DIVERSAS RUTAS METABÓLICAS PARA AMBIENTES ESTRESANTES

Danilo Trabuco Amaral[1], Evandro M. Moraes[2], Daniela Cristina Zappi[3], Nigel Taylor[2], Fernando F. Franco[2*]

[1] Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC (UFABC), Santo André, São Paulo, Brazil.

[2] Departamento de Biologia. Centro de Ciências Humanas e Biológicas. Universidade Federal de São Carlos (UFSCar). Sorocaba, Brazil.

[3] Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brazil.

[*] <franco@ufscar.br>

[POSTER]

The comparison between field and cultivated conditions in common gardens is particularly relevant to understanding many aspects of plant physiology, phenotypic plasticity, and environmental adaptation. Clonally reproducing species allows the study of gene expression changes in identical genetic material across wild and controlled environments. Here, we investigate patterns of differential gene expression in five species of *Cereus* (Caryophyllales: Cactaceae), which occur across distinct biomes and domains, such as Caatinga, Cerrado and Brazilian Atlantic Forest. Epidermal tissue was collected from three adults per species from *Cereus jamacaru*, *C. calcirupicola*, *C. pierrebraunianus*, *C. hildmannianus*, and *C. fernambucensis* in the wild (WT), alongside stems for greenhouse cultivation (CG) under standardized conditions. After one-year, epidermal tissue was recollected from the same individuals for RNA extraction. Whole transcriptomes from WT and CG (30 transcriptomes) were analyzed for differential gene expression and co-expression patterns. Genes upregulated under WT are predominantly related to stress response and herbivory defense pathways, contrasting with those expressed in CG conditions, mostly related to growth. Gene expression plasticity in *Cereus*, particularly in stress-response and metabolic regulation pathways, reflects adaptation to environmental pressures and highlights their resilience across distinct phytogeographic domains and challenging habitats.

Keywords: *Cereus*, drought-resistance, gene expressions plasticity, horticulture, stress response.

REORDENAMIENTOS CROMOSÓMICOS EN LOS REPTILES CON TASA DE ESPECIACIÓN MÁS RÁPIDA DEL MUNDO

CHROMOSOMAL REARRANGEMENTS IN THE WORLD'S FASTEST-SPECIATING REPTILES

Ana Solange Amaral[1], Mariana Morando, M.[2,3], Melisa Olave[1,4,5]

[1] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Mendoza. Argentina.
[2] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales (CONICET), Centro Nacional Patagónico (CENPAT), Puerto Madryn, Chubut. Argentina.
[3] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[4] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[5] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Reino Unido.
* <amaralanasolange@gmail.com>

[POSTER]

La familia de lagartijas Liolaemidae -que incluye a *Liolaemus*, *Phymaturus* y el género monotípico *Ctenoblepharys*- exhibe la mayor tasa de especiación entre los Squamata (lagartijas y serpientes). De su alta diversidad, presenta un marcado contraste en historia natural entre sus géneros hermanos *Liolaemus* y *Phymaturus*. Mientras que *Liolaemus* (más de 290 especies), habitan una amplia diversidad de hábitats y presenta diferentes modos reproductivos con varios orígenes independientes, *Phymaturus* (55 especies) está restringido a afloramientos rocosos, es estrictamente vivíparo y herbívoro. Estas características contrastantes convierten a Liolaemidae en un modelo ideal para investigar diferentes procesos de diversificación rápida desde perspectivas ecológicas, genéticas y citogenéticas. En este estudio, nos enfocamos en la evolución cromosómica, dado que las reorganizaciones estructurales pueden facilitar el aislamiento reproductivo y acelerar la especiación. Para ello realizamos una revisión bibliográfica sistemática en *Google Scholar*, incluyendo literatura gris (tesis de maestría y doctorado) hasta el año 2025, utilizando términos clave como *Liolaemidae*, *rearrangements*, *chromosomal evolution* y *cytogenetics*. Nuestros resultados revelan que en *Phymaturus*, los cambios cromosómicos están dominados por reorganizaciones Robertsonianas: pese a una variación en el número diploide (2n = 26 a 36), el número fundamental autosómico (FNa = 32) se mantiene estable, indicando que las transformaciones estructurales afectan principalmente la morfología de los cromosomas telocéntricos. En *Liolaemus*, en cambio, la elevada variabilidad cariotípica (2n= 28 a 44), se vincula a fisiones céntricas que incrementan el número de microcromosomas. Estos patrones refuerzan la hipótesis de que la evolución cromosómica ha tenido un rol clave en la diversificación del grupo.

El estudio resalta la necesidad de contar con genomas de alta calidad que permitan analizar regiones estructuralmente dinámicas como los microcromosomas y los centrómeros. Con su notable diversidad genética y citogenética, Liolaemidae se consolida así como un sistema modelo excepcional para explorar el rol de la arquitectura cromosómica en la especiación de reptiles.

➤ **Palabras clave:** Liolaemidae, citogenética, evolución, cariotipo.

EVOLUCIÓN EN LAS INTERACCIONES DE PLANTAS DE ALGODÓN, CON Y SIN TRANSGENES Y LA COMUNIDAD DE INSECTOS

EVOLUTION OF INTERACTIONS BETWEEN COTTON PLANTS, WITH AND WITHOUT TRANSGENES, AND THE INSECT COMMUNITY

Guadalupe Andraca-Gómez[1*], Pamela Rodríguez-Juarez[1], Valeria Alavez-Gómez[1,2], Valeria Vazquez-Barrios[1,2], Javier Pérez-López[1], Ana Wegier[1]

[1] Laboratorio de Genética de la Conservación. Jardín Botánico del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México.

[2] Posgrado en Ciencias Biológicas, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

* <guadalupeandraca@gmail.com>

[ORAL]

La genética de conservación estudia la importancia de los procesos evolutivos que originan y mantienen la diversidad genética, las relaciones de los seres vivos y de estos con el medio en el que se desarrollan. Al interior de los complejos de especie silvestre a domesticado, los procesos evolutivos varían entre sus partes debido a 1) Adaptaciones a las condiciones abióticas, 2) Modificaciones genéticas como respuesta a la selección artificial; 3) El flujo génico y 4) Las presiones recíprocas entre plantas e insectos. Este trabajo evalúa si existen consecuencias evolutivas en la comunidad de insectos asociados a las poblaciones silvestres de algodón con y sin transgenes. Al ser el algodón *(Gossypium hirsutum)* una planta de alto valor comercial, el proceso de domesticación ha involucrado una fuerte selección de características fenotípicas; se han realizado modificaciones genéticas para proveer a la planta de funciones insecticidas. Para México, centro de origen del algodón, se ha observado que estos transgenes están presentes en algunas poblaciones silvestres, modificando la presión selectiva. Esto puede tener como consecuencia: 1) reducción en el número de especies y/o 2) cambios en la diversidad genética dentro de las poblaciones de insectos, favoreciendo aquellos individuos capaces de tolerar la función insecticida. Con ayuda de las sopas de diversidad (metabarcoding de COI) se comparó la diversidad intra e interespecífica en la comunidad de insectos de poblaciones con y sin presencia de estas trazas de biotecnología moderna. El análisis se realizó en tres metapoblaciones mexicanas de plantas silvestres de algodón (Pacífico sur, Pacífico centro y Península de Yucatán). Los resultados muestran cambios en la composición de artrópodos asociados a la distribución geográfica y a la presencia de sitios con y sin transgenes. Así como cambios en las funciones ecológicas que desarrollan los grupos de insectos dominantes en cada sitio.

Los resultados confirman que la presencia de trazas de biotecnología moderna está teniendo como consecuencia cambios en las interacciones que se establecen entre las plantas silvestres de algodón y su artropofauna asociada.

➤ **Palabras clave:** Metabarcoding, análisis de diversidad, complejo de domesticación.

EXPLORING PLASTOME EVOLUTION AND STRUCTURAL VARIATION IN *DYCKIA* SPP. FROM THE ESPINHAÇO RANGE, MINAS GERAIS, BRAZIL

EXPLORANDO LA EVOLUCIÓN DE PLASTOMAS Y LA VARIACIÓN ESTRUCTURAL EN DYCKIA SPP. DE LA SIERRA DE ESPINHAÇO, MINAS GERAIS, BRASIL

João Victor da Silva Rabelo Araujo[1], Ana Flávia Francisconi [2*], Caroline Bertocco Garcia [2], Cássio van den Berg [3], Otavio Batista de Castro Ribeiro [4], Ana Paula da Silva Marques[2], Matheus Scaketti[1], Ana Cristina Silva Amoroso Anastacio[5]; Maria Imaculada Zucchi[1]

[1] Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil.
[2] Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
[3] Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brazil.
[4] Instituto Rupestris, Conceição do Mato Dentro, Minas Gerais, Brazil.
[5] Vale S.A., Mina de Águas Claras, Nova Lima, Minas Gerais, Brazil.
[6] Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, APTA-URPD, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
* <anaf_f@hotmail.com>

[POSTER]

Dyckia spp. are xeromorphic bromeliads, with diversity centered in the ferruginous rocky outcrops of the Espinhaço Mountain Range in Brazilian tropical savanna. Due to their recent radiation —during the Pliocene— along with their vast phenotypic plasticity and the limited herbarium records, many species in the genus present challenges for correct identification and the development of robust conservation strategies. We sequenced the complete chloroplast genome of six rare *Dyckia* species in an effort to identify hotspots of diversity that could serve as molecular markers capable of distinguishing species and elucidating phylogenetic relationships within the genus. The plastome sizes of the species ranged from 159,689 bp to 159,264 bp, and the GC content was highly consistent across all species, varying narrowly between 37.2% to 37.3%. Despite the high structural similarity, polymorphism analyses identified three regions of high polymorphic diversity—the *clpP1* and *psa*1 genes, and the intergenic spacer region between *trnT* and the *trnL* fragment — that may serve as molecular markers within the genus. Additionally, we detected a high number of SSRs (637), dispersed repeats (208), SNPs (1035), and indels (823) among the species compared to other bromeliads. Phylogenetic analyses using whole plastid genomes showed low variability among species, associating them with their geographic distribution.

These results not only highlight the structural variability of the *Dyckia* plastid genome but also provide new molecular tools for the identification of related species, enhancing the development of conservation protocols for these bromeliads.

➤ **Keywords:** Molecular markers, phylogenetic analysis, polymorphism, tropical rocky outcrops.

EXPLORANDO EL POTENCIAL EVOLUTIVO EN CLADOS RADIADOS Y NO-RADIADOS DE LAGARTOS PLEURODONTOS

EXPLORING THE EVOLUTIONARY POTENTIAL IN RADIATING AND NON-RADIATING CLADES OF PLEURODONT LIZARDS

Raúl Araya-Donoso*, Martha Muñoz

Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, Connecticut, USA.
* <raul.arayadonoso@yale.edu>

[ORAL]

Una pregunta prevalente en evolución es: ¿Por qué algunos grupos de organismos son altamente diversos mientras que otros no? Tradicionalmente se propone que la existencia de oportunidad ecológica ha permitido la radiación de los grupos más diversos. Sin embargo, no todos los organismos evolucionando dentro del mismo contexto ecológico presentan los mismos patrones de diversificación. Esto sugiere que los factores extrínsecos por sí solos no pueden explicar las tasas de evolución diferenciales que existen en la naturaleza, y que hay factores intrínsecos que determinarían el potencial evolutivo de un linaje. En este contexto, es necesario un enfoque interdisciplinario que combine altos volúmenes de datos provenientes de distintas fuentes para identificar los posibles mecanismos que producen tasas evolutivas diferenciadas. Aquí, se propone un flujo de trabajo bioinformático que evalúa explícitamente la contribución relativa de distintos factores extrínsecos e intrínsecos en generar diferenciación poblacional (F_{ST}). Se utilizaron lagartos pleurodontos como modelo de estudio, conocidos por su alta heterogeneidad en patrones de acumulación de diversidad, incluyendo géneros altamente especiosos (como *Anolis*, *Liolaemus*, *Sceloporus*) y otros con números reducidos de especies (como *Uta*, *Polychrus*, *Ctenoblepharys*). A través de un meta-análisis de datos genómicos de 49 especies incluyendo géneros radiados y no radiados de lagartos pleurodontos, se calcularon los niveles de diferenciación poblacional dentro de cada especie, luego de estandarizar y corregir la diferenciación asociada a predictores extrínsecos tales como el grado de aislamiento físico o distintas presiones selectivas. En este contexto, se hipotetizó que los grupos radiados mostrarán una mayor diferenciación genética poblacional debido a un mayor potencial evolutivo intrínseco. Contrario a lo esperado, los resultados preliminares muestran que las especies de grupos radiados poseen una diferenciación poblacional residual menor que aquellas de géneros con un bajo número de especies. Esto podría indicar que los grupos considerados como “poco diversos” contendrían diversidad genética críptica, desafiando el entendimiento actual de la diversidad de especies existentes de Pleurodonta.

Se destaca la relevancia de una taxonomía adecuada que permita caracterizar adecuadamente la diversidad biológica, para así entender la relación entre los procesos de diferenciación genética poblacional y las tasas de diversificación.

➤ **Palabras clave:** Diferenciación genética, diversificación, especiación, evolucionabilidad, radiación adaptativa.

INMUNOTERAPIA COMO MECANISMO DE PRESIÓN DE SELECCIÓN EN CÁNCER DE VEJIGA

IMMUNOTHERAPY AS A MECHANISM OF SELECTION PRESSURE IN BLADDER CANCER

M. Sergio Bayo[1]*, M. Soledad Courreges[1], Michele Bianchini[2]

1 Hospital Dr. Bernardo Houssay, Buenos Aires, Argentina.
2 Argenomics SA, Pcia. de Buenos Aires, Argentina.
* <sergiobayo@yahoo.com.ar>

[POSTER]

La evolución por selección natural o inducida mediante fármacos y radiación es un proceso conocido en el desarrollo del cáncer, donde las células tumorales adquieren modificaciones moleculares que les permiten adaptarse, sobrevivir y expandirse como metástasis. Sin embargo, aún existe poca evidencia experimental y pocas teorías predictivas sobre cómo funcionan estos mecanismos evolutivos en el cáncer. Este estudio establece una correlación significativa entre la presión de selección inducida por algunas terapias que favorecen evadir la inmunovigilancia tumoral, lo que promueve la expansión del tumor y empeora el pronóstico de los pacientes. La investigación analiza la influencia de factores como mutaciones, ambiente y presiones selectivas inducidas por terapias. Particularmente se centra en un mecanismo evolutivo relacionado con la inmunoterapia basada en la administración del *Bacillus Calmette-Guérin* (BCG) en el cáncer de vejiga no invasor. Este tipo de cáncer es altamente recidivante, y su tratamiento, tanto el inicial como las recidivas, combina resección quirúrgica con BCG intravesical para generar una respuesta inmune contra células tumorales remanentes. Todas las células del organismo evitan ser atacadas por el sistema inmune (*homeostasis inmunitaria*) mediante la expresión del ligando de muerte programada 1 (*PD-L1*). Muchas veces, las células tumorales utilizan la sobreexpresión de *PD-L1* para evitar el ataque inmunológico. Por lo tanto, la sobreexpresión de *PD-L1* es un indicador de mal pronóstico en la enfermedad tumoral. En este estudio, mediante inmunohistoquímica, se cuantificó la expresión de *PD-L1* en biopsias de 126 pacientes con cáncer de vejiga recidivante no invasor del músculo. Los resultados mostraron un aumento significativo de *PD-L1* en las recidivas de pacientes tratados con cirugía y BCG, en comparación con aquellos tratados solo con cirugía. La mayor expresión de *PD-L1* confirió a los tumores una mayor capacidad para evadir el sistema inmune, tornándolos más agresivos y refractarios a nuevos tratamientos con BCG. Esta sobreexpresión presume una respuesta adaptativa del tumor inducida por BCG.

Además, se observó que la expresión de *PD-L1* correlaciona positivamente con genes clave en el desarrollo tumoral, como *STAT1-3*, *FGFR3*, *TERT* y *Rac1*, sugiriendo un mecanismo molecular subyacente que influye en la agresividad del cáncer. La detección de *PD-L1* mediante inmunohistoquímica es prometedora, aunque aún falta uniformidad en los criterios para su uso diagnóstico. Comprender el cáncer desde una perspectiva evolutiva permitirá desarrollar mejores estrategias diagnósticas y terapéuticas, requiriendo un enfoque multidisciplinario que integre medicina, biología, genética, estadística e informática para generar teorías más explicativas y exhaustivas sobre la enfermedad.

➤ **Palabras clave:** BCG, cáncer de vejiga, *PD-L1*, presión de selección, inmunoterapia.

EVOLUTIONARY HISTORY OF SEA TURTLES BASED ON WHOLE GENOMES

HISTORIA EVOLUTIVA DE LAS TORTUGAS MARINAS BASADA EN GENOMAS COMPLETOS

Yago Beux[1*], Fernando Lopes[1,2], Sibelle T. Vilaça[3], Eugenia Naro-Maciel[4], Nancy FitzSimmons[5], Sarah Vargas[6], Sandro L. Bonatto[1]

[1] Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil.
[2] Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil.
[3] Instituto Tecnológico Vale, Belém, Pará, Brazil.
[4] New York University, 726 Broadway - New York - NY, NY, USA.
[5] Griffith University, Brisbane, Queensland, Australia.
[6] Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, Espírito Santo, Brazil.
* <yago.beux@edu.pucrs.br>

[POSTER]

Sea turtles (Chelonioidea) comprise seven extant species of ecological and conservation importance. Previous studies using few genetic markers or morphological data reported incongruences in the phylogenetic placement of *Lepidochelys spp.*, *Caretta caretta*, and *Eretmochelys imbricata*. We sequenced whole genomes of all sea turtle species, including *L. kempii* and *Natator depressus*, for which genomic data had not been previously available. Our final dataset included at least one individual from each oceanic basin, totaling twelve samples. Quality-filtered reads were mapped to the *Chelydra serpentina* genome, producing a 2.2 Gb high-quality alignment. Phylogeny, divergence times, introgression, and demographic history were inferred using single nucleotide polymorphism concatenation and genomic fragments. The best-supported topology across methods was: (((((*L. olivacea*, *L. kempii*), *C. caretta*), *E. imbricata*), (*C. mydas*, *N. depressus*)), *D. coriacea*). High topological conflict involving *Lepidochelys*, *Caretta*, and *Eretmochelys* stem mainly from incomplete lineage sorting but also from introgressions. Introgression analyses (D-statistics, QuIBL, BPP) revealed widespread gene flow, among ancestral lineages. We detected 9% introgression between Dermochelyidae and the Cheloniidae ancestor, 0.5% between Carettini and Cheloniini ancestors, and 0.4% between *E. imbricata* and the *Lepidochelys* ancestor. Estimated divergence times within Chelonioidea indicate an initial split around 100 million years ago (Mya), with Dermochelyidae and Cheloniidae diverging 66 Mya. Within Cheloniidae, Carettini and Cheloniini diverged 34 Mya, followed by splits involving *E. imbricata* (15.4 Mya), *C. caretta* (11.8 Mya), *L. olivacea* and *L. kempii* (3.3 Mya), and *N. depressus* and *C. mydas* (21.8 Mya). Demographic reconstructions revealed population declines during glacial cycles, followed by expansions in all species around 20,000 years ago.

Keywords: Phylogeny, evolution, hybridization, Chelonioidea.

CARACTERIZACIÓN DE LA COMUNIDAD BACTERIANA INTESTINAL DE *MEGAMELUS SCUTELLARIS* (HEMIPTERA: DELPHACIDAE): UN ENFOQUE INTEGRADO HACIA LA ECOLOGÍA Y EL BIOCONTROL

CHARACTERIZATION OF THE INTESTINAL BACTERIAL COMMUNITY OF *MEGAMELUS SCUTELLARIS* (HEMIPTERA: DELPHACIDAE): AN INTEGRATED APPROACH TOWARDS ECOLOGY AND BIOCONTROL

Franco Cabrera Ruiz[1], Nicolas A. Salinas[2,3*], Marcela Rodriguero[1,3], M. Eugenia Brentassi[4,5], Alejandro Sosa[2,3]

[1] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), CABA Argentina.
[2] Fundación para el Estudio de Especies Invasivas (FuEDEI), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.
[3] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina.
[4] División Entomología. Facultad de Ciencias Naturales y Museo- UNLP, Buenos aires, Argentina.
[5] Comisión Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA). Buenos Aires, Argentina.
* <nico.salinas95@gmail.com>

[POSTER]

Megamelus scutellaris es una especie neotropical utilizada como agente de control del camalote (*Pontederia crassipes*), maleza acuática invasora. Su uso en programas de control biológico en Argentina, EE.UU. y Sudáfrica es prometedor, aunque el éxito en su implementación ha sido variable. Estudios genéticos y biogeográficos en desarrollo revelan patrones de diferenciación genética entre poblaciones, destacando la importancia de enfoques integrados para optimizar su uso en el campo. En este trabajo, se comparó la composición y estructura de la microbiota intestinal entre poblaciones nativas e introducidas de *M. scutellaris* para evaluar posibles diferencias debido a la divergencia del hospedador o al proceso de introducción en las áreas de control. Para esto, se realizó un análisis de amplicones de la región V3-V4 de la subunidad ribosomal pequeña (16S rRNA) obtenidos mediante secuenciación masiva a partir de *pools* de 4-5 individuos de áreas nativas (Buenos Aires, Misiones, Chaco) y de introducción (Sudáfrica). Los análisis de diversidad alfa revelaron diferencias en la riqueza y composición microbiana entre localidades: Chaco presentó mayor riqueza, mientras que Sudáfrica registró los valores más bajos. En cuanto a la diversidad beta, las comunidades bacterianas de Sudáfrica y Buenos Aires se agruparon, diferenciándose de las comunidades de Chaco y Misiones. El análisis de abundancia relativa indicó una dominancia de los géneros *Rickettsia*, *Wolbachia*, *Cardinium* y *Arsenophonus* en todas las poblaciones. Sin embargo, Misiones y Chaco presentaron una distribución más heterogénea y equitativa de géneros. Interesantemente, estos géneros dominantes fueron reportados como parásitos reproductivos de insectos.

Estos resultados preliminares constituyen un primer paso hacia la comprensión del papel de la comunidad bacteriana intestinal en el desempeño ecológico y biológico de *M. scutellaris*, la cual podría ser útil en futuras estrategias de control biológico basadas en la selección de poblaciones óptimas.

➤ **Palabras clave:** 16S rRNA, microbiota, *metabarcoding*, simbiosis, V3-V4.

ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO PRELIMINAR EN CINCO ESPECIES SILVESTRES DE PAPA (*SOLANUM* SECT. PETOTA): DISTRIBUCIÓN Y ABUNDANCIA DE SECUENCIAS REPETITIVAS

PRELIMINARY COMPARATIVE GENOMIC ANALYSIS IN FIVE WILD POTATO SPECIES (*SOLANUM* SECT. PETOTA): DISTRIBUTION AND ABUNDANCE OF REPETITIVE SEQUENCES

Gabriel Luciano Caliuolo[1*], Alicia López Méndez[2], Mariela Sader[1], Ricardo Masuelli[3], Nicolás Cara[3], Juan Domingo Urdampilleta[1]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), Universidad Nacional de Córdoba (CONICET/UNC), Ciudad de Córdoba, Córdoba, Argentina.

[2] CONICET, CCT Mar del Plata, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Bs. As, Argentina.

[3] Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo-(UNCuyo-CONICET), Chacras de Coria, Mendoza, Argentina.

* <glcaliuolo@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

Solanum L. es uno de los géneros más grandes y megadiversos de Angiospermas, cuenta con unas 1400 especies distribuidas en regiones cálidas y templadas de todo el mundo, ocupando una enorme diversidad de hábitats. La sección Petota de *Solanum*, que incluye la papa y sus parientes silvestres (ESP), es un grupo taxonómico complejo, debido a la hibridación interespecífica, la introgresión, la alopoliploidía, una mezcla de reproducción sexual y asexual, y una posible divergencia reciente de especies. Los genomas de las especies de Solanaceae son ricos en secuencias de ADN repetitivo, tanto en tándem (ADNsat) como disperso (ET). La fracción genómica repetitiva se analizó mediante análisis de agrupamiento con RepeatExplorer2/Elixir-Cerit, de forma individual y comparativa, en cinco ESP de Argentina. Los tamaños genómicos de las especies analizadas varían de 0,617 a 1,198 Gpb, y la fracción repetitiva total estimada fue la siguiente: *S. chacoense*, 40,3-40,6; *S. commersonii*, 36,1-40,2; *S. kurtzianum*, 42,7-44,2; *S. microdontum*, 40,2-46,2; y *S. x rechei*, 40,7-42,1. Los principales grupos de elementos repetitivos son LTR de Clase I de la superfamilia Ty3/gypsy, variando de 18,8 a 25,4%, cuyas familias más importantes son Tekay y Athila. La abundancia del ADNsat varió de 0,9 a 2,1%, reconociendo la presencia de 11 superfamilias ortólogas de ADNsat, que varían interespecíficamente en presencia y/o abundancia y 5 secuencias que no comparten homología repetitiva con las otras especies. Estas regiones genómicas se analizan y discuten en su rol potencial para ser usadas como marcadores cromosómicos y moleculares en la diferenciación de ESP y el análisis de híbridos reconocidos como *S. x rechei*.

Palabras clave: ADN Satélite, elementos transponibles, Solanaceas.

VARIACIÓN EN EL NÚMERO DE COPIAS EN EL GENOMA DE ABEJAS FORRAJERAS *APIS MELLIFERA* (HYMENOPTERA: APIDAE) ASOCIADAS CON GENES DE DESINTOXICACIÓN

COPY NUMBER VARIATION IN THE GENOME OF FORAGE BEES *APIS MELLIFERA* (HYMENOPTERA: APIDAE) ASSOCIATED WITH DETOXIFICATION GENES

Daniela Cardona Murillo[1,2*], Víctor Hugo García Merchán[1,2], Katherine Chacón Vargas[1,3,4]

[1] Grupo de investigación en Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Línea de investigación: Bioinformática, Universidad del Quindío. Armenia, Quindío, Colombia.
[2] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío. Colombia.
[3] Universidad de Massachusetts. Molecular and Cellular Biology Department. Amherst, Massachusetts, USA.
[4] Synbiotic Health, Inc, Lincoln, Nebraska, USA.
* <daniela.cardonam@uqvirtual.edu.co>

[ORAL]

La abeja melífera (*Apis mellifera*) es una especie de gran importancia a nivel ecológico y económico debido a su rol como polinizador, labor ejercida por abejas forrajeras, las cuales se exponen directamente a xenobióticos naturales y sintéticos. La capacidad de desintoxicación de esta especie ha sido objeto de estudio por su limitado número de genes involucrados en este proceso, no obstante, esto no le ha impedido ser un polinizador generalista, aunque se ha asociado con una mayor sensibilidad ante ciertos insecticidas. En otros insectos se ha estudiado la relación entre genes de desintoxicación y variaciones en el número de copias (CNV), dada la importancia de esta variación en la respuesta a factores ambientales. Sin embargo, en *A. mellifera* aún no existen estudios de este tipo. Por lo anterior, el objetivo de nuestro trabajo fue identificar las CNV del genoma de la abeja forrajera, potencialmente asociadas con genes de desintoxicación, como primer paso *in-silico* para comprender otros posibles mecanismos de respuesta ante xenobióticos. Para ello, se utilizaron 120 genes tomados del repositorio de genes del detoxoma de *A. mellifera*, y se analizaron 361 genomas públicos disponibles en la plataforma NCBI (SRA). Se aplicaron criterios de selección como secuencias pareadas de genoma completo generadas por la plataforma Illumina, evaluadas mediante FastQC. Se contactó a los autores de las secuencias para corroborar que fueran de forrajeras. Tras esta verificación, se seleccionaron 89 genomas de *A. mellifera*, incluyendo las subespecies *A. m. monticola* y *A. m. scutellata*, pertenecientes a tres regiones geográficas (Estados Unidos, Argentina y Kenia).

Las lecturas se evaluaron con FastQC y posteriormente se realizó la limpieza con el programa TrimGalore, eliminando adaptadores y bases de baja calidad (>Q30), asegurando así, la robustez de los análisis del mapeo. Las lecturas fueron mapeadas al genoma de referencia Amel_HAv3.1 (225.2Mb). El porcentaje de alineamiento estuvo entre 60% a 97% para muestras de USA, 93% a 99% para Kenia y 87% a 99% para Argentina y USA respectivamente. Se realizó un análisis filogenómico para identificar las agrupaciones entre las muestras y si corresponden a su distribución geográfica. Finalmente, a partir de estas agrupaciones se evaluaron variaciones en la cobertura de los genes asociados al detoxoma.

➤ **Palabras clave:** Detoxificación, variabilidad genética, resistencia a xenobióticos, mapeo genético.

EVOLUTION OF LARVAL MUSCULATURE IN THE GENUS *CROSSODACTYLUS* (ANURA: HYLODIDAE)

EVOLUCIÓN DE LA MUSCULATURA LARVARIA EN EL GÉNERO *CROSSODACTYLUS* (ANURA: HYLODIDAE)

Regina Carneiro da Silva[1]*, Diego de Almeida da Silva[2], Vanessa Kruth Verdade[1]

[1] Universidade Federal do ABC, Centro de Ciências Naturais e Humanas. Bangu, Santo André – São Paulo, Brazil.

[2] Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <c.regina@aluno.ufabc.edu.br>

[POSTER]

Morphological evolution is shaped by selective pressures that modify anatomical structures in response to functional and ecological demands. In anurans, this is particularly evident during the larval stage, resulting in high plasticity and phenotypic diversity. Larval morphology is often used to classify tadpoles into ecomorphological guilds that reflect strategies for resource use. However, other factors, such as body size, can also influence morphological diversity. In the Hylodidae family—composed of species associated with Atlantic Forest streams—larval size varies widely. While larvae of *Phantasmarana* and *Megaelosia* can exceed 12 cm, some *Crossodactylus* species metamorphose at under 4 cm. Size is known to affect shape, and although this relationship has been explored in external and skeletal morphology, musculature is usually studied only descriptively, without considering scaling or allometry. In this study, we investigated larval muscle evolution in *Crossodactylus*, which includes some of the smallest tadpoles among hylodids. Although typically associated with lotic environments, *Crossodactylus* larvae often occupy still or semi-still waters, unlike other members of the family. Using iodine-stained micro-CT scanning, we examined six species, segmenting key jaw and oral cavity muscles (*m. geniohyoideus*, *m. interhyoideus*, *m. orbitohyoideus*, *m. levator mandibulae* group, and *m. hyoangularis*) in Avizo 2019, with further analysis in R. Volume data were log-transformed and analyzed through principal component analysis, revealing a strong phylogenetic signal. This suggests a trend toward greater similarity in muscle patterns among closely related species, potentially with a morphofunctional basis. This is especially clear when comparing *Crossodactylus schmidti* and *C. caramaschii*, which differ from the other species and show a directional trend along the phylogeny. Such findings highlight the potential of larval muscle morphology to reveal key traits for the phylogenetic interpretation of the group.

Keywords: MicroCT, lotic tadpoles, morphological evolution, phylogenetic signal, morphospace.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA PLASTICIDAD MICRO-AMBIENTAL PARA CARACTERES VINCULADOS AL TAMAÑO CORPORAL EN *DROSOPHILA MELANOGASTER* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

GENETIC VARIABILITY OF MICROENVIRONMENTAL PLASTICITY FOR BODY SIZE-RELATED TRAITS IN *DROSOPHILA MELANOGASTER* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

Valeria Paula Carreira[1,2*] y Juan José Fanara[1,2]

[1] Departamento de Ecología Genética y Evolución - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales - Universidad de Buenos Aires.

[2] Instituto de Ecología Genética y Evolución - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas – Universidad de Buenos Aires.Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* <vpcarreira@ege.fcen.uba.ar>

[POSTER]

La variación fenotípica es la materia prima sobre la que puede actuar la selección natural, por lo que su análisis resulta ser fundamental para la biología evolutiva. Esta variación surge de múltiples fuentes como la variación genética, la plasticidad fenotípica, la interacción genotipo-ambiente y los factores micro-ambientales. La plasticidad micro-ambiental se manifiesta como variación entre individuos del mismo genotipo criados en un ambiente común. La inversa de la plasticidad micro-ambiental ha sido denominada de distintas maneras: robustez, homeostasis, estabilidad del desarrollo o canalización ambiental. En ese sentido, el coeficiente de variación ambiental (CVA) permite evaluar la plasticidad micro-ambiental eficazmente, ya que es un estimador de la varianza que resulta ser independiente del valor medio de la variable estudiada. *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae) constituye un modelo ideal para estudiar la plasticidad micro-ambiental, porque permite generar líneas isogénicas (i.e., homocigotas para todos los loci) y analizar muchos individuos criados en las mismas condiciones ambientales. En este trabajo, analizamos el CVA del largo del ala y el tórax (LA y LT, respectivamente) así como la distancia interocular (DI). Todas las variables fueron medidas en cada uno de los individuos estudiados, los cuales corresponden a líneas isogénicas de tres poblaciones diferentes (Carolina del Norte, EEUU; Lavalle y Uspallata, Argentina), criadas a 17 y 25°C. Se generaron entre tres y cuatro réplicas por cada combinación de población-línea-sexo-temperatura y se evaluaron al menos tres individuos de cada réplica (en total, se estudiaron 10419 individuos de 108 líneas diferentes). Nuestros resultados muestran una correlación significativa entre caracteres para el CVA y ausencia de correlación entre el CVA y la media de cada una de las variables estudiadas. Esto se observó tanto al estudiar todos los datos juntos como al analizar cada población por separado.

Al evaluar la variación de CVA, detectamos diferencias entre poblaciones y caracteres (DI mostró el mayor valor en tanto que LA exhibió el menor). Asimismo, la variación de CVA dependió de la temperatura, aunque DI fue el carácter que determinó dicho efecto como resultado de la interacción temperatura–carácter significativa. Al analizar la variación del CVA entre líneas para cada población, detectamos poca variabilidad genética para cada carácter en todas las poblaciones. En conclusión, la variación de la media de los caracteres vinculados al tamaño estudiados estaría desacoplada de su robustez, la cual dependería del carácter y la población analizada.

➤ **Palabras clave:** Variación fenotípica, interacción genotipo-ambiente, robustez, coeficiente de variación ambiental, poblaciones naturales.

FILOGENÉTICA DEL VIRUS DE LA RABIA EN CHIROPTERA DE LAS AMÉRICAS: IMPLICACIONES EVOLUTIVAS Y PARA LA VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA

PHYLOGENETICS OF RABIES VIRUS IN CHIROPTERA OF THE AMERICAS: EVOLUTIONARY AND EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE IMPLICATIONS

María Fernanda Carreño[1,2]*, Daniel M. Cisterna[2], María Guadalupe Piccirilli[2], Diego A. Caraballo[1]

[1] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina.

[2] Servicio de Neurovirosis, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud (ANLIS), "Dr. Carlos G. Malbrán", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* <mafe.carreno@gmail.com>

[POSTER]

El virus de la rabia (RABV), existen dos grandes clados ampliamente distribuidos asociados a cánidos y murciélagos. Ambos con implicaciones en salud pública, ya que pueden producir infecciones en un amplio rango de mamíferos vía spillovers. Sin embargo, solo en algunas especies el virus logra adaptarse y establecer ciclos de transmisión sostenidos. La clasificación de linajes permite una vigilancia genómica estandarizada, facilitando el monitoreo de nuevos linajes, rutas de transmisión atípicas y detección de eventos de cambio de huésped. Actualmente existe MAD DOG; un marco para la clasificación de linajes de RABV, basado en el sistema de clasificación y nomenclatura de linajes virales propuestos en Pangolin para SARS-CoV-2. En las Américas, la diversidad de especies de murciélagos y la escasa representación de secuencias de RABV dificultan la delimitación de clados y linajes emergentes asociados a estos reservorios. Se empleó un enfoque filogenético para explorar la diversidad del RABV en quirópteros americanos enmarcado en el sistema MAD DOG. Se analizaron 3,232 secuencias de RABV disponibles en GenBank, aportando cuatro nuevos genomas de Argentina. La matriz de datos (n=1,550) incluye secuencias del gen de la nucleoproteína (>500 nt) y genomas completos. Los alineamientos se realizaron con MAFFT, y los árboles filogenéticos se reconstruyeron mediante Máxima Verosimilitud en IQTREE2, utilizando selección de modelos y 1,000 réplicas de bootstrap. Los análisis revelaron seis clados monofiléticos (bootstrap ≥70), tres de los cuales cumplen con los criterios para ser designados como linajes: Bats_MYn: circula en *Myotis nigricans* (Brasil, 2005-2010), con un evento de spillover a *Nyctinomops laticaudatus*. Bats_MYsp3: distribuido en Argentina, Brasil y Uruguay (2008-2022), asociado a *Myotis* spp. y con un salto hospedador *a Eptesicus furinalis*. Bats_NYsp: endémico de Brasil, circula en *Nyctinomops laticaudatus* (1998-

2022) y muestra un cambio de hospedador a *Molossus molossus*, formando un subclado (bootstrap=84). Además, se identificaron tres clados emergentes/submuestreado (Bats_NH, Bats_MMo y Bats_DE). El 20% de las secuencias no pudieron asignarse a clados específicos, lo que sugiere una diversidad críptica de RABV en la región. Tomados en conjunto, los hallazgos revelan la existencia de linajes especie-específicos previamente no detectados por el método MAD DOG, entre ellos un salto de hospedador exitoso, así como linajes incipientes no clasificables, resaltando la necesidad de reforzar la vigilancia genómica del RABV en murciélagos. La delimitación de nuevos linajes no solo enriquece el conocimiento sobre la evolución viral, a su vez, guía estrategias de vigilancia basadas en la diversidad genética viral y los patrones de adaptación a los reservorios.

➤ **Palabras clave:** Diversidad genética, linajes, murciélagos, salto de hospedero.

EVOLUTIONARY CHANGE OF THE MITOGENOME IN CEPHALOPODS

CAMBIO EVOLUTIVO DEL MITOGENOMA EN LOS CEFALÓPODOS

Jennifer Catalán[1,2]*, Jorge Valdés[3], Christian M. Ibáñez[1], Cecilia Pardo-Gandarillas[4]

[1] One Health Institute, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
[2] Programa de Doctorado en Medicina de la Conservación, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
[3] Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
[4] Centro de Investigación en Recursos Naturales y Sustentabilidad (CIRENYS), Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Bernardo O'Higgins, Santiago, Chile.
* <jnc.moraga@gmail.com>

[ORAL]

The size and organization of mitochondrial genomes in metazoans demonstrate diverse patterns among taxa in terms of size and composition, independent of their complexity. This variation may be attributable to metabolic rate, distribution, or life history traits. The objective of this study is to evaluate the evolution of the cephalopod mitogenome concerning distribution (latitude, depth, and distribution area), and body size. A database was constructed with 81 cephalopod species, including body size, metabolism, latitude, depth, distribution area, and mitogenome. The complete mitogenome of all species was downloaded from GenBank, separated into 13 coding mitochondrial genes, and aligned. These genes were concatenated to carry out the Bayesian phylogenetic analysis. Phylogenetic regression was employed to analyze the correlations between the size and composition of the mitochondrial genome and body size and distribution. The ancestral reconstruction of cephalopods with the size and composition of the mitogenome was performed. A wide variation in the size and composition of the mitogenome was observed among the groups. Spirulida, Bathyteuthida and Oegopsida, have incorporated new elements in their mitogenome increasing in turn the size of the mitogenome (~20 kb) and depending on the order, they may be duplications or non-coding genes, while other groups that have no additional elements their size is smaller (~14 kb). A significant association was found between the size of the mitogenome, body size, depth, and distribution area. However, mitogenome composition was only related to body size and depth. Ancestral reconstruction revealed that the evolution of the mitogenome in terms of size (kb) and composition (number of genes) has occurred independently in different lineages. This could reflect adaptations to different habitats, as well as positive selection of metabolic genes. The present study demonstrates that the size of the mitogenome in cephalopods are significantly related to area of distribution.

Mitogenomic evolution is indicative of adaptive processes associated with the diversity and ecological success of this group, thereby providing novel perspectives for comparative genomic investigations.

➤ **Keywords:** Mollusca, mitochondrial genome, distribution, genes.

HIDDEN GENETIC DIVERSITY OF RUMEN PROTOZOA-ASSOCIATED METHANOGENS UNRAVELED BY A GENOMIC APPROACH

LA DIVERSIDAD GENÉTICA OCULTA DE LOS METANÓGENOS ASOCIADOS A LOS PROTOZOOS DEL RUMEN SE DESENTRAÑA MEDIANTE UN ENFOQUE GENÓMICO

Franciane Cedrola[1*], Priscila Fregulia[2], Lucas Oliveira Mello[1], Millke Jasmine Arminini Morales[1], Roberto Júnio Pedroso Dias[3], Vera Nisaka Solferini[1]

[1] Laboratório de Diversidade Genética, Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil.

[2] Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

[3] Laboratório de Protozoologia, Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação da Natureza, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

* <francedrola@gmail.com>

[ORAL]

Methanogenic archaea play a pivotal role in ruminal methane production, particularly through their symbiotic association with hydrogen-producing ciliated protozoa. This relationship facilitates the transfer of hydrogen—a key substrate for methanogenesis—enhancing methane output in the rumen. As methane is a potent greenhouse gas, this microbial interaction significantly contributes to anthropogenic greenhouse gas emissions and, consequently, to global climate change. Understanding these microbial dynamics is essential for developing effective mitigation strategies in livestock production systems. In this study, we explored the hidden diversity of methanogenic archaea associated with rumen ciliates using a genomic approach. We analyzed genomic sequence data from 33 individual ciliate morphospecies obtained in the present study and in SRA-GenBank NCBI repository. We identified 50 archaeal lineages (26 from 16S and 24 from 23S rDNA) associated with 15 ciliate species from the Entodiniomorphida and Vestibuliferida orders. Phylogenetic analyses revealed nine archaeal taxonomic groups, including representatives from order Methanomassiliicoccales, genus *Methanobrevibacter*, and other uncultured taxa, some closely related with archaea from termite guts or free-living anoxic environments. These findings suggest both ancient and recent symbiotic events with archaea microbes in ciliate evolution and highlight the underestimated archaeal diversity in ruminal ecosystems. Our results underscore the importance of considering specific protozoa–archaea associations in the development of targeted, sustainable methane mitigation strategies in livestock.

Keywords: Archaea, Ciliophora, methanogenesis, symbiosis.

ADAPTAÇÃO DO MICROBIOMA DO SOLO NO ECÓTONO MATA ATLÂNTICA–CAATINGA

ADAPTACIÓN DEL MICROBIOMA DEL SUELO EN EL ECOTONO DE LA SELVA ATLÁNTICA Y LA CAATINGA

Rômulo Celestino Souza*, Franciane Cedrola Vale, Vera Nisaka Solferini

Laboratório de Diversidade Genética; Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia; Instituto de Biologia; Universidade Estadual de Campinas; Campinas, Sao Pablo, Brazil
* <romulo.amazonia@gmail.com>

[ORAL]

Microrganismos do solo são fundamentais na regulação dos ciclos biogeoquímicos, especialmente em regiões semiáridas com altas temperaturas e precipitação limitada. O microbioma do solo, composto por arqueas, bactérias, fungos, protistas e vírus, sustenta a fertilidade e a resiliência dos ecossistemas, mediando funções como decomposição da matéria orgânica, fixação de nutrientes e simbioses com plantas. Com as mudanças climáticas previstas para alterar padrões de precipitação e aumentar temperaturas, é urgente compreender como as comunidades microbianas respondem às condições físico-químicas do solo. Apesar de sua relevância, poucos estudos investigam a influência das características físico-químicas do solo no microbioma, especialmente em ecossistemas de transição como o ecótono Mata Atlântica–Caatinga. Este ecótono, com gradientes de precipitação e vegetação, oferece uma oportunidade única para explorar como condições edáficas e sazonalidade regulam as comunidades microbianas, aspecto relevante para modelar os efeitos das mudanças climáticas globais. Este projeto avalia a diversidade, composição taxonômica, potencial funcional ao longo de um gradiente de vegetação, utilizando metagenômica shotgun, além de mensurar a biomassa microbiana. A pesquisa abrange três zonas de vegetação (Mata Atlântica, Zona de Transição e Caatinga) em duas estações (seca e chuvosa), correlacionando perfis microbiológicos com propriedades físico-químicas do solo. A primeira amostragem ocorreu no período seco (novembro de 2024), com coleta na estação chuvosa prevista para maio de 2025. Resultados preliminares das amostras secas revelaram variações significativas na estrutura físico-química e biomassa microbiana do solo. Observou-se variação nos teores de argila, areia, umidade e concentrações de nutrientes como carbono orgânico, cálcio, magnésio, potássio e amônia. Carbono e nitrogênio da biomassa microbiana também variaram significativamente entre os ambientes, sugerindo que características da paisagem influenciam a atividade microbiana. Análises multivariadas (PCA, NMDS e PERMANOVA) reforçaram essas observações. A PCA indicou que 73% da variância dos dados foi explicada pelos dois primeiros componentes, associados à textura do solo e à disponibilidade de nutrientes.

A NMDS demonstrou clara separação das comunidades microbianas conforme a vegetação, com baixo valor de stress (0,049), indicando excelente ajuste dos dados. A PERMANOVA confirmou diferenças estatisticamente significativas na composição físico-química e microbiológica do solo entre os ambientes estudados ($R^2 = 0{,}905$; $p = 0{,}001$). Esses resultados sugerem que, ao longo do gradiente Mata Atlântica–Caatinga, características edáficas e disponibilidade de água desempenham papéis cruciais na estrutura e função das comunidades microbianas do solo. A continuidade do projeto, com análise das amostras da estação chuvosa e processamento dos dados metagenômicos, proporcionará compreensão mais aprofundada dos mecanismos adaptativos das comunidades microbianas e sua contribuição para a resiliência dos ecossistemas tropicais sazonalmente secos.

➤ **Palavras-chave:** Gradiente ambiental, sazonalidade, semiárido, diversidade microbiana, potencial funcional.

➤ ¿QUÉ CONOCEMOS SOBRE LAS ADAPTACIONES GENÓMICAS DE REPTILES A DESIERTOS Y SALINAS? VACÍOS Y DESAFÍOS

WHAT DO WE KNOW ABOUT REPTILE GENOMIC ADAPTATIONS TO DESERTS AND SALT MARSHES? GAPS AND CHALLENGES

Manuel Alejandro Coba-Males[1*], Mariana Morando[2,3], Melisa Olave[1,4,5]

[1] Instituto Argentino de Investigación de Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONICET), Mendoza, Argentina.
[2] Grupo de Herpetología Patagónica (GHP), Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales (IPEEC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Puerto Madryn, Argentina.
[3] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Puerto Madryn, Argentina.
[4] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[5] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, United Kingdom.
* <mcoba@medoza-conicet.gob.ar>

[POSTER]

El aumento de la aridez en los ecosistemas terrestres debido al cambio climático ha llevado a algunos vertebrados a adaptarse a una menor disponibilidad de agua. Los reptiles han colonizado diversos hábitats en todo el planeta, sin embargo, son vulnerables en lugares donde la aridez y las altas temperaturas son predominantes, ya que son animales ectotermos, i.e. su temperatura corporal depende del ambiente en el que viven. Por esto, comprender cómo los reptiles pueden adaptarse a ambientes áridos es clave para entender el potencial evolutivo de las especies ante el cambio climático. En este estudio, a través de una revisión sistemática de literatura analizamos las adaptaciones genómicas de reptiles enfocadas en casos extremos de aridez, como desiertos y salinas. Utilizamos Google Scholar como motor de búsqueda para recopilar sistemáticamente información de trabajos académicos mediante términos clave como: “genomic adaptations”, “genetic adaptations”, “desert”, “salt pan” y el uso del operador booleano OR, se obtuvieron 347,000 resultados. El criterio de inclusión fue que las publicaciones correspondieran a los últimos quince años para obtener una perspectiva actual, lo que redujo a 35,500 trabajos. Posteriormente, se excluyeron manualmente trabajos no relacionados con el tema de estudio, descartamos todos aquellos que no abordaban las adaptaciones genómicas de vertebrados en desiertos o salinas. A pesar de que los reptiles son el taxón mejor estudiado para entender su adaptación a los sistemas desérticos, la revisión mostró que, a escala global, los estudios de adaptaciones genómicas abordados en vertebrados que habitan desiertos han estado enfocados principalmente a algunos mamíferos, como por ejemplo, roedores, camélidos, ovejas, y zorros. Ninguno de los trabajos publicados descifró información sobre la diversidad genética y ventajas adaptativas en reptiles que habitan ambientes extremos en salinas.

Estos resultados evidencian una falta crítica de estudios sobre adaptaciones genómicas en reptiles de ambientes extremos, en particular salinas, resaltando la necesidad urgente de investigaciones que permitan comprender su resiliencia frente al cambio climático.

➤ **Palabras clave:** Biología Evolutiva, genómica evolutiva, ambientes extremos.

DESENTRAÑANDO LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y MORFOLÓGICA DE LOS TUCO-TUCOS (RODENTIA: CTENOMYIDAE) EN EL CENTRO DE LA ARGENTINA

UNRAVELING THE GENETIC AND MORPHOLOGICAL VARIABILITY OF TUCO-TUCOS (RODENTIA: CTENOMYIDAE) IN CENTRAL ARGENTINA

Facundo Contreras[1]*, José A. Coda[1], José W. Priotto[1], Fernando J. Mapelli[2]

[1] Grupo de Investigación en Ecología Poblacional y Comportamental (GIEPCO), Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Instituto de Ciencias de la Tierra, Biodiversidad y Ambiente (ICBIA). UNRC-CONICET. Río Cuarto, Córdoba. Argentina.

[2] Grupo de Genética y Ecología para la Conservación de la Biodiversidad (GECoBi). Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia". MACN-CONICET. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

* <fcontreras@exa.unrc.edu.ar>

[ORAL]

El género de roedores subterráneos *Ctenomys* (tuco-tucos), es uno de los más diversos dentro de los mamíferos. Sin embargo, su taxonomía y sistemática dista de ser resuelta. Esta situación se debe no solo a la reciente cladogénesis que experimentó el género y a la notable similitud morfológica entre sus formas, sino también a vacíos de información. En el área de llanuras que rodean las Sierras de Córdoba se han registrado tres especies: *C. bergi*, *C. fochi*, y *C. pundti*. Además, ocupando las Sierras Grandes encontramos otras dos: *C. osvaldoreigi* se distribuye en el piso superior de las sierras y *C. heniacamiare* ocupa las laderas occidentales, constituyendo endemismos de la provincia biogeográfica de Comechingones. Sin embargo, aún quedan grandes extensiones geográficas sin explorar en la región, por lo que el número de especies podría incrementarse. En el presente estudio, relevamos nuevas áreas en y alrededor de las Sierras de Córdoba, y analizamos la variabilidad genética y morfológica de los ejemplares en relación con las especies de *Ctenomys* que habitan la región. Para ello, analizamos secuencias completas del gen del citocromo b mediante inferencia filogenética bayesiana y análisis de morfometría geométrica sobre la vista dorsal del cráneo. En cuanto a los datos moleculares, los resultados indican la presencia de un nuevo linaje en el área, hermano de *C. heniacamiare*, localizado en las laderas orientales de las Sierras Grandes. Considerando la alta divergencia genética respecto a su linaje hermano (>5%), constituiría una especie aún no descripta. Por otra parte, nuestros resultados nos permiten confirmar la presencia de otros dos linajes de *Ctenomys* en las llanuras que rodean las Sierras: *C. mendocinus* fue identificado en una localidad al noroeste, mientras que el linaje "Quijadas" (un linaje propuesto como una especie diferente pero aún no descripto como tal) está presente en varias localidades del oeste.

Por otro lado, reportamos nuevas localidades para especies ya registradas en el área que nos permitieron comprender mejor su distribución; se confirma la presencia de *C. fochi* en el noroeste y se amplía la distribución de *C. pundti* al sudoeste de las Sierras. En cuanto a los resultados morfométricos, se observa una marcada diferencia, dada por el tamaño, entre *C. osvaldoreigi* y el resto de las especies; mientras que al analizar especies de tamaño similar el enfoque morfométrico parece no resolver hipótesis taxonómicas. Nuestros hallazgos aportarían un nuevo endemismo y nos permitirían redefinir el conocimiento sobre la distribución de las especies de *Ctenomys* en el área, remarcando la importancia de seguir explorando la región central de Argentina.

➤ **Palabras clave:** *Ctenomys*, filogenética, morfometría geométrica, endemismo.

➤ POPULATION GENOMICS OF *HANCORNIA SPECIOSA* GOMES (APOCYNACEAE): DIVERSITY, STRUCTURE, AND EVOLUTIONARY IMPLICATIONS

GENÓMICA POBLACIONAL DE *HANCORNIA SPECIOSA* GOMES (APOCYNACEAE): DIVERSIDAD, ESTRUCTURA E IMPLICACIONES EVOLUTIVAS

Gabriela Corrêa Morais[1*], Ana Flávia Francisconi[1], Caroline Bertocco Garcia[1], João Victor da Silva Rabelo Araújo[2], Mariana Pires de Campos Telles[3], Gilberto Ken Iti Yokomizo[4], Renata Silva-Mann[5], Matheus Scaketti[2], Giancarlo Conde Xavier Oliveira[1], Maria Imaculada Zucchi[1,2,6*]

[1] Universidade de São Paulo, "Luiz de Queiroz" Superior College of Agriculture, Dep. of Genetics, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
[2] State University of Campinas, Institute of Biology, Campinas, São Paulo, Brazil.
[3] Federal University of Goiás, Institute of Biological Sciences, Goiânia, Goiás, Brazil.
[4] Brazilian Agricultural Research Corporation, Macapá, Amapá, Brazil.
[5] Federal University of Sergipe, Dep. of Agric. Engineering, São Cristóvão, Sergipe, Brazil.
[6] Secretariat of Agriculture and Food Supply of São Paulo State, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
* <gabrielacm@usp.com>

[POSTER]

Hancornia speciosa is a Brazilian native tree species with nutritional and pharmacological potential. Despite its importance, this valuable plant genetic resource has been facing increasing threats from real estate speculation and the expansion of agricultural frontiers into its natural habitats. This study aimed to assess the diversity and genetic structure of *H. speciosa* populations using Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) molecular markers. A total of 133 individuals from 15 locations were analyzed. Using the Genotyping-by-Sequencing technique, 11,693 SNPs were obtained. The species exhibited moderate to high genetic diversity, with observed heterozygosity slightly higher than expected heterozygosity, and inbreeding coefficients negative or close to zero in all locations. Sparse Non-negative Matrix Factorization (sNMF) indicated the presence of eight distinct genetic groups. Wright's F-statistics revealed strong genetic structure among locations (F_{ST} F_{ST} = 0.299), while the Mantel test demonstrated a significant correlation between genetic and geographic distances (r^2 r^2= 0.589, p = 0.009), evidencing isolation by distance. According to AMOVA, most of the genetic variation was found within locations, although substantial differentiation was also observed among locations. This ongoing study contributes to understanding the levels and distribution of genetic variation in *H. speciosa*. The inclusion of populations from three major Brazilian biomes with distinct environmental and evolutionary histories offers a unique opportunity to explore how geographic and ecological context influences genetic divergence and local adaptation.

The next steps will involve identifying outlier SNPs, as well as examining biogeographic and historical factors shaping the observed genetic structure. These analyses will help disentangle the relative contributions of neutral processes and selection pressures in shaping the evolutionary trajectory of this species, contributing to the delineation of genetically significant units and the development of more effective conservation strategies for this Neotropical tree.

➤ **Keywords:** Brazilian fruit tree, Cerrado biome, Genotyping-by-Sequencing, mangabeira.

CONSERVAÇÃO GENÉTICA DE *DRYADELLA ZEBRINA* (PLEUROTHALLIDINAE, ORCHIDACEAE) NA FLORESTA ATLÂNTICA

CONSERVACIÓN GENÉTICA DE *DRYADELLA ZEBRINA* (PLEUROTHALLIDINAE, ORCHIDACEAE) EN LA FLORESTA ATLÂNTICA

Izadora Moraes da Silva[1], Letícia Caroline Chaves[1]*, Anna Victoria Silvério Righetto Mauad[1], Daniela Cristina Imig[2], Viviane Silva-Pereira[1]

[1] Laboratório de Sistemática e Ecologia Molecular de Plantas, Universidade Federal do Paraná, Centro Politécnico, Curitiba, Brasil.

[2] Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Biologia Vegetal), Instituto de Biociências Unesp Rio Claro, Brasil.

* <leticia.leticiacchaves@gmail.com>

[POSTER]

A acelerada redução na cobertura vegetal da Floresta Atlântica (FA) tem provocado a fragmentação de populações vegetais, extinções locais e perda definitiva de variabilidade genética ao longo da distribuição geográfica das espécies. Para grupos ornamentais, como as orquídeas, a coleta excessiva na natureza pode reduzir o tamanho efetivo das populações, comprometendo sua capacidade de adaptação. Estudos genético-populacionais são importantes para orientar estratégias adequadas de manejo e conservação. *D. zebrina* está distribuída ao longo de toda a FA, com ocorrência predominante nas áreas de montanha da porção sul deste bioma. Esta é uma espécie epífita rara, com baixa densidade populacional, típica de interior de mata e restrita a ambientes bem conservados. Para avaliar o estado de conservação genética de suas populações naturais, determinamos o nível de variabilidade e endogamia intrapopulacional, e o efeito da distância geográfica na estrutura genética espacial regional. Obtivemos genótipos multilocos de microssatélites para 57 indivíduos distribuídos em 10 localidades, na região central de distribuição da espécie. Dos oito locos utilizados, sete foram polimórficos e revelaram de moderada a alta variabilidade genética intrapopulacional com valores médios de alelos efetivos N_e=2,21, diversidade de Shannon I=0,71 e heterozigosidade esperada H_e=0,46; alta endogamia com média entre as populações (F_{IS}=0,36); e alta partição da variabilidade genética entre as populações com valor de φ_{ST}=0,20 significativo (P<0,001). Análises bayesianas conduzidas no STRUCUTRE revelaram a ocorrência de cinco grupos homogêneos, que corresponde parcialmente à distribuição geográfica dos grupos populacionais, e corroboram a correlação positiva e significativa entre as distâncias genéticas (μNei) e geográficas obtidas na análise de Mantel (r^2=0,380; P=0,030).

Detectamos uma estrutura genética espacial significativa nas primeiras classes de distância par a par entre os indivíduos, com valor médio do coeficiente de coancestralidade na primeira classe de distância de F_{ij}=0,17, b_{log}=-0,029 (P<0,001) e Sp=0,03. Os resultados revelam uma surpreendente variabilidade genética total e intrapopulacional, considerando a raridade de ocorrência da espécie e os pequenos tamanhos populacionais, sugerindo preservação da diversidade ancestral nas populações atuais por meio de crescimento vegetativo e pouco fluxo gênico atual. As métricas utilizadas para determinar o nível de conservação genética em populações naturais podem subestimar os impactos da fragmentação e exploração, pois a reprodução sexuada responde lentamente. Os cinco diferentes grupos genéticos encontrados, cada um com parte única da diversidade da espécie, destacam a importância de sua conservação *in situ* que pode garantir capacidade mínima de adaptação a mudanças ambientais.

➤ **Palavras-chave:** Endogamia, estrutura genética espacial, microssatélites, variabilidade genética ancestral, fragmentação de habitat.

MOLECULAR EVOLUTION OF REGENERATION GENES IN SPIRALIANS

EVOLUCIÓN MOLECULAR DE LOS GENES DE REGENERACIÓN EN ESPIRALADOS

Bruno J.T. de Melo[1,2,*], Adriana S. Rizzi[2], Federico D.A. Brown[3], Sónia C.S. Andrade[2]

[1] Molecular Sciences BSc Program, Dean of Undergraduate Studies, University of Sao Paulo, Brazil.
[2] Department of Evolutionary Biology and Genetics, Biosciences Institute, University of Sao Paulo, Brazil.
[3] Department of Zoology, Biosciences Institute, University of Sao Paulo, Brazil.
* <bjtm09@usp.br>

[POSTER]

The regenerative capabilities of metazoans have become extremely diverse over the course of evolution. Within Spiralia, for instance, most annelids possess both anterior and posterior regenerative abilities, although some species have lost one or both capacities. In contrast, mollusks exhibit limited regeneration in specific body parts, while in Nemertea, all species are known to regenerate posterior structures, with a few able to regenerate anterior parts as well. Despite a few mentions in the literature regarding this regenerative diversity, little is known about the evolutionary history of regeneration in these groups, or to what extent the molecular components involved in regeneration are conserved across lineages. To gain insight into how regenerative abilities evolved and diversified among Spiralians, a set of genes known to be involved in regeneration is currently being investigated across the genomes and transcriptomes of species representing all spiralian phyla. These genes include *FABP2* (Fatty acid-binding protein 2), *FZD5* (Frizzled-5, Wnt pathway), *PIWI* (P-element induced wimpy testis), *NOS* (Nanos RNA binding domains), *HIF1α* (Hypoxia-inducible factor 1-alpha), and *DDX* (DEAD-box RNA helicases). To identify these genes, transcriptomes (120 species) and genomes (62 species) were assembled and annotated. Gene presence and sequence conservation within the proteomes were assessed using BLAST searches. Assembly quality was estimated using N50 metrics and BUSCO completeness assessments against the metazoan database. Transcriptome N50 values ranged from 487 (Gnathostomulida) to 2124 (Mesozoa). Regarding completeness, Micrognathozoa showed the highest average BUSCO score (86.25%), while Gnathostomulida had the lowest (29.7%). Most genomes were obtained from NCBI and annotated using the BRAKER pipeline. Mollusks exhibited both the highest and lowest proteome completeness, where gastropods represent the highest (85.92%) and scaphopods the lowest percentage (56.5%).

Ongoing analyses are focusing on the presence and diversity of regeneration-related genes across spiralians, aiming to shed light on the molecular basis and evolutionary trajectories of regeneration in this clade.

➤ **Keywords:** Transcriptomics, genomics, regenerative diversity, bioinformatics.

ANTHROPOGENIC ACTIONS MAY EXPAND HYBRIDIZATION AND INTROGRESSION IN *EUTERPE* PALMS FROM THE AMAZON TO THE ATLANTIC FOREST

LAS ACCIONES ANTROPOGÉNICAS PUEDEN EXPANDIR LA HIBRIDACIÓN Y LA INTROGRESIÓN DE LAS PALMAS *EUTERPE* DESDE LA AMAZONÍA HASTA LA MATA ATLÁNTICA

Ana Flávia Francisconi[1*], Matheus Scaketti[1], Jonathan André Morales-Marroquín[1], Igor Araújo Santos de Carvalho[1], Gabriela de Oliveira Fornazier[1], Maurício Humberto Vancine[2], Matheus Sartori Moro[1], João Victor Rabelo Araujo[2], Santiago Linorio Ferreira Ramos[3], Valeria Aparecida Modolo[4], Maria Teresa Gomes Lopes[5], Maria Imaculada Zucchi[1,2,6]

[1] Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
[2] Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil.
[3] Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia, Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara, Amazonas, Brazil.
[4] Centro de Pesquisa e Desenvolvimento em Horticultura, Instituto Agronômico (IAC), Campinas, São Paulo, Brazil.
[5] Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, Brazil.
[6] Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, APTA-URPD, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
* <anaf_f@hotmail.com>

[POSTER]

Palms of the genus *Euterpe* have a variety of uses and high ecological and socioeconomic importance. *Euterpe edulis* is a key species in the Brazilian Atlantic Forest, serving as food for multiple animal species. Açaí palms, such as *E. oleracea*, are essential in traditional food and medicine in the Amazon. However, growing demand for heart-of-palm and açaí pulp has led to the introduction of *E. oleracea* plantations in the Atlantic Forest. As a result, potential hybridization and introgression events between the species have been identified. We used single nucleotide polymorphism (SNP) markers to confirm these processes. Hybrid individuals often show higher genomic diversity than their parental species. SNPs help assess population structure and genetic distances, identifying hybrids and relationships among related species. Since these processes appear to be strongly influenced by anthropogenic activity, it is also essential to assess ecological niche overlap and the existence of hybrid zones. We found that *E. oleracea* × *E. edulis* hybrids have higher genomic diversity than either parental species. Genomic structure analyses revealed that hybrids are intermediate between the parents and form exclusive genetic clusters. Cluster analyses also indicated introgression at sites where *E. oleracea* was introduced.

Anthropogenic activities likely helped overcome pre-zygotic barriers, increasing gene flow potential due to overlapping flowering and fruiting periods and shared pollinators and dispersers. Niche models further indicated a high potential for *E. oleracea* to expand into the range of *E. edulis*, especially in coastal Atlantic Forest. Conservation should prioritize *E. edulis* management among traditional communities and restrict açaí cultivation to native ranges.

➤ **Keywords:** SNP markers, genomic structure, ecological niche modeling, conservation strategies.

SEÑALES DE SELECCIÓN POSITIVA EN SITIOS FUNCIONALES DE LA HORMONA DE CRECIMIENTO EN CAVIOMORFOS

SIGNALS OF POSITIVE SELECTION AT FUNCTIONAL GROWTH HORMONE SITES IN CAVIOMORPHS

Federico Garrido-de León*, Melisa E. Magallanes A., Enrique P. Lessa

Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo 1400, Uruguay.
* federico.garrido@fcien.edu.uy

[ORAL]

Los roedores Caviomorfos (suborden Hystricomorpha) constituyen el 36% de la diversidad de roedores del Nuevo Mundo y se destacan por alcanzar un gran tamaño corporal y prolongado período de gestación. La hormona de crecimiento (Gh), que regula directamente el crecimiento, podría estar involucrada en estas diferencias. En *Cavia porcellus* se ha reportado que producen la hormona y crecen normalmente, pero no responden a Gh exógena. Esta divergencia funcional podría deberse a un exceso de sustituciones no sinónimas con relación a las sinónimas (ω), un indicio de selección positiva. Utilizando datos moleculares, nuestro trabajo tiene como objetivo examinar la presencia de selección positiva en Gh de Caviomorfos. Las secuencias codificantes de *Gh* se obtuvieron de la base de datos pública *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) con una muestra total de 76 especies de roedores pertenecientes a los subórdenes Hystricomorpha, Supramyomorpha y Sciuromorpha. Fueron utilizados modelos de rama y de sitios para detectar selección positiva en el grupo focal y en los sitios codificantes de *Gh*, respectivamente. Específicamente, los modelos de rama compararon el ajuste de un modelo nulo donde todas las ramas de la filogenia poseen un único ω, con un modelo alternativo con dos ω diferenciales, uno para Caviomorfos y otro para el resto de los roedores. Los modelos de sitios fueron utilizados para evaluar la presencia de selección positiva en sitios específicos de *Gh*. Los modelos fueron comparados con una prueba de razón de verosimilitud (LTR). Se detectaron valores de ω diferentes entre Caviomorfos ($\omega = 0.22$) y el resto de los roedores ($\omega = 0.12$), con un ajuste significativo en comparación con el modelo nulo ($p = 2.9 \times 10^{-5}$). Esto indica una tasa acelerada de sustituciones no sinónimas en roedores Caviomorfos. Además, mediante un análisis *Bayes Empirical Bayes* (BEB) se identificaron 11 sitios bajo selección positiva con *Prob* ($\omega > 1$). La *Gh* cuenta con dos regiones de unión a su receptor (*Ghr*), que involucran algunos sitios presentes entre los sitios 60 y 80 (región 1) y entre los sitios 171 al 193 (región 2). Seis de los sitios con $\omega > 1$ identificados se encuentran en las regiones de unión hormona-receptor, lo cual muestra que los sitios de unión *Gh-Ghr* en caviomorfos han sido modificados por selección positiva.

Además, generalmente, los roedores tienen Isoleucina en el sitio 70, un aminoácido importante en la estabilidad del complejo de unión *Gh-Ghr*. Sin embargo, encontramos que este sitio bajo selección positiva presenta Treonina en muchas familias dentro de Caviomorfos (e.g. Octodontidae, Cavidae, Ctenomyidae). Nuestro trabajo corrobora la divergencia molecular de la *Gh* en Caviomorfos y su potencial relación con cambios adaptativos en sitios relacionados a la unión *Gh-Ghr*.

➤ **Palabras clave:** Gh, evolución molecular, Caviomorpha.

EVOLUCIÓN DE LOS RIBOSOMAS ORGANELARES EN PLANTAS HOLOPARÁSITAS

EVOLUTION OF ORGANELLAR RIBOSOMES IN HOLOPARASITIC PLANTS

Leonardo Martín Gatica-Soria[1,2]*, M. Emilia Roulet[1], E. Laura García[1,2], M. Virginia Sanchez-Puerta[1,2]

[1] IBAM, Universidad Nacional de Cuyo, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Chacras de Coria, Argentina.

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

* <leogatica1018@gmail.com>

[POSTER]

Las plantas holoparásitas han perdido la capacidad fotosintética y dependen completamente de sus plantas hospedantes. Estas plantas representan un modelo evolutivo interesante para estudiar los cambios genómicos por el estilo de vida heterotrófico y por la disminución en la presión de selección en las funciones plastídicas. En particular, los ribosomas mitocondriales y plastídicos, estructuras esenciales para la síntesis proteica en organelas, requieren una coordinación precisa entre los genomas organelares y nucleares. La coevolución cito-nuclear puede verse alterada en linajes parásitos debido a la drástica reducción de los genomas plastídicos y a la incorporación de ADN mitocondrial foráneo mediante transferencia horizontal de genes (HGT). Ante esta disrupción, podrían presentarse tres escenarios: 1) pérdida de genes nucleares nativos que codifican subunidades ribosomales dirigidas a mitocondrias o plástidos, simplificando la estructura de los ribosomas; 2) aparición de mutaciones compensatorias en genes nucleares que restablezcan la compatibilidad funcional con subunidades organelares alteradas; 3) adquisición de genes nucleares foráneos dirigidos a mitocondrias, que reemplacen o complementen funciones comprometidas. En este estudio, nos enfocamos en tres especies de plantas holoparásitas de raíz de la Familia Balanophoraceaae: *Lophophytum mirabile*, *L. pyramidale* y *Ombrophytum subterraneum*. Analizamos datos de transcriptomas a través de búsquedas tBLASTn (e-value < 0.001) utilizando como consultas genes nucleares de *Arabidopsis thaliana* relacionados con ribosomas plastídicos (44) y mitocondriales (82). Para evaluar el origen filogenético de cada gen, se generaron árboles de máxima verosimilitud con RAxML v.8.2.11. Las tasas de sustitución se estimaron con PAML 4.7, y los dominios proteicos se identificaron con HMMER v.3.2. Identificamos la mayoría de los genes nucleares mitocondriales y plastídicos presentes en *Arabidopsis* (>94%), y todos fueron de origen nativo. Los genes nucleares mitocondriales mostraron alta conservación y bajas tasas de sustitución.

Proponemos que esta baja tasa de evolución, tanto en genes mitocondriales como nucleares, favorece la compatibilidad funcional entre subunidades mitocondriales de origen foráneo y componentes nucleares nativos. En contraste, los genes nucleares plastídicos son más divergentes que los mitocondriales y presentan tasas de sustitución más elevadas, aunque conservan dominios funcionales clave. Esto sugiere que, a pesar de la reducción y divergencia del genoma plastídico, persisten ribosomas plastídicos completos y funcionales involucrados en rutas metabólicas esenciales como la biosíntesis de aminoácidos, hemo, isoprenoides y ácidos grasos.

➤ **Palabras clave:** Citonuclear, transferencia horizontal, holoparásitas, organelas.

ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO DE *SPIROPLASMA* SPP., SIMBIONTES DE *NAUPACTUS DISSIMULATOR* Y *PANTOMORUS POSTFASCIATUS* (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE)

COMPARATIVE GENOMIC ANALYSIS OF *SPIROPLASMA* SPP., SYMBIONTS OF *NAUPACTUS DISSIMULATOR* AND *PANTOMORUS POSTFASCIATUS* (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE)

Natalia E. Gomiz[1*], Pablo A. Vera[2], Lucia Fernandez Goya[1], Franco Cabrera[1], Marisa D. Farber[2], Marcela S. Rodriguero[1]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Bs. As. (IEGEBA). CABA, Argentina.

[2] INTA-CONICET. Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

* <noctiluca.neg@gmail.com>

[POSTER]

Spiroplasma es un género de bacterias helicoidales fundamentalmente asociadas a artrópodos que pertenecen a la clase Mollicutes, filo Mycoplasmatota. Son pequeñas, con genomas reducidos y sin pared celular. La mayoría son descritas como comensales, mutualistas o patógenos de insectos, mientras que algunas causan infecciones en plantas. En los insectos pueden transmitirse tanto vertical como horizontalmente. En este trabajo se reportan los primeros borradores de los genomas de dos miembros de *Spiroplasma* obtenidas de dos gorgojos de la tribu Naupactini que revisten interés agronómico, *Pantomorus postfasciatus* y *Naupactus dissimulator* (*Spiroplasma* spp.-*Pp* y *Spiroplasma* spp.-*Nd*, respectivamente). Se secuenció con la plataforma Oxford Nanopore Technologies. Se partió de tejidos de los hospedadores con máxima densidad de *Spiroplasma* spp. Las lecturas de los genomas bacterianos se obtuvieron a través de la estrategia de "*binning*", que permite separarlas en contenedores diferenciales de acuerdo a su origen. Los genomas se ensamblaron con metaFlye y se anotaron con RASTtk, seguido por un curado manual de la anotación. El cromosoma de *Spiroplasma* spp.-*Pp* tuvo una longitud de 1,35 Mb distribuidos en 29 contigs, con un 92,8 % de completitud y un 24,66 % de contenido GC, mientras que para *Spiroplasma* spp.-*Nd* fue de 1,48 Mb en 41 contigs, con un 68,1 % de completitud y un 21,99 % de contenido GC. Los resultados son consistentes con otros reportes para este género. La identidad nucleotídica promedio (ANI) entre los genomas obtenidos fue de 88,46 % mientras que se observó un 36,10 % de hibridación ADN-ADN *in silico* (dDDH), por lo que podrían ser distintas especies. La reconstrucción filogenética indicó que forman parte del clado *citri*, con valores de ANI del 91-94 % (*Spiroplasma* spp.-*Pp*) y de 87-89 % (*Spiroplasma* spp.-*Nd*) con los integrantes de dicho grupo.

Curiosamente, se han hallado secuencias de origen vegetal. Esto podría indicar un posible papel como vectores de patógenos a las plantas hospederas.

➤ **Palabras clave:** Microbiota, Bacteria, Naupactini, metagenómica, simbionte.

➤ COMPARACIÓN DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA BASADA EN MARCADORES MOLECULARES NEUTRALES Y ADAPTATIVOS EN *NELTUMA ALBA* (FABALES: FABACEAE)

COMPARISON OF THE GENETIC STRUCTURE BASED ON NEUTRAL AND ADAPTIVE MOLECULAR MARKERS IN *NELTUMA ALBA* (FABALES: FABACEAE)

María Laura González[1*], Andrea Cosacov[1], Diego López Lauenstein[2], Carmen Vega[2], Ingrid Teich[3], Cecilia Bessega[4]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET—UNC), Córdoba, Argentina.
[2] Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales. INTA, Córdoba, Argentina.
[3] University of Bern, Centre for Development and Environment (CDE), Switzerland.
[4] Dpto. Ecología, Genética y Evolución (EGE), Fac. Cs. Exactas y Naturales, UBA, IEGEBA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.
[*] <mlgonzalez@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

Los patrones genéticos de *loci* asociados a caracteres bajo selección pueden presentar marcadas diferencias entre poblaciones que habitan ambientes contrastantes, y evidenciar procesos de adaptación local. El algarrobo blanco (*Neltuma alba*) presenta una amplia distribución, con morfotipos definidos en base a la variación de caracteres foliares funcionales, que sugieren adaptación a diferentes ambientes. En este estudio se compararon los patrones genéticos de poblaciones geográficamente distantes de *N. alba* y su relación con factores climáticos, mediante microsatélites neutros (SSRs) y microsatélites posiblemente adaptativos (EST-SSRs, derivados de secuencias transcritas). Nuestros resultados revelaron una alta diversidad genética para ambos marcadores. La estructura genética varió de acuerdo con el tipo de marcador, lo que indicaría que están sujetos a distintos procesos evolutivos. El patrón de diversidad genética de los marcadores SSR está asociado con la distancia geográfica entre poblaciones. Los EST-SSRs exhibieron una estructura genética vinculada a los patrones de precipitación y al rango de temperatura diurna. Estas variables climáticas definen un gradiente este-oeste y actuarían como presiones selectivas sobre *N. alba*. Tanto la estructura genética EST-SSR como el gradiente climático, podrían estar relacionados con la variación morfológica de las hojas. Nuestros hallazgos indican que la diversidad genética de *N. alba* está influenciada por dos factores principales: el aislamiento por distancia, por el cual las poblaciones cercanas tienden a compartir mayor diversidad genética, y la adaptación local, que surge de diferentes presiones selectivas vinculadas al gradiente climático.

➤ **Palabras clave:** Adaptación local, aislamiento por distancia, microsatélites, gradiente climático, *Prosopis*.

DIVERSIDAD OCULTA Y DISCORDANCIAS MORFO-MOLECULARES EN *HYALELLA* (CRUSTACEA: AMPHIPODA) DE VEGAS DE LA PUNA ARGENTINA

HIDDEN DIVERSITY AND MORPHO-MOLECULAR DISCORDANCES IN *HYALELLA* (CRUSTACEA: AMPHIPODA) FROM THE PLAINS OF THE ARGENTINE PUNA

Águeda Verónica Isa-Miranda [1*], Marcela Peralta[1], Carolina Nieto[2]

1 Instituto de Invertebrados, Fundación Miguel Lillo, San Miguel de Tucumán, Argentina.
2 Instituto de Biodiversidad Neotropical (CONICET), Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
* <aisamiranda@lillo.org.ar>

[POSTER]

Exploramos la diversidad de especies del género *Hyalella* utilizando secuencias mitocondriales (COI) y nucleares (H3), en combinación con distintos métodos de delimitación molecular de especies (ASAP, ABGD, PTP, bPTP y GMYC), en vegas ubicadas entre los 3005 y 5141 m s.n.m. de las ecorregiones de la Puna y los Altos Andes de Argentina. En varios casos, detectamos una marcada incongruencia entre la identificación morfológica tradicional y los límites de especie definidos por los datos moleculares. Las principales incongruencias se debieron a la agrupación de especies morfológicamente distintas, como *H. oscari* y *H. fossamancinii*, en un único MOTU (unidad taxonómica operativa molecular), observación más frecuente en los análisis basados en el marcador H3, lo que sugiere que este gen tiene una resolución limitada para la delimitación de especies en este grupo. En *Hyalella kochi*, una misma morfoespecie correspondió a múltiples MOTUs, respaldando la hipótesis de que representa un complejo de especies. Un patrón similar se observó en *H. fatimae*, aunque sería necesario contar con un mayor número de individuos secuenciados para confirmarlo. En contraste, los análisis basados en COI mostraron una mayor congruencia morfo-molecular, permitiendo confirmar especies previamente descritas según la taxonomía tradicional basada en la morfología, así como identificar al menos dos MOTUs que merecen un estudio más profundo y su eventual descripción formal como especies. Este patrón de discordancia entre la evidencia morfológica y la molecular también ha sido observado por otros autores en poblaciones del Lago Titicaca y podría estar vinculado a los cambios ambientales extremos que han afectado históricamente a los sistemas acuáticos del Altiplano, como las fluctuaciones drásticas en el nivel del agua y su salinidad, que habrían favorecido una rápida diversificación morfológica y diferenciación ecológica, seguida de procesos de convergencia fenotípica entre linajes.

Además, factores como la plasticidad fenotípica, el restablecimiento de condiciones ambientales que permitieron el cruce entre linajes divergentes o la retención de polimorfismos ancestrales, podrían haber contribuido a la discordancia entre la evidencia morfológica y la genético-molecular en *Hyalella*. Aunque aún resta un trabajo taxonómico extenso, en conjunto, estos resultados destacan el valor de integrar datos moleculares para describir mejor la diversidad de *Hyalella* en ambientes de altura.

➤ **Palabras clave:** Citocromo C Oxidasa subunidad I, Histona H3, anfípodos, taxonomía integradora, Hyalellidae.

HOW DOES THE BROWN MACROALGAE *COLPOMENIA SINUOSA* RESPOND TO THE HEAT SHOCK EVENTS?

¿CÓMO RESPONDE LA MACROALGA PARDA COLPOMENIA SINUOSA A LOS EVENTOS DE CHOQUE TÉRMICO?

Celine S. S. Lopes[1*], Gustavo R. de Brito[2], Sónia C. S. Andrade[1]

[1] Universidade de São Paulo (USP), Instituto de Biociências, Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Laboratório de Diversidade Genômica - LDG, Cidade Universitária, São Paulo, Brasil.

[2] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências e Letras de Assis, Assis, São Paulo, Brasil.

* <celine.lopes@usp.br>

[ORAL]

The increase in ocean surface temperature, frequency and level of heat waves have provoked impacts in the distribution and survival of marine species and their gene expression, including the primary producers, such as brown macroalgae. However, the knowledge about how cosmopolitan algaes, which have developed strategies to deal with extensive variations, respond to the quick temperature changes is scarce. The objective of this study is to investigate how *Colpomenia sinuosa*, a species with broad distribution, responds to exposure to extreme temperatures. In this study the response of *C. sinuosa* is assessed through the RNA-Seq, physiological and distribution data. The specimens were exposed to four temperatures, 23ºC, 27ºC, 31ºC and 35ºC, during three different treatments: (1) seven days, (2) 25 hours and (3) four hours. In total, we collected physiological data for 24 specimens and transcriptome data for 15 specimens. The RNA extractions were performed from three samples of each temperature from the treatment (3). The transcriptomes were sequenced by Illumina NovaSeq. ANOVA and Kruskal-Wallis analyses were performed to verify if the different temperatures and the time of exposure affect the weight and light absorbance of the specimens. To understand the effect of extreme temperatures on the distribution of *C. sinuosa*, we performed the ecological niche modeling (ENM) via MaxEnt considering the Last Glacial Maximum, current scenario and a future scenario predicted to 2100. The gene differential expression was conducted using the DESeq2 package in R. Our results showed the temperature of 35º C ($p \leq 0.05$) compared to the other and time of exposure affected the absorbance of *C. sinuosa* ($p = 2.69e\text{-}05$). The ENM projections for the future scenario suggested distribution's change of *C. sinuosa* towards North Atlantic and loss of niche in the Brazilian Southwestern coast (AUC = 0.93). Analysis of ENM based on past scenarios for the Last Glacial Maximum resulted in a projection with few suitability areas for Central and North America and Brazilian Southwestern (AUC = 0.91). The gene differential expression analysis is being conducted.

The physiological results found in this initial analysis suggest a similar scenario proposed for different groups of algaes, including other species of brown macroalgaes. The ENM projections agree with the literature about the changes of distribution of the marine species in face of temperature increase.

➤ **Keywords:** Climate change, RNA-Seq analysis, Phaeophyceae, niche modelling, physiology.

SECUENCIACIÓN POR NANOPOROS DE *PARACOCCIDIOIDES* SP.: DESDE UN MÉTODO DE EXTRACCIÓN DE ADN A UN ENSAMBLADO *DE NOVO*

NANOPORE SEQUENCING OF *PARACOCCIDIOIDES* SP.: FROM A DNA EXTRACTION METHOD TO *DE NOVO* ASSEMBLY

Melina Noelia Lorenzini Campos[1,2*], Ariel Fernando Amadio[2,3], José Matías Irazoqui[2,3], Raúl Maximiliano Acevedo[2,4], Florencia Dinorah Rojas[1,2], Luis Hernando Corredor Sanguña[1,2], Laura Belén Formichelli[1], Raúl Horacio Lucero[1], Gustavo Emilio Giusiano[1,2]

[1] Instituto de Medicina Regional (IMR), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Resistencia, Chaco, Argentina.
[2] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[3] Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Rafaela, Santa Fe, Argentina.
[4] Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE, CONICET-UNNE), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.
* <melinalorenzini@gmail.com>

[POSTER]

La paracoccidioidomicosis es una micosis sistémica endémica de América Latina, considerada una enfermedad humana desatendida. Está causada por el género *Paracoccidioides*. A pesar de su creciente incidencia, los estudios sobre este patógeno han avanzado muy lentamente. Entre las dificultades que presenta se encuentran: baja carga fúngica en muestras clínicas, baja viabilidad en cultivo, extracción pobre de ADN y bases de datos genómicas incompletas. Se propone un método de extracción de ADN genómico de alta calidad y cantidad, eficaz para secuenciar mediante Oxford Nanopore Technology (ONT) y construir un ensamblado *de novo*. Para ello, se optimizó la extracción de ADN con cloroformo a partir de un aislamiento clínico (IMR-M-Pb 369) previa disrupción mecánica con perlas de vidrio. La secuenciación se realizó utilizando una *flowcell* FLO-MIN106D R9 y un MinION. Los datos fueron procesados con diversas herramientas bioinformáticas: Dorado, PycoQC, FitLong, Flye, Medaka, Minimap2 y Samtools. El análisis se realizó mediante BLAST+, BUSCO, genoplotR y RStudio. Para clasificar el aislamiento dentro del complejo *Paracoccidioides brasiliensis* se realizó un análisis filogenético del gen GP43. Como resultado, se obtuvo un ensamblado genómico de 28.9 Mb distribuido en 59 contigs, con N50 de 2.1 Mb, L50 de 4 y una cobertura de 25X. El genoma mitocondrial fue recuperado en un solo contig de 117 kb. Se identificó una inversión estructural de ~173 kb en el cromosoma 5 en comparación con la cepa referencia Pb18. El análisis filogenético basado en GP43 permitió clasificar el aislamiento como S1.

Este trabajo representa el primer ensamblado genómico de *Paracoccidioides sp*. obtenido mediante ONT, de tamaño similar a los publicados con *Illumina*. La detección de reordenamientos estructurales como la inversión en el cromosoma 5 resalta la utilidad de ONT en estudios genómicos.

➤ **Palabras clave:** Nanoporo, micosis, América Latina.

THE HUMAN ACCELERATED REGION 2XHAR142 DRIVES CHANGES IN *NPAS3* EXPRESSION PATTERN IN THE DEVELOPING FOREBRAIN

LA REGIÓN ACELERADA HUMANA 2XHAR142 IMPULSA CAMBIOS EN EL PATRÓN DE EXPRESIÓN DE *NPAS3* EN EL PROSENCÉFALO EN DESARROLLO

María Magariños[1,2*], Alejandro R. Cinalli[1], Marcelo Rubinstein[1,3], Lucía F. Franchini[1]

[1] INGEBI-CONICET (Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular "Dr. Héctor N. Torres"), Buenos Aires, Argentina.

[2] Programa de Doctorado, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

[3] Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

* <mmagarinos98.mm@gmail.com>

[POSTER]

Understanding the origin and evolution of the human brain is one of the biggest challenges for current science. The outstanding capabilities that distinguish the human brain are encoded in our genome and were acquired through genetic changes accumulated during the evolution of our lineage. It is hypothesized that the acquisition of new gene expression patterns related to brain development and function in the human lineage would have been critical for the evolution of our brain's exceptional cognitive abilities. Through studies of public databases of conserved non-coding sequences with evidence of accelerated evolution in the human lineage (referred to HARs by human accelerated regions), it was discovered that the genomic region occupied by the gene encoding for the neuronal PAS transcription factor (*NPAS3*) contains 14 HARs. *NPAS3* is a key gene in brain development and stands out for containing the highest number of HARs for a single gene in the entire human genome. In this work we studied 2xHAR.142, one of the NPAS3-HARs that is located in the fifth intron of *NPAS3*. In our laboratory, we generated a genetically modified mouse, through the use of the *CRISPR/Cas9* technique, replacing the mouse original sequence by the homolog human sequence of 2xHAR.142. Using quantitative RT-PCR we studied whether this change could induce changes in *Npas3* expression. We observed at both analyzed embryonic ages, E12.5 and E14.5, a downward trend in *Npas3* expression in transgenic mice, although this change was not statistically significant. On the other hand, with in situ hybridization assays we saw an alteration of the spatial expression pattern of *Npas3* in both stages (E12.5 and E14.5) and tissues analyzed (*forebrain* and *hindbrain*).

Our results suggest that the humanization of the 2xHAR.142 transcriptional enhancer had an impact on *Npas3* expression pattern in the developing brain.

➤ **Keywords:** Brain, HARs, CRISPR/Cas9, mice.

ESTRUCTURACIÓN GENÓMICA DEL CHILE *CAPSICUM ANNUUM* (SOLANALES: SOLANACEAE) A LO LARGO DEL GRADIENTE DE DOMESTICACIÓN EN SU CENTRO DE ORIGEN

GENOMIC STRUCTURING OF THE CHILI PEPPER *CAPSICUM ANNUUM* (SOLANALES: SOLANACEAE) ALONG THE DOMESTICATION GRADIENT IN ITS CENTER OF ORIGIN

Natalia E. Martínez-Ainsworth[1*], Hannah Scheppler[2], Ana Laura Pérez-Martínez[1], Ximena Gutiérrez-Vasques[1], Alejandra Moreno-Letelier[3], Alejandra Vázquez-Lobo[4], Luis E. Eguiarte[5], Michael Kantar[6], Kristin Mercer[2], Lev Jardón-Barbolla[1]

[1] Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y Humanidades, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.
[2] Department of Horticulture and Crop Science, Ohio State University, Columbus, USA
[3] Jardín Botánico del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México.
[4] Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Morelos, México.
[5] Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental, Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México.
[6] Department of Tropical Plant and Soil Sciences, University of Hawai'i, Honolulu, Hawaii, USA.
* <nataliaelenamartinez@gmail.com>

[POSTER]

El chile, *Capsicum annuum* (Solanales: Solanaceae), es un excelente modelo para estudiar la evolución por domesticación, particularmente porque aún existen poblaciones silvestres y con diferentes grados de domesticación a lo largo de México, donde fue domesticado. En este trabajo nos preguntamos ¿qué diferencias existen entre las categorías de domesticación respecto de la influencia geográfica, ambiental y cultural sobre su estructuración genética? Para ello hemos muestreado, a escala nacional, >30 poblaciones silvestres (8 variedades), >30 poblaciones semi-silvestres (21 variedades) y >70 poblaciones domesticadas (56 variedades locales). Abarcamos diversos ambientes, zonas culturales y prácticas agrícolas. Generamos datos genómicos de representación reducida (GBS) para 386 muestras y obtuvimos 183,800 marcadores SNPs informativos. Análisis de componentes principales sugieren algunos agrupamientos por categoría de domesticación y provincia biogeográfica. En congruencia con modelos de nicho ecológico y el proceso mismo de domesticación, la amplitud de la variación genética muestra mayor cohesión para variedades domesticadas locales. Aunque la estructuración genética bayesiana reveló patrones geográficos para las diferentes categorías de domesticación, encontramos poca evidencia de que dicha estructuración esté ambientalmente determinada.

Finalmente, para cada categoría de domesticación, evaluamos la representatividad de grupos genéticos dentro de regiones cuya idoneidad ambiental se proyecta vulnerada bajo escenarios de cambio climático futuro.

➤ **Palabras clave:** Genómica de poblaciones, coeficientes de ancestría, regresión múltiple de matrices, modelo de nicho ecológico.

DE GENÓMICA A DOMESTICACIÓN: REVELANDO LA HISTORIA BIOCULTURAL DE *ACROCOMIA ACULEATA* (ARECALES: ARECACEAE)

FROM GENOMICS TO DOMESTICATION: REVEALING THE BIOCULTURAL HISTORY OF *ACROCOMIA ACULEATA* (ARECALES: ARECACEAE)

Eduardo Antonio Monge-Castro[1*], Jonathan Morales-Marroquín[2], Brenda Gabriela Díaz-Hernández[3], Suelen Alves Vianna[4], Ana Flávia Francisconi[1], Caroline Bertocco Garcia[1], Matheus Scaketti[2], Flaviane Malaquias Costa[1], Alessandro Alves-Pereira[1], Carlos Augusto Colombo[3], Maria Imaculada Zucchi[1,2,5]

[1] Departamento de Genética, Escuela Superior de Agricultura "Luiz de Quiroz", Univerdad de São Paulo, Brasil.

[2] Departamento de Genética y Biología Molecular, Instituto de Biología, Universidad de Campinas, São Paulo, Brasil.

[3] Centro de Investigación y Desarrollo de Recursos Genéticos Vegetales, Instituto Agronómico (IAC), Campinas, São Paulo, Brasil.

[4] Departamento de Investigación e Innovación, División de Mejoramiento Vegetal, Acelen Energía Renovable, São Paulo, Brasil.

[5] Agencia Paulista de Tecnología Agropecuaria, Unidad Centro-Sur (APTA), Piracicaba, São Paulo, Brasil.

* <eduardo.mongee@gmail.com>

[ORAL]

Acrocomia aculeata es una palmera neotropical distribuida desde el sur de México hasta el norte de Argentina. En los últimos años ha cobrado relevancia por su potencial como cultivo de usos múltiples en la industria alimentaria, farmacéutica y, especialmente, en la producción sostenible de biocombustibles. Su presencia en ecosistemas degradados y con déficit hídrico la posiciona como una especie clave para programas de restauración ecológica. Sin embargo, su historia evolutiva y trayectorias de domesticación siguen poco exploradas. En este estudio, analizamos la estructura genética, señales de selección y el uso histórico de la especie por parte de pueblos originarios de América Latina. A partir del genotipado por secuenciación (ddGBS) de 85 individuos de *A. aculeata* y 11 de *A. totai* provenientes de nueve países, identificamos nueve grupos genéticos altamente estructurados y con bajo flujo génico, agrupados en dos linajes principales: América Central y América del Sur. Los modelos de nicho ecológico en el pasado y las métricas de diversidad genética reflejan que las barreras biogeográficas, el aislamiento y las dinámicas paleoclimáticas moldearon estos linajes. También identificamos SNPs bajo selección con patrones funcionales y regionales distintos, que sugieren adaptaciones locales y posibles señales de uso humano.

En América Central se destacaron genes asociados a resistencia a enfermedades, fenotipos enanos y desarrollo de frutos; en América del Sur, genes relacionados con metabolismo lipídico y regulación transcripcional. La integración de datos arqueobotánicos y etnográficos revela un uso continuo de la especie desde hace 13.000 años, demostrando cómo las interacciones humanas han contribuido con la evolución reciente de la especie. Este trabajo aporta una visión integral de la evolución y el manejo de *A. aculeata*, subrayando la necesidad de incluir a las comunidades tradicionales en las estrategias de conservación y mejoramiento genético bajo un enfoque de transición energética justa.

➤ **Palabras clave:** SNP, genómica poblacional, arqueobotánica, GBS.

EXPLORANDO LOS CAMBIOS GENÓMICOS Y LOS MECANISMOS DE ESPECIACIÓN BAJO DIFERENTES ESCENARIOS DEMOGRÁFICOS EN PINGÜINOS DEL OCÉANO AUSTRAL

EXPLORING GENOMIC CHANGES AND SPECIATION MECHANISMS UNDER DIFFERENT DEMOGRAPHIC SCENARIOS IN SOUTHERN OCEAN PENGUINS

Daly Noll[1,2,3*], Julián F. Quintero-Galvis[4], Alex Di Genova[5,6,7], Miguel Allende[1,2], Juliana A. Vianna[2,3,8]

[1] Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.
[2] Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma. Chile
[3] Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos. Chile.
[4] Departamento de Ciencias, Facultad de Artes Liberales, Universidad Adolfo Ibáñez, Santiago, Chile.
[5] Computational Biology Laboratory (CBL), Instituto de Ciencias de la Ingeniería, Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
[6] Centro UOH de Bioingeniería (CUBI), Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
[7] Centro de Modelamiento Matemático UMI-CNRS 2807, Santiago, Chile.
[8] Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Biodiversidad Molecular, Santiago, Chile.
* <dalynoll@gmail.com>

[ORAL]

La especiación en ambientes extremos puede estar impulsada por una interacción compleja entre aislamiento geográfico, historia demográfica y cambios en la arquitectura genómica, lo que puede llevar a altos niveles de divergencia genética incluso en linajes con pocas generaciones de separación. En este estudio preliminar, se investigó cómo distintos escenarios demográficos, incluyendo cuellos de botella severos, expansión reciente, migración ancestral y aislamiento prolongado, han contribuido a la divergencia y especiación de los pingüinos papúa (*Pygoscelis spp.*) distribuidos ampliamente alrededor del Océano Austral. Como primer paso, se secuenció un genoma de referencia usando tecnología de lectura larga (ONT). Posteriormente, a partir de datos de resecuenciación de genomas a nivel poblacional, se realizaron simulaciones basadas en modelos coalescentes para caracterizar la historia evolutiva de cuatro especies crípticas altamente diferenciadas. En paralelo, se exploró el posible rol de las variantes estructurales (SVs) como mecanismos que podrían reforzar el aislamiento reproductivo, modular la arquitectura genómica y facilitar la especiación. Nuestros resultados iniciales sugieren que las diferencias en los contextos demográficos entre especies han dejado huellas genómicas detectables, y que ciertas SVs podrían estar involucradas en regiones de alta diferenciación.

Este trabajo forma parte de un esfuerzo integrativo por comprender los procesos microevolutivos que impulsan la formación de nuevas especies en organismos marinos de amplia distribución antártica y subantártica.

➤ **Palabras clave:** Divergencia genética, aislamiento geográfico, historia evolutiva, frentes oceánicos, variantes estructurales.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN DOS ESPECIES DEL GÉNERO *HIPPODAMIA* (COLEOPTERA: COCCINELLIDAE)

DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE IN TWO SPECIES OF THE GENUS *HIPPODAMIA* (COLEOPTERA: COCCINELLIDAE)

María Florencia Nuñez Sada[1,2*], Ramiro Rubén Ripa[3], Walter Lapadula[1,2], Victoria Werenkraut[3]

[1] Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas de San Luis (IMIBIO-SL, CONICET-UNSL). San Luis, Argentina.

[2] Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina.

[3] Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente, Universidad Nacional del Comahue - CONICET, San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina.

* <florr.nunez@gmail.com>

[POSTER]

Las especies exóticas que logran establecerse como invasoras atraviesan filtros ecológicos y evolutivos que modifican su acervo genético en tiempos relativamente cortos. El estudio de su diversidad genética permite comprender procesos contemporáneos de adaptación, diferenciación y expansión. Dentro de este contexto, los coccinélidos (Coccinellidae) representan un grupo modelo por su importancia ecológica y económica, así como por su historial de introducciones intencionales y accidentales a nivel mundial. En este trabajo se analizó la diversidad y divergencia genética de *Hippodamia convergens* y *Hippodamia variegata*, dos especies de coccinélidos exóticos en Argentina, ampliamente distribuidas a escala global. Para ello, se utilizaron secuencias del gen citocromo oxidasa I (COI), obtenidas de bases de datos públicas (Bold Systems y NCBI) y complementadas con registros propios de poblaciones argentinas obtenidos en el marco del Proyecto Vaquitas (www.proyectovaquitas.com.ar). Las secuencias fueron depuradas, alineadas y analizadas para estimar parámetros de diversidad genética y diferenciación poblacional. Ambas especies mostraron diversidad genética moderada, aunque con diferencias relevantes. *H. convergens*, restringida al continente americano, exhibió una diversidad haplotípica superior y evidencias de estructuración genética entre poblaciones sudamericanas. *H. variegata*, con distribución intercontinental, presentó un patrón más homogéneo de diversidad genética, posiblemente como consecuencia de múltiples eventos de introducción y alta conectividad poblacional. Estas diferencias en diversidad y estructura genética podrían estar asociadas a las historias de dispersión, los orígenes y los manejos de cada especie. El análisis conjunto de la diversidad genética y la distribución geográfica aporta información clave para comprender los factores que facilitan el éxito en el establecimiento en distintos contextos biogeográficos.

Por otro lado, los resultados obtenidos aportan información relevante sobre la variabilidad de estas especies en Argentina.

➤ **Palabras clave:** Invasión biológica, adaptación, diferenciación poblacional, expansión geográfica, Citocromo oxidasa I.

➤ ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS EM ARANEAE

ELEMENTOS TRANSPONIBLES EN ARANEAE

Phietra de Paula Oliveira[1]*, Franciane Cedrola[1],
Lucas Eduardo Costa Canesin[2], Vera Nisaka Solferini[1]

[1] Laboratório de Diversidade Genética, Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil.

[2] Senckenberg Research Institute and Nature Museum, Frankfurt am Main, Hesse, Germany.

* <p243294@dac.unicamp.br>

[POSTER]

O tamanho do genoma de Araneae é muito variável e estudos prévios indicam que esta variação está relacionada a diferenças na representação e número de Elementos Transponíveis (ETs). Neste trabalho, buscamos caracterizar os ETs em algumas espécies de Araneae e ampliar o banco de dados para grupo, a fim de possibilitar futuros estudos sobre o papel funcional desses elementos repetitivos. O estudo caracterizou a composição de ETs de 8 espécies de Araneae: *Argiope bruennichi*, *Trichonephila clavipes*, *Parasteatoda tepidariorum*, *Uloborus diversus*, *Stegodyphus dumicola*, *Nephila pilipes*, *Trichonephila clavata*, *Trichonephila inaurata madagascariensis*. Foi utilizado o pipeline de anotação de ETs EarlGrey, totalmente automatizado e que combina bibliotecas já disponíveis de ETs com a anotação de novo. O processo de caracterização consiste em identificar as sequências, classificar a nível de família, quantificar a porcentagem de ETs no genoma (tanto total quanto a nível de família) e localizar os ETs nos genomas sequenciados a nível cromossômico. A análise de componentes identificou 1961 famílias de ETs em Argiope bruennichi, e 2949 famílias em Parasteatoda tepidariorum, sendo que mais de 50% das sequências repetitivas encontradas são desconhecidas. Além disso, o conteúdo repetitivo dos genomas de *Argiope bruennichi* e *Parasteatoda tepidariorum* corresponde a cerca de 40% do genoma, enquanto em *Trichonephila clavipes* a correspondência encontrada foi de cerca de 60% do genoma, sendo que nos 3 casos a mais da metade dessas sequências não é conhecida. Estes resultados contribuem para o entendimento dos processos associados à evolução dos genomas de aracnídeos.

➤ **Palavras-chave:** DNA repetitivo, genoma, transcriptoma.

¿EL NÚMERO DE DIENTES EN EL OVIPOSITOR AFECTA LA CAPACIDAD DE PENETRAR FRUTAS EN *DROSOPHILA SUZUKII*?

DOES THE NUMBER OF TEETH ON THE OVIPOSITOR AFFECT THE ABILITY TO PENETRATE FRUIT IN *DROSOPHILA SUZUKII*?

Madelein Sara Micaela Ortiz[1]*, Esteban Hasson[1], Juan Hurtado[2]

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

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

* <masamiortiz@gmail.com>

[ORAL]

Drosophila suzukii es una especie endémica del sudeste asiático que ha invadido Europa y América, donde se ha convertido en una plaga para la industria de frutas finas, afectando cultivos como cerezas, frutillas, frambuesas y arándanos. Una innovación evolutiva que distingue a *D. suzukii* es su ovipositor. El mismo se caracteriza por dientes fuertemente esclerosados y alineados a lo largo de los márgenes distales de las placas que conforman el órgano. Esta disposición de dientes permite a las hembras perforar la piel de ciertas frutas y depositar sus huevos en su interior, facilitando la oviposición y, en consecuencia, reduciendo el valor agrícola de los mismos. Sin embargo, las características específicas del ovipositor que otorgan la capacidad de penetrar la fruta aún están poco comprendidas. Para abordar esta cuestión, investigamos la variación en el número de dientes laterales modificados (DLM) y evaluamos si esta característica afecta la capacidad de penetrar la piel de los arándanos durante la oviposición. En primer lugar, caracterizamos la variación en el número de DLM en diferentes líneas provenientes de tres poblaciones y en individuos criados a distintas temperaturas (17 y 25 °C). Luego, estimamos la heredabilidad de este rasgo utilizando un protocolo de medios hermanos. Posteriormente, llevamos a cabo experimentos de selección artificial con el objetivo de aumentar o disminuir el número de DLM. Por último, evaluamos la relación entre el número de DLM y la capacidad de perforar la piel de la fruta mediante ensayos de oviposición, utilizando hembras con diferente número de DLM provenientes de tres fuentes: (1) líneas de diferentes poblaciones, (2) moscas criadas a diferentes temperaturas y (3) líneas sometidas a selección artificial. Nuestros resultados muestran una variación conspicua a nivel intrapoblacional, con una proporción sustancial del componente genético aditivo. Además, logramos incrementar y disminuir el número de DLM en los experimentos de selección, confirmando que este rasgo puede evolucionar bajo presión selectiva. Finalmente, los ensayos de oviposición evidenciaron que las hembras con mayor número de DLM producen más perforaciones en los arándanos.

En general, estos resultados sugieren que los DLM juegan un papel clave en la capacidad de perforar la piel de las frutas durante la oviposición y la cantidad sustancial de varianza genética aditiva indica que el número de DLM puede evolucionar. Destacamos la importancia de futuros estudios para arrojar luz sobre las sutilezas de la arquitectura genética de este rasgo.

➤ **Palabras clave:** Evolución adaptativa, plasticidad fenotípica, invasión biológica, éxito reproductivo, adaptaciones morfológicas.

➤ DE NOVO SEQUENCING AND ASSEMBLY OF THE MEXICAN DUCK (*ANAS DIAZI*) GENOME COULD REVEAL CLUES ABOUT NERVOUS SYSTEM REGULATION AND BEHAVIOR

LA SECUENCIACIÓN DE NOVO Y EL ENSAMBLAJE DEL GENOMA DEL PATO MEXICANO (*ANAS DIAZI*) PODRÍAN REVELAR PISTAS SOBRE LA REGULACIÓN DEL SISTEMA NERVIOSO Y EL COMPORTAMIENTO

Patricia Padilla-Aguilar[1], David Colón Quezada[2], Esteban Elías Escobar-Hernández[3,4], María Guadalupe Bravo Vinaja[1], Marco Tulio Solano De la Cruz[4*]

[1] Postgrado en Ganadería. Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Texcoco de Mora, Estado de México.
[2] Dirección del APFF Ciénegas del Lerma, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas. San Felipe Tlalmimilolpan, Toluca de Lerdo, Estado de México.
[3] Unidad de Genómica Avanzada, Langebio, Cinvestav, Km 9.6 Libramiento Norte Carretera León, Irapuato, Guanajuato, México.
[4] Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México.
* <msolanodelacruz@iecologia.unam.mx>

[POSTER]

The Mexican Duck (*Anas diazi*) is the only endemic duck in Mexico, considered under threat in Mexico, in addition to being the only resident duck that is distributed in the interior wetlands of the Mexican Altiplano. The taxonomic status of *A. diazi* has always been controversial and confusing, one of the best known and most used theories considers this bird a subspecies of *Anas platyrhynchos*, because the female of this species is morphologically similar to that of the Mexican Duck. In 2020, according to Supplement 61 of the American Ornithological Society, *A. diazi* is recognized as a new species. This species is perhaps the least studied of the Holarctic ducks, which is why the objective of this research was to sequence the genome of *A. diazi* for the first time. In the present work we obtained the genome of *A. diazi* and assembled it using a de novo strategy for long reads. We obtained a length of 1.06 Mb, compared to the 1.3 Mb of the *A. platyrhynchos* genome. The assembled genome was annotated with respect to the *Gallus gallus domesticus* genome. We identified 20 genes involved in the development of the nervous system, behavior, and conduct, which are therefore conserved in aquatic birds, which could provide key information for the study of the evolution of the nervous system, behavior, and conduct in vertebrates.

➤ **Keywords:** *Anas diazi*, genome, de novo assembly, nervous system, gene identification.

SEÑALES GENÓMICAS DE DOMESTICACIÓN INCIPIENTE EN LA MACROALGA ROJA *GRACILARIA CHILENSIS* (GRACILARIALES: GRACILARIACEAE)

GENOMIC SIGNALS OF INCIPIENT DOMESTICATION IN THE RED MACROALGA *GRACILARIA CHILENSIS* (GRACILARIALES: GRACILARIACEAE)

Cristian Ríos Molina*[1,2], Sylvain Faugeron[1,3], Marie-Laure Guillemin[1,4]

[1] Núcleo Milenio MASH, Valdivia, Puerto Montt y Santiago, Chile.
[2] Doctorado en Biología Marina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[3] Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
[4] Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
* <cristian.riosmol@gmail.com>

[ORAL]

La domesticación representa una de las influencias antropogénicas más profundas sobre la evolución biológica, alterando la arquitectura genómica de los organismos para potenciar su utilidad. En las macroalgas, este es un fenómeno esencialmente moderno, emergiendo con el escalamiento de la acuicultura durante el último siglo. Características distintivas, como el ciclo de vida haplodiplonte y un medio tridimensional dinámico y poco controlable, hacen de la domesticación de las macroalgas un proceso evolutivo único. *Gracilaria chilensis* (Gracilariales: Gracilariaceae) es un caso interesante para investigar la domesticación de las macroalgas. Su cultivo, establecido en Chile tras su sobreexplotación en la década de 1980, se ha basado en la propagación vegetativa de tetrasporofitos sobre sustratos blandos, alterando su nicho ecológico, ciclo reproductivo y diversidad genética. En este marco, utilizando el genoma de referencia de *G. chilensis*, analizamos 6364 SNPs (ddRADseq) compartidos entre nueve poblaciones cultivadas y seis silvestres (N = 303) para investigar (i) la selección asociada a la domesticación, (ii) el impacto de la clonalidad sobre la diversidad genética y (iii) la estructura y conectividad metapoblacional. Se identificaron 264 SNPs fuertemente diferenciados entre tipos de población (F_{ST} *outliers*, $q < 0.01$), asociados a 64 genes. Para estos genes, el análisis de enriquecimiento funcional mostró que se asocian a procesos como replicación y reparación del ADN, movilización de proteínas y nutrientes y actividad enzimática (e.g., quinasas), lo que es congruente con rasgos favorables para el cultivo como crecimiento rápido, acumulación de biomasa, eficiencia metabólica y resiliencia al estrés. El PCA de los SNPs bajo selección evidencia la divergencia temprana entre poblaciones cultivadas y silvestres. En contraste, la estructura genética neutral se relaciona con la geografía, donde la superposición entre poblaciones cercanas evidencia flujo génico. Por último, los cultivos muestran una elevada clonalidad vinculada a una mayor heterocigosidad.

Concluimos que *G. chilensis* presenta señales genómicas claras de domesticación incipiente, en donde la selección al ambiente de cultivo y la propagación clonal promueven la divergencia adaptativa y moldean su diversidad genética, posicionándose como especie modelo para el estudio de la domesticación en ambientes marinos.

➤ **Palabras clave:** Rhodophyta, selección antropogénica, enriquecimiento funcional.

BASES GENÓMICAS Y FENOTÍPICAS DE LA EVOLUCIÓN DEL SISTEMA OLFATIVO EN LA RADIACIÓN ADAPTATIVA DE LOS PRIMATES PLATIRRINOS

GENOMIC AND PHENOTYPIC BASES OF THE EVOLUTION OF THE OLFACTORY SYSTEM IN THE ADAPTIVE RADIATION OF PLATYRRHINE PRIMATES

J. Blumina Romero[1*], S. Ivan Perez[2], Leandro Aristide[1]

[1] ENyS, CONICET. Florencio Varela, Argentina.
[2] Museo Histórico y Arqueológico "Ricardo Pascual Rosa", Senillosa, Neuquén. Argentina.
* <blumina.r@gmail.com>

[ORAL]

Los monos del Nuevo Mundo (Platyrrhini) son un clado diverso que atravesó una radiación adaptativa, dando origen a una gran variedad de formas adaptadas a distintos nichos ecológicos. La evolución de este grupo puede ser pensada como un proceso multidimensional y complejo influenciado por múltiples presiones selectivas interrelacionadas. Si bien muchas de estas dimensiones han sido estudiadas, la evolución de sus sistemas sensoriales permanece poco analizada. Los sistemas sensoriales constituyen una interfaz fundamental, ya que determinan cómo los individuos perciben la naturaleza e interactúan con su ambiente. En este trabajo nos centramos en el sistema olfativo, clave para la alimentación, la socialización y la reproducción, abordando su estudio desde una perspectiva eco-feno-genómica. Nuestro objetivo es identificar patrones de evolución coordinada entre las estructuras morfológicas, el repertorio génico y los modos de vida para entender cómo se ha moldeado el sistema olfativo de los platirrinos a lo largo de su historia evolutiva. Para este fin, combinamos datos morfológicos, genómicos y ecológicos de 35 especies. A partir de tomografías computadas creamos modelos 3D de alta resolución para dos individuos de sexos opuestos de cada especie, medimos superficies y volúmenes de estructuras vinculadas a la olfacción (huesos turbinales, placa cribiforme y bulbo olfatorio). Empleando un genoma completo de cada especie, caracterizamos el repertorio genético de receptores olfativos (ORs) implementando una *pipeline* basada en la herramienta bioinformática BITACORA y scripts propios, y estimamos su diversidad funcional mediante árboles filogenéticos con IQ-TREE. A su vez, para estudiar potenciales factores selectivos asociados a la ecología, recopilamos de la literatura datos de variables relacionadas con la dieta, organización social, uso del hábitat y patrones de actividad. Finalmente, integramos esta información mediante modelos filogenéticos y otros métodos genómicos y comparativos. Nuestros resultados mostraron que existe una clara pero compleja relación entre las variables fenotípicas y genómicas consideradas.

Por ejemplo, encontramos una relación evolutiva positiva entre el área absoluta de la placa cribiforme y el número de ORs funcionales, mientras que, al mismo tiempo, éste está asociado con el tamaño relativo de los turbinales olfativos. A su vez, estas asociaciones resultaron estar influenciadas por las características ecológicas de las especies (e.g. dieta y patrón de actividad). Estos resultados resaltan la complejidad del sistema y la necesidad de abordar su estudio desde una perspectiva integral. Este trabajo sienta las bases para una exploración más profunda de la relación genotipo-fenotipo durante la evolución del sistema olfativo de los platirrinos.

➤ **Palabras clave:** Macroevolución, filogenómica, fenómica, diversificación, receptores.

EVOLUCIÓN DE LAS OPSINAS PINEALES EN LAGARTOS Y TUÁTARAS Y DESCUBRIMIENTO DE UN NUEVO GEN FOTORRECEPTOR EN VERTEBRADOS: LA LEPIDOPSINA

EVOLUTION OF PINEAL OPSINS IN LIZARDS AND THE TUATARA AND DISCOVERY OF A NEW PHOTORECEPTOR GENE IN VERTEBRATES: LEPIDOPSIN

Ricardo Romero[1,2], Flavio S J de Souza[1,2*]

[1] Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

[2] Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBYNE-UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.

* <fsouza.ingebi@gmail.com>

[ORAL]

Many lizards (Squamata), as well as the tuatara (Rhynchocephalia), are distinguished among vertebrate groups for the presence of the parietal eye, or "third eye", a structure derived from the pineal complex containing a simplified retina with photoreceptor cells. The parietal eye expresses nonvisual opsins that differ from the visual opsin repertoire of the lateral eyes. These are pinopsin (OPNP), parapinopsin (OPNPP), and parietopsin (OPNPT), all being evolutionary close to visual opsins. Here, we searched over 60 lepidosaurian genomes for pineal nonvisual opsins to check for the evolutionary trajectory of these genes in reptiles. Unexpectedly, we identified a novel opsin gene, which we termed "lepidopsin" (OPNLEP), that is present solely in the genomes of the tuatara and most lizard groups but absent from other vertebrates. Remnants of the gene are found in the coelacanth and some ray-finned fishes, implying that OPNLEP is an ancient opsin that has been repeatedly lost during vertebrate evolution. We found that the tuatara and most lizards of the Iguania, Anguimorpha, Scincoidea, and Lacertidae clades, which possess a parietal eye, harbour all pineal opsin genes. Lizards missing the parietal eye, like geckos, teiids, and a fossorial amphisbaenian, lack most or all pineal nonvisual opsins. In summary, our survey of pineal nonvisual opsins reveals (i) the persistence of a previously unknown ancient opsin gene –OPNLEP- in lepidosaurians; (ii) losses of nonvisual opsins in specific lizard clades; and (iii) a correlation between the presence of a parietal eye and the genomic repertoire of pineal nonvisual opsins.

Keywords: Reptiles, retina, epiphysis, Lepidosauria, phylogeny.

TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE GENES MEDIADA POR CÍRCULOS: UN MODELO PARA LA EVOLUCIÓN DE LAS MITOCONDRIAS EN PLANTAS

CIRCLE-MEDIATED HORIZONTAL GENE TRANSFER: A MODEL FOR MITOCHONDRIA EVOLUTION IN PLANTS

M. Emilia Roulet[1*], Leonardo Gatica-Soria[1,2], Laura E. García[1,2], M. Virginia Sanchez-Puerta[1,2]

[1] IBAM, Universidad Nacional de Cuyo, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Chacras de Coria, Mendoza, Argentina.

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

* <mroulet@fca.uncu.edu.ar>

[POSTER]

Horizontal gene transfer (HGT), the movement of genetic material between different species, is a well-established evolutionary force in prokaryotes. Likewise, its significance in eukaryotic genome evolution, particularly in plants, is becoming increasingly evident. Over the past two decades, most reported cases of HGT in plants have involved transfers of nuclear and mitochondrial sequences from diverse donors. However, the mechanisms underlying the integration, persistence, and functional impact of foreign genes remain poorly understood. Parasitic plants, due to their intimate physical connections with their hosts, represent a powerful system to investigate recurrent and large-scale HGT events. Here, we present the "circle-mediated HGT" model, a novel mechanism explaining how foreign DNA may be acquired and maintained into recipient plant mitochondrial genomes (mtDNA). Our model proposes that specific foreign DNA fragments circularize via microhomology-mediated repair mechanisms. These autonomous circular chromosomes replicate independently within the mitochondria, offering stability against degradation. Over time, these plasmid-like molecules, many of which carry no genes, likely evolve under genetic drift. Alternatively, they recombine with native chromosomes. When foreign genes are present, homologous recombination with native homolog may lead to gene replacement or the formation of chimeric genes that are maintained by natural selection. Mitochondrial genomes of diverse parasitic plants with high levels of HGT provide support for this model. In *Lophophytum mirabile* and *L. pyramidale* (Santalales: Balanophoraceae), we identified numerous foreign circular mitochondrial chromosomes derived from legume hosts, many of which are non-coding and variably present across *L. mirabile* individuals. Similarly, in the sister genus *Ombrophytum*, circular chromosomes derived from Asteraceae host highlight the occurrence of this mechanism in holoparasitic lineages.

This model was also evidenced in the mtDNA of the endoparasite *Mitrastemon yamamotoi* (Ericales: Mitrastemonaceae) which contains non-coding foreign chromosomes derived from Fagales hosts. The origin of circular chromosomes via HGT is an unprecedented phenomenon. While this model does not fully account for the origin of multichromosomal mitochondrial genomes across all plants, it highlights a significant evolutionary force driving genomic plasticity and diversification in species exposed to frequent HGT. Although most evident in parasitic plants, this mechanism could also play a crucial role in other plant lineages, such as *Amborella*, suggesting that this model is a more widespread process than previously thought, with profound implications for mitochondrial genome evolution.

➤ **Keywords:** Holoparasites, HGT, mtDNA, multichromosomal, MMBIR.

COMUNIDAD DE HONGOS LEVADURIFORMES ASOCIADA AL CUERPO GRASO DE *MEGAMELUS SCUTELLARIS* (HEMIPTERA: DELPHACIDAE)

YEAST-LIKE FUNGAL COMMUNITY ASSOCIATED WITH THE FAT BODY OF *MEGAMELUS SCUTELLARIS* (HEMIPTERA: DELPHACIDAE)

Nicolas A. Salinas[1,3*], F. Cabrera Ruiz[2], Marcela Rodriguero[2,3], M. Eugenia Brentassi[4,5], Alejandro Sosa[1,3]

[1] Fundación para el Estudio de Especies Invasivas (FuEDEI), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.
[2] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), CABA, Argentina
[3] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA Argentina.
[4] División Entomología. Facultad de Ciencias Naturales y Museo- UNLP, La Plata. Buenos Aires, Argentina.
[5] Comisión Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA), Buenos Aires, Argentina.
* <nico.salinas95@gmail.com>

[POSTER]

Los hongos simbiontes intracelulares conocidos como *yeast like symbionts* (YLS) desempeñan un papel clave en el metabolismo de insectos fitófagos que se alimentan de savia, un recurso deficiente en nutrientes esenciales. Los YLS se localizan en los micetocitos del cuerpo graso y participan en procesos clave como la biosíntesis de esteroles, el reciclaje de nitrógeno y la síntesis de aminoácidos esenciales. Estos simbiontes derivan evolutivamente de hongos entomopatógenos del género *Cordyceps* y establecen asociaciones mutualistas obligadas con sus insectos hospederos, transmitiéndose transovarialmente. *Megamelus scutellaris* es una especie neotropical utilizada como agente de control del camalote (*Pontederia crassipes*), maleza acuática invasora. Con el objetivo de describir la diversidad simbiótica se caracterizaron las comunidades fúngicas asociadas al cuerpo graso de *M. scutellaris* mediante secuenciación de amplicones de la región ITS1-1F, estableciendo las bases para futuras investigaciones sobre la dinámica de la interacción entre microorganismos simbiontes y su hospedador. Las muestras analizadas corresponden a hembras colectadas en Buenos Aires, Chaco y Misiones. Las curvas de rarefacción indicaron una profundidad de secuenciación adecuada. Los análisis de diversidad alfa revelaron una mayor riqueza y equitatividad en Misiones. La composición taxonómica mostró alta representación de hongos de la clase Sordariomycetes. Aunque la resolución taxonómica no permitió identificar con certeza a nivel de género, las secuencias más abundantes mostraron alta similitud con los géneros *Ophiocordyceps* e *Hirsutella* (Ophiocordycipitaceae, Hypocreales). Estos resultados coinciden con YLS reportados en otros delfácidos y respaldan la presencia de linajes fúngicos entomopatógenos, estrechamente relacionados con Ophiocordycipitaceae.

Además de estos linajes predominantes, podría existir una composición variable entre poblaciones, como lo evidencian los análisis preliminares de diversidad beta, posiblemente influenciada por factores ambientales, ecológicos o genéticos. Los resultados aportan información novedosa para comprender el rol de los simbiontes en la dinámica poblacional de este y otros miembros de Delphacidae.

➤ **Palabras clave:** Coevolución, microbioma fúngico, simbiosis, *yeast like symbionts.*

GENÓMICA DEL PAISAJE REVELA SEÑALES DE ADAPTACIÓN LOCAL EN EL GECO MÁS AUSTRAL DEL MUNDO

LANDSCAPE GENOMICS REVEALS SIGNS OF LOCAL ADAPTATION IN THE WORLD'S SOUTHERNMOST GECKO

Kevin I. Sánchez[1], Melisa Olave[2,3,4], Luciano J. Avila[1], Mariana Morando[1,5*]

[1] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, CONICET, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[2] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, CONICET, Mendoza, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[4] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Reino Unido.
[5] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
* <morandocnp@gmail.com>

[ORAL]

Comprender los factores que moldean la conectividad y divergencia poblacional es clave para predecir la diversificación de linajes en regiones ambientalmente complejas. *Homonota darwinii*, el geco más austral del mundo, presenta una amplia distribución en la Patagonia y constituye un sistema modelo ideal para explorar la interacción entre procesos espaciales y ecológicos en la estructuración genética. A partir de datos genómicos (SNPs) y secuencias mitocondriales, identificamos una marcada estructura poblacional y cinco linajes geográficamente coherentes. Los análisis de genómica del paisaje indicaron que el aislamiento por ambiente (IBE) fue el principal impulsor de la divergencia genética, con una influencia predominante de variables climáticas asociadas a la humedad y el estrés térmico, como el cociente pluviotérmico de Emberger y métricas de evapotranspiración potencial. El aislamiento por distancia (IBD) también fue relevante, mientras que las distancias de resistencia basadas en modelos de nicho ecológico y heterogeneidad topográfica tuvieron efectos limitados y dependientes del contexto espacial. Los análisis de redundancia confirmaron una elevada proporción de variación explicada por la estructura genética neutra, pero también una contribución sustancial de variables ambientales. Finalmente, se detectaron SNPs asociados a variables climáticas, reforzando la señal de adaptación local, especialmente entre linajes que habitan ambientes contrastantes en el sureste y suroeste del área de distribución de la especie. Estos resultados resaltan cómo los gradientes ecológicos, la separación espacial y la historia demográfica pudieron haber interactuado para moldear la estructura genómica en esta especie.

En conjunto, este estudio propone un marco metodológico para evaluar la adaptación local y los procesos de diversificación en ectotermos de amplia distribución.

➤ **Palabras clave:** Aislamiento por ambiente, genómica poblacional, selección natural, *Homonota*, Patagonia.

REGIÓN DETERMINANTE DEL SEXO EN LA RODÓFITA *MAZZAELLA LAMINARIOIDES* (GIGARTINALES: *GIGARTINACEAE*): PRIMERA APROXIMACIÓN USANDO GENOMAS COMPLETOS Y TRANSCRIPTOMAS

SEX-DETERMINING REGION IN THE RHODOPHYTE *MAZZAELLA LAMINARIOIDES* (GIGARTINALES: *GIGARTINACEAE*): FIRST APPROACH USING WHOLE GENOMES AND TRANSCRIPTOMES

Francisco Sepúlveda-Espinoza[1*], Angela Cofré[1], Marie-Laure Guillemin[1,2,3]

[1] Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[2] Núcleo Milenio de Agronomía Marina de Algas (MASH), Valdivia, Chile.
[3] Centro FONDAP de Investigación de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Valdivia, Chile.
* <frsepulveda8@gmail.com>

[ORAL]

Los cromosomas sexuales UV en organismos haplo-diploides se caracterizan por una menor degeneración génica en comparación con sistemas XY y ZW; sin embargo, a pesar de su importancia para entender la evolución del determinismo sexual en eucariontes, siguen estando escasamente estudiados. En este trabajo, investigamos la estructura, composición génica e historia evolutiva de la *Sex-Determining Region* (SDR) del alga roja haplodiplonte *Mazzaella laminarioides* (Gigartinales: *Gigartinaceae*). Para ello, ensamblamos y anotamos los genomas completos de machos y hembras utilizando tecnologías de secuenciación de *long-reads* (PacBio) y *short-reads* (DNBseq). Complementariamente, mediante *RNAseq* de gametófitos masculinos y femeninos, ensamblamos sus transcriptomas e identificamos genes con expresión sexualmente sesgada. En nuestros resultados detectamos 14 genes diferencialmente expresados (logFC >8), entre los cuales destacó el transcrito_6464 (2.146 pb), exclusivo de genomas masculinos. Este transcrito mostró mayor identidad en machos (96 %) que en hembras (72 %), así como diferencias en la longitud de los alineamientos (≈2.000 pb en machos vs. ≈1.800 pb en hembras) y en la orientación del alineamiento entre sexos, indicando la presencia de inversiones. El análisis de cobertura reveló caídas pronunciadas al mapear short-reads femeninas sobre el genoma masculino, apoyando la localización del transcrito en la SDR. Además, la reconstrucción filogenética de ortólogos de este transcrito agrupó las secuencias según sexo y no por linajes genéticos, sugiriendo un origen ligado a la diferenciación sexual más que a la divergencia genética. Estos resultados apoyan que el transcrito_6464 representa un gametólogo presente en una región de baja recombinación del cromosoma sexual V, donde las mutaciones se acumulan diferencialmente entre machos y hembras.

En conjunto, proponemos que este gen constituye un candidato clave en los mecanismos de determinación sexual de *M. laminarioides*, ofreciendo una nueva ventana para entender la evolución de los cromosomas sexuales en rodófitas y, más ampliamente, en los eucariontes haplodiplontes.

➤ **Palabras clave:** Cromosomas sexuales UV, *Sex-Determining Region*, haplodiplonte, Rodófita.

NETWORK-LEVEL GENOMIC ADAPTATION ACROSS ARID AND ELEVATIONAL GRADIENTS IN *SOLANUM CHILENSE* (SOLANALES: SOLANACEAE)

ADAPTACIÓN GENÓMICA A NIVEL DE RED A TRAVÉS DE GRADIENTES ÁRIDO Y ALTITUDINALES EN *SOLANUM CHILENSE* (SOLANALES: SOLANACEAE)

Gustavo Silva-Arias[1,2,*], Heng Liang[1,3], Miles Anderson[1], Moritz Hackbarth[1], Kai Wei[1], Edgardo M. Ortiz[4], Aurélien Tellier[1]

[1] Population Genetics, Department of Life Science Systems, Technical University of Munich, Freising, Germany.
[2] Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.
[3] College of Life Science, Sichuan Agricultural University, Yaan, China.
[4] Plant Biodiversity Research, Department of Life Science Systems, Technical University of Munich, Freising, Germany.
* <gasilvaa@unal.edu.co>

[ORAL]

A central question in evolutionary biology is how species undergoing recent range expansions adapt to contrasting environments. Populations of *Solanum chilense*, a wild tomato endemic to western South America, expanded across a dramatic altitudinal gradient (~3,000 m) and from mesic central valleys to hyper-arid, highly seasonal environments bordering the Atacama Desert. To understand the genomic basis of this adaptation, we integrated co-expression networks, targeted capture sequencing, genotype–environment associations, and demographic simulations. Building on previous data, we identified candidate genes belonging to two drought-responsive co-expression networks (metabolic and a cell-cycle regulation) that differ in both network connectivity and evolutionary origin. These differences suggest that each network contributes to adaptation at distinct stages of the species' evolutionary history. To investigate the evolutionary dynamics of these candidate genes, we performed targeted sequencing of 2,500 coding regions and 500 intergenic regions in 164 individuals from 31 populations distributed across four central valleys—encompassing the full altitudinal range of the species—and two colonized southern marginal regions (southern highlands and coast). Population genomic analyses confirmed a north-to-south expansion, with gene flow structured by both altitude and valley topography. Genotype–environment association analyses identified 263 genes under selection and associated with key climatic variables, including precipitation, evapotranspiration, cloud cover, and vapor pressure deficit. Among these, 22 outlier genes belong to the drought-responsive networks, indicating selective pressures on traits such as water-use efficiency and reduced stomatal density, size, and pore aperture.

Metabolic genes show stronger selection signals, consistent with recent adaptation, while cell-cycle genes show polymorphism profiles suggesting longer-term evolutionary processes. Finally, simulations parameterized with demographic histories confirmed that the observed GEA signals are unlikely to result from population structure alone. These findings support a model in which adaptation begins with strong selection on highly connected core genes, followed by more subtle changes in peripheral components of the network.

➤ **Keywords:** Local adaptation, genotype–environment association, demographic inference, drought stress, gene networks.

GENE EXPRESSION AND ENVIRONMENTAL DIVERSITY: HOW A TARANTULA SPECIES ADAPT TO DISTINCT OPEN HABITATS

EXPRESIÓN GENÉTICA Y DIVERSIDAD AMBIENTAL: CÓMO UNA ESPECIE DE TARÁNTULA SE ADAPTA A DISTINTOS HÁBITATS ABIERTOS

Fernando Sotero*, Franciane Cedrola, Vera Nisaka Solferini

Laboratório de Diversidade Genética, Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas (Unicamp), Campinas, São Paulo, Brazil.

* <fer.soterolara@gmail.com>

[POSTER]

The adaptation of a species to heterogeneous environments often involves plastic responses that may be the result of different patterns of gene expression. Studies with non-model organisms that occupy distinct regions are still scarce. Caatinga is an open Brazilian biome with marked rainfall seasonality. It has been organized into 9 ecoregions, based on the characteristics of the soil, vegetation, and rainfall seasonality. The tarantula species *Dolichothele exilis* (Araneae: Theraphosidae) occurs in all of the Caatinga ecoregions. Previous phylogeographic studies revealed that the species genetic variability is geographically structured, with monophyletic lineages occurring in just one or a few ecoregions. The objective of this research was to investigate the gene expression of a lineage of *D. exilis* that occurs in distinct ecoregions, to contribute to the understanding of the mechanisms of local adaptations in neotropical organisms. We sampled individuals in 2 ecoregions; the palps of each specimen were removed in the field and kept in liquid nitrogen until RNA extraction and subsequent sequencing by RNA-seq. Data filtering was performed with fastP, quality assessment with fastQC and for transcriptome assembly we used the Trinity software. Completeness analysis with cd-hit and BUSCO pointed to a significant variety of gene expression within ecoregions. Based on the differential expression analysis with GMAP, our results shed light on the species' strategies to adapt to distinct environments.

Keywords: RNA-seq, transcriptome, spider, adaptation, Neotropics.

SIGNATURES OF LOCAL ADAPTATION TO POLLINATOR SHIFTS IN WILD POPULATIONS OF THE ANDEAN YUNGAS SAGE *SALVIA STACHYDIFOLIA* (LAMIALES: LAMIACEAE) REVEALED BY GENOMICS

EVIDENCIAS DE ADAPTACIÓN LOCAL A CAMBIOS DE POLINIZADORES EN POBLACIONES SILVESTRES DE UNA ESPECIE DE SALVIA DE LAS YUNGAS ANDINAS, *SALVIA STACHYDIFOLIA* (LAMIALES: LAMIACEAE), REVELADAS MEDIANTE GENÓMICA

M. Ignacio Stefanini*, Juliana V. Izquierdo, Santiago Castillo, Santiago M. Benitez-Vieyra

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC - CONICET), Córdoba, Argentina.
*nachostefanini@gmail.com

[ORAL]

Shifts in pollinator assemblages in natural populations can promote rapid adaptive divergence in floral traits and, ultimately, lead to ecological speciation. The study of these phenomena in natural populations has only recently become feasible with the advent of next-generation genomic techniques. In this study, we combine genomic, morphological, and ecological data—obtained respectively through ddRAD-seq, geometric morphometrics, and fieldwork conducted by us—to investigate whether genomic signatures of selection in wild populations of the Andean Yungas sage *Salvia stachydifolia* are correlated with ecological and morphological divergence. To gather evidence of incipient ecological speciation, we focus on floral traits directly involved in reproduction and reproductive isolation. We assessed whether genomic regions associated with shifts in pollinators and variation in floral traits among populations have functional relevance, to gain insights about genetic and developmental targets of selection. We extracted DNA and sequenced genomes for 36 individuals from eight natural populations. After assembly against the reference genome of *S. splendens*, data curation and filtering, we retained 41,105 SNPs. Population structure analysis revealed genetic differentiation associated with geographic distance, reflecting a natural gap in the Yungas biome that separates populations into northern and southern groups. Then, to identify SNPs under selection, we retained 86 SNPs by combining three different procedures. Genome–environment association analyses revealed six SNPs correlated with various floral traits (size and corolla shape, flower opening, nectar volume) and ecological variables (prevalence of hummingbird pollination and altitude). One of these SNPs was at the same time correlated with the prevalence of hummingbird pollination, nectar volume, and variation in flower opening.

Functional annotation revealed that this SNP is linked to a member of the WRKY transcription factor family, which plays several roles in plant responses to stress and in the developmental regulation of flowering. The genomic evidence of adaptive divergence presented herein provides additional evidence in support of a scenario of local adaptation to different pollinator ecotypes in *S. stachydifolia*, and allows us to begin elucidating the underlying genetic and developmental mechanisms. Since divergence in floral morphology and nectar volume can promote reproductive isolation (as these traits are linked to the preferences and mechanical compatibility with bees or hummingbirds), our results also provide new insights into the eco-evolutionary dynamics that may have repeatedly driven ecological speciation events, thereby fostering the adaptive radiation of the genus *Salvia*.

➤ **Keywords:** Pollinator ecotypes, ecological speciation, adaptive radiation.

MAZZAELLA LAMINARIOIDES BAJO LA LUPA EVOLUTIVA: DISCORDANCIA FILOGENÉTICA, SELECCIÓN POSITIVA Y ADAPTACIÓN MITOCONDRIAL EN UN ALGA ROJA CON UN CICLO DE VIDA HAPLOIDE-DIPLOIDE

MAZZAELLA LAMINARIOIDES UNDER THE EVOLUTIONARY MICROSCOPE: PHYLOGENETIC DISCORDANCE, POSITIVE SELECTION, AND MITOCHONDRIAL ADAPTATION IN A RED ALGA WITH A HAPLOID-DIPLOID LIFE CYCLE

Fernanda Torres C.[1,2*], Francisco Sepúlveda-Espinoza[2], Marie-Laure Guillemin[2,3,4], Paulina Carimán[2]

[1] Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[2] Instituto de Ciencias ambientales y evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[3] Nucleo Milenio de Agronomía Marina de Algas (MASH), Valdivia, Chile.
[4] Centro FONDAP de Investigación de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Valdivia, Chile.
* <fertorresc@gmail.com>

[ORAL]

La especiación en ambientes marinos ha sido menos explorada que en sistemas terrestres, y diferencias en los ciclos de vida o variabilidad en la motilidad dificultan generalizaciones entre taxones. En este contexto, las macroalgas han sido poco consideradas, y limitaciones al usar criterios morfológicos han ocultado una diversidad críptica recientemente revelada por herramientas moleculares. Estos hallazgos sugieren que la especiación en macroalgas es más frecuente, dinámica y compleja de lo esperado. *Mazzaella laminarioides* (Gigartinales: Gigartinaceae), es una macroalga roja intermareal con tres linajes genéticos descritos en la costa chilena (Norte, Centro y Sur) en estado de divergencia ya muy avanzado. Su distribución parapátrica y datos obtenidos usando filogenia de genes mitocondriales y cloroplásticos sugieren un posible escenario de especiación por gemación. Utilizamos 12 genomas completos representando estos linajes, identificamos genes ortólogos de copia única, marcadores *single nucleotide polymorphisms (SNPs)* y analizamos sus historias evolutivas para evaluar esta hipótesis y estudiar más en detalle las fuerzas evolutivas que podrían haber sido motor de la divergencia. Los resultados mostraron que el 69.6% de los 1507 árboles filogenéticos de ortólogos presentaron monofilia recíproca entre linajes, mientras un 4.8% sugirió la derivación del linaje Sur desde el linaje Central, apoyando a la hipótesis de especiación por gemación en este caso. Solo un gen apoyó la derivación del linaje Centro/Sur desde el linaje Norte. El linaje Norte fue el primero en divergir, hace unos 2 millones de años, es posible que dado esta divergencia antigua se perdió la señal de especiación por gemación.

Los escenarios de especiación testeados en DILS apoyan a la existencia de procesos de divergencia asociados a fuertes cuellos de botella y con flujo de genes antiguo. La razón dN/dS indicó señales de selección positiva en 45 genes en los distintos linajes, con la señal más fuerte observada en el linaje Sur para el gen OG00001746, que codifica para la proteína *Metaxin-1*, implicada en el transporte de proteínas mitocondriales. Estos resultados sugieren un aislamiento genético avanzado entre linajes y plantean la posibilidad de que adaptaciones específicas en la maquinaria de importación mitocondrial podrían estar modulando la eficiencia metabólica como respuesta adaptativa a condiciones ambientales extremas.

➤ **Palabras clave:** Genomas completos, macroalgas, escenarios de divergencia, especiación por gemación.

ANÁLISIS DE LA INESTABILIDAD DEL DESARROLLO DE LOS HÍBRIDOS DE *DROSOPHILA MELANOGASTER* Y *D. SIMULANS* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

ANALYSIS OF THE DEVELOPMENTAL INSTABILITY OF *DROSOPHILA MELANOGASTER* AND *D. SIMULANS* HYBRIDS (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

Lucía Turdera*, Juan José Fanara, Valeria Paula Carreira

Laboratorio de Evolución. DEGE, FCEN-UBA. IEGEBA-CONICET. Ciudad Universitaria, CABA, Argentina.

* <lturdera@ege.fcen.uba.ar>

[ORAL]

Drosophila melanogaster y *D. simulans* son especies hermanas capaces de dejar descendencia únicamente cuando se cruzan machos de *D. simulans* con hembras de *D. melanogaster*. Estudios previos sugieren que la descendencia híbrida muestra una mayor inestabilidad del desarrollo (ID) que los parentales debido a la combinación de genomas de especies diferentes. Un estimador de ID muy utilizado es la Asimetría Fluctuante (AF), que se correlaciona negativamente con la viabilidad. En este trabajo, analizamos la AF, estimada como las diferencias aleatorias entre la longitud de las alas de los híbridos. Se cruzaron machos provenientes de 72 líneas isogénicas de *D. simulans* con hembras de una única línea isogénica de *D. melanogaster*, criándose la descendencia de cada cruzamiento a 17° y 25°C. Además, se estimó la viabilidad pupal (VP) a partir del número de adultos emergidos de una determinada cantidad de pupas. Los cruzamientos fueron más exitosos a 25°C que a 17°C, pero un 10% de los híbridos obtenidos a 25°C no pudieron analizarse debido a la presencia de fenotipos extremos (alas plegadas, arrugadas o curvas). Comprobamos una mayor AF en los híbridos que en sus parentales, así como la ausencia de correlación entre AF y VP. Los resultados sugieren que la incompatibilidad genómica interespecífica aumenta la inestabilidad del Desarrollo.

Palabras clave: Asimetría fluctuante, fenotipos extremos, viabilidad pupal, asociación de caracteres, incompatibilidad genómica.

LA VARIACIÓN GENÉTICA Y EL AMBIENTE CONDICIONAN EL AISLAMIENTO REPRODUCTIVO EN *DROSOPHILA* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

GENETIC VARIATION AND ENVIRONMENT DETERMINE REPRODUCTIVE ISOLATION IN *DROSOPHILA* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

Lucía Turdera*, Valeria Paula Carreira, Juan José Fanara

Laboratorio de Evolución. DEGE, FCEN-UBA. IEGEBA-CONICET. CABA, Argentina.
* <lturdera@ege.fcen.uba.ar>

[POSTER]

En este trabajo, realizamos cruzamientos entre 72 líneas isogénicas de *Drosophila simulans* con una línea isogénica de *D. melanogaster*, a fin de evaluar si la variabilidad genética de los progenitores y la temperatura de cría (17° y 25°C) afectan las barreras de aislamiento reproductivo postcigóticas. Cuantificamos el número de cruzamientos exitosos (presencia de adultos); la viabilidad entre pupas y adultos; y comparamos dicha viabilidad con la de sus parentales. Los análisis mostraron que la probabilidad de éxito del cruzamiento depende tanto de la línea *D. simulans* como del ambiente (cruzamientos exitosos: 50% a 25°C, 3% a 17°C y 33% a ambas temperaturas). Dos cruzamientos resultaron ser igualmente viables en ambas temperaturas y no se detectaron diferencias entre estos híbridos. Al comparar la viabilidad entre híbridos y parentales *D. simulans* criados a 17°C, observamos que los híbridos presentaron una menor viabilidad en todos los casos que se pudo realizar este análisis, mientras que para los ensayos evaluados a 25°C el 67% de los cruzamientos mostraron este patrón. Las comparaciones de viabilidad de los híbridos con el parental *D. melanogaster*, arrojaron diferencias en ambas temperaturas de cría, observándose que a 25°C en el 36% de los cruzamientos, las viabilidades de los híbridos difirieron de la de su progenitor. En conclusión, el genotipo de los progenitores (varianza genética) y el ambiente (la temperatura) afectan el aislamiento reproductivo postcigótico. Generalmente, la viabilidad pupal de los híbridos es menor, lo que podría deberse a la incompatibilidad entre los genomas de ambas especies parentales.

Palabras clave: Híbridos, variabilidad genética, viabilidad pupal.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE SECUENCIAS DE AMINOÁCIDOS DE APOE EN MAMÍFEROS: IMPLICACIONES EVOLUTIVAS Y FUNCIONALES

COMPARATIVE ANALYSIS OF APOE AMINO ACID SEQUENCES IN MAMMALS: EVOLUTIONARY AND FUNCTIONAL IMPLICATIONS

Juan Carlos Esteban Vilte[1,2*], Araceli Anahí Vale[1,3], Hugo Mario Borsetti[1]

[1] Instituto de Estudios Celulares Genéticos y Moleculares (ICeGeM). Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy. Argentina.

[2] Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA). CONICET- Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy. Argentina.

[3] Cátedra de Fisiología Animal. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy. Argentina.

* <juanvilte@fca.unju.edu.ar>

[POSTER]

La apolipoproteína E (APOE) es una glicoproteína clave en el transporte de lípidos y en procesos de reparación, crecimiento y mantenimiento de la mielina en el sistema nervioso periférico. En humanos, existen tres isoformas funcionales (E2, E3 y E4), que difieren en su afinidad por el receptor LDL (LDLR), influyendo en el metabolismo lipídico y en la susceptibilidad a enfermedades como el Alzheimer. La isoforma E3 es la más frecuente. APOE contiene 299 aminoácidos distribuidos en un dominio N-terminal (1–167), responsable de la unión a LDL (región crítica: 134–150), una región bisagra (168–205), y un dominio C-terminal (206–299) implicado en la unión a lípidos. Dado su papel multifuncional y su relevancia biomédica, este análisis tiene como objetivo identificar patrones de conservación y cambios funcionales en la secuencia de aminoácidos asociados a adaptaciones en la dieta, longevidad y metabolismo de mamíferos. Se analizó la secuencia de APOE humana madura (sin péptido señal) obtenida de NCBI y se utilizó como referencia en un BLASTp contra 14 especies de mamíferos. Se priorizaron secuencias curadas o de alta calidad. Las secuencias fueron alineadas en Jalview y depuradas con Gblocks, conservando cuatro bloques informativos (82 % del total). Se construyó un árbol filogenético en MEGA11, usando el método Neighbor-Joining con el modelo de sustitución JTT y 1000 réplicas bootstrap. El árbol mostró agrupamientos consistentes con la filogenia esperada: primates (bootstrap 81), roedores (100), y carnívoros (99) formaron clados bien definidos. El conejo se posicionó como grupo hermano de los roedores (distancia 0.163). Cetáceos y artiodáctilos formaron un clado compartido (bootstrap 85), reflejando el grupo Cetartiodactyla. En carnívoros, *Canis lupus familiaris* y *Ursus maritimus* se agrupan con soporte intermedio (bootstrap 69), separándose de *Felis catus* (Feliformia).

Se analizaron posiciones funcionales clave (61, 112, 158, 255), numeradas según la proteína humana. Estas están asociadas a interacciones entre dominios y determinación de isoformas. Todos los primates analizados presentaron el mismo patrón en las posiciones 112 y 158 que la isoforma APOE4 humana, pero con Thr61 (en lugar de Arg como en humanos). Roedores comparten este patrón, pero funcionalmente se asemejan más a APOE3. Las variaciones observadas en dominios funcionales de APOE sugieren implicancias adaptativas ligadas a dieta, longevidad y evolución del sistema nervioso.

➤ **Palabras clave:** Filogenia molecular, proteínas ortólogas.

PATRONES DE DISCORDANCIA MITO-NUCLEAR Y RELACIONES FILOGENÉTICAS EN EL GRUPO *RHINELLA MARINA* (ANURA: BUFONIDAE)

PATTERNS OF MITO-NUCLEAR DISCORDANCE AND PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS IN THE *RHINELLA MARINA* GROUP (ANURA: BUFONIDAE)

Daiana Y. Wanderer[1,*], Kariny P. Suarez[2], Patricia P. Iglesias[3], Rosio G. Schneider[1], Matias Malleret[1], Marcio Borges Martins[4], Diego J. Santana[5], Célio F. B. Haddad[6], Diego Baldo[1], Martín O. Pereyra[3]

[1] Instituto de Biología Subtropical (IBS - CONICET), Posadas, Misiones, Argentina.
[2] Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Mato Grosso do Sul, Brasil.
[3] CONICET - Agencia INTA, La Pampa, Argentina.
[4] Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Río Grande del Sur, Brasil.
[5] Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMGS), Mato Grosso do Sul, Brasil.
[6] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências, Rio Claro, São Paulo, Brasil.
[*] <daianawanderer@gmail.com>

[POSTER]

El grupo *Rhinella marina* incluye 11 especies de sapos ampliamente distribuidas en el Neotrópico con complejas historias evolutivas y una taxonomía controversial. En este estudio, realizamos análisis filogenéticos de genes mitocondriales (12s, 16s, cytb y nd1) y nucleares (cxcr4, pomc, rag1 y slc8a1) de múltiples especímenes de todas las especies del grupo (y de varios grupos externos) para evaluar su congruencia e inferir sus relaciones evolutivas. Para tal fin realizamos: (1) análisis filogenéticos de genes mitocondriales para 250 terminales (Mt-total) y evaluamos su distribución geográfica, (2) análisis filogenéticos de genes mitocondriales y nucleares por separado para *dataset* reducidos (Mt-red y Nu-red) de 35 terminales con un alto muestreo de genes y excluyendo potenciales híbridos, (3) análisis de congruencia topológica de los árboles Mt-red y Nu-red, y (4) análisis filogenético combinado de genes Mt-red + Nu-red. Para los análisis filogenéticos de máxima verosimilitud se seleccionaron los modelos evolutivos de las particiones definidas (considerando genes y posición del codón para genes codificantes) en ModelFinder y la búsqueda de árboles y soportes se realizó en IQ-TREE. Para los análisis de congruencia de las topologías y construcción de mapas de distribución se utilizó el lenguaje R y los paquetes cophylo, treedist, sf y ggplot2. El análisis Mt-total reveló pocos clados principales bien soportados y relativamente bien estructurados geográficamente, aunque varios de ellos incluyen múltiples morfoespecies o las recuperan como polifiléticas. Por otro lado, la comparación entre los árboles Mt-red y Nu-red reveló numerosas incongruencias, que pueden estar sesgadas por los bajos soportes obtenidos para los clados principales del árbol Nu-red.

No obstante, esta comparación nos permitió identificar algunos eventos mayores de introgresión principalmente mitocondrial. Finalmente, el análisis de Mt-red + Nu-red considerando los patrones de introgresión nos permitió recuperar como monofiléticas a varias morfoespecies, mientras que otras permanecieron sin soporte. Nuestros resultados son discutidos en el marco del conocimiento taxonómico actual del grupo *Rhinella marina* y de los estudios evolutivos previos en el grupo.

➤ **Palabras clave:** Diversificación, introgresión, morfoespecies, topología, sistemática.

Sesión libre / 2

Ecología evolutiva – Ecomorfología

Ecologia evolutiva – Ecomorfologia

ARQUITECTURA ALAR EN ODONATA: PRIMEROS PASOS DE UN ESTUDIO MORFOMÉTRICO Y SUS POTENCIALES IMPLICANCIAS EVOLUTIVAS

WING ARCHITECTURE IN ODONATA: FIRST STEPS OF A MORPHOMETRIC STUDY AND ITS POTENTIAL EVOLUTIONARY IMPLICATIONS

Karen Lineke Alvarez[1]*, Gabriela Fontanarrosa[1], Daniel Dos Santos[1,2], Carlos Molineri[1]

[1] Instituto de Biodiversidad Neotropical (IBN), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.

[2] Cátedra de Bioestadística, Facultad de Ciencias Naturales e IML, San Miguel de Tucumán, Argentina-Universidad Nacional de Tucumán, Argentina.

* <karen.lineke@gmail.com>

[POSTER]

El orden Odonata (libélulas y caballitos del diablo) se caracteriza por su vuelo veloz y ágil. Están entre los insectos voladores más antiguos, con registros que datan del Carbonífero. El suborden Zygoptera se considera grupo hermano de Epiprocta, que incluye a los subórdenes Anisoptera y Anisozygoptera. Etimológicamente el nombre de los subórdenes refleja la similitud morfológica del ala anterior y posterior (zygo=iguales, aniso=diferentes). Las alas están formadas por una membrana muy delgada, subdividida en celdas de diferentes formas y tamaños, delimitadas por un intrincado sistema de venación. Las características estructurales del ala como la densidad, disposición y geometría de las celdas son fundamentales para las habilidades de vuelo. En esta contribución, realizamos un análisis morfométrico comparativo de las alas anterior y posterior de un representante de cada suborden: *Progomphus joergenseni* (Anisoptera), *Neoneura ethela* (Zygoptera) y *Epiophlebia superstes* (Anisozygoptera). Vectorizamos fotografías de las alas y empleamos el software ImageJ para la detección automatizada de las características estructurales de las celdas alares. Calculamos parámetros de forma, posición y tamaño de cada celda. Empleamos estadísticas descriptivas y analíticas para comparar entre taxones y entre ala anterior y posterior usando el programa Rstudio. Encontramos que: i) si consideramos la distribución de frecuencias de los tamaños de las celdas, las alas anteriores y posteriores de cada especie son más parecidas entre sí que con cualquier otra ala; ii) en términos de números, tamaño promedio de celda (atributos estructurales) y tamaño total del ala (atributo global) encontramos que en Zygoptera, la similitud entre ala anterior y posterior no es solo global, sino también estructural; en Anisozygoptera hay similitud global y diferenciación estructural y en Anisoptera hay diferenciación tanto global como estructural; iii) todas las alas estudiadas se asemejan en que el

tamaño de la celda disminuye en función de la distancia respecto al eje del cuerpo. Estos resultados exploratorios nos animan a incluir mayor número de taxones para testar la presencia de patrones generales con importancia evolutiva y ecomorfológica.

➤ **Palabras clave:** Anisoptera, Zygoptera, Anisozygopera, vuelo en insectos, estructura alar.

MORPHOMETRIC VARIATION OF ERETHIZONTIDAE MANDIBLE AND ITS IMPLICATION FOR THE EVOLUTION OF THE FAMILY (RODENTIA: CAVIOMORPHA)

VARIACIÓN MORFOMÉTRICA DE LA MANDÍBULA DE LOS ERETHIZONTIDAE Y SUS IMPLICACIONES PARA LA EVOLUCIÓN DE LA FAMILIA (RODENTIA: CAVIOMORPHA)

Juliana Andrade de Almeida*, Vítor Emídio de Mendonça, Fernando Araújo Perini

Departamento de Zoologia da Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil.

* <ufmg.juliana@gmail.com>

[POSTER]

The mammalian mandible's processes and anatomical accidents may vary depending on different factors, but mainly diet and food processing, which can be related to many evolutionary processes. Mandible morphology analyses can shed light on many aspects of evolution, phylogeny, and taxonomy of mammals. We quantitatively evaluated the interspecific and intraspecific differences between the mandibles of porcupines of the family Erethizontidae (Rodentia). We took seven measurements of the mandible of eighty-two adult specimens of eight species representing all living genera of Erethizontidae (*Coendou*, *Chaetomys*, and *Erethizon*). We performed principal components analysis (PCA) of the log-transformed data in PAST v.4.0.3. The first principal component (PC1) represents approximately 85,5% of the variance and is positively related to all measurements, seemingly being mostly influenced by the size of the mandible. Along PC1 there are two main clusters: one with positive values including *Chaetomys subspinosus*, the subgenus *Coendou (Coendou)* (*Co. longicaudatus longicaudatus* and *Co. l. boliviensis*) and the single specimen of *Erethizon dorsatum*; one with negative values including specimens from the subgenus *C. (Sphiggurus)* (*Co. spinosus*, *Co. insidiosus*, *Co. nycthemera*, and *Co. speratus*). This shows that, in general, that Co. (*Sphiggurus*) shows smaller mandibles than other Erethizontidae, suggesting that this taxon has gone through a miniaturization process during its evolution. Despite overlapping within the first component, *Ch. subspinosus* can be differentiated from the *C. (Coendou)* cluster along the PC2 values, which express approximately 6% of the variance. PC2 seems to be related to differences in the length of the diastema and the masseteric fossa, and likely reflects functional differences in food processing in these two clusters. These hypotheses should be further tested expanding the taxon sampling and utilizing morphofunctional and phylognetic comparative methods.

Keywords: New World Porcupines, linear morphometrics, *Coendou*, *Chaetomys*.

➤ ¿LA REGLA DE RENSCH'S APLICA EN SERPIENTES NEOTROPICALES DE LAS FAMILIAS VIPERIDAE Y ELAPIDAE?

DOES RENSCH'S RULE APPLY TO NEOTROPICAL SNAKES IN THE FAMILIES VIPERIDAE AND ELAPIDAE?

Santiago Angel-Soto*, Fernando Vargas-Salinas

Grupo de investigación en Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Universidad de Quindío. Colombia.

* <santiago.angels@uqvirtual.edu.co>

[ORAL]

El tamaño corporal de los organismos es uno de los rasgos fenotípicos más relevantes, pues determina múltiples aspectos asociados al éxito reproductivo. Diversos factores ambientales modulan el tamaño corporal de los individuos, promoviendo frecuentemente diferencias entre sexos que pueden reflejarse en el dimorfismo sexual. La regla de Rensch's es una regla ecogeográfica que describe un patrón generalizado en tamaño corporal donde, en especies de tamaño corporal relativamente grande, los machos tienden a ser más grandes que las hembras, mientras que en especies de menor tamaño, se observa lo contrario. Esta regla ha sido evaluada en diversos grupos de animales pero pocas veces en serpientes. El presente estudio tiene como objetivo evaluar la regla de Rensch's en especies de serpientes neotropicales pertenecientes a las familias Viperidae y Elapidae, quienes exhiben alta variabilidad en rasgos morfológicos y ecológicos. Realizamos una lista actualizada de especies pertenecientes a ambas familias con base en la literatura. Para cada especie se recopilaron datos de tamaño corporal total, longitud rostro-cloaca, longitud de cola en machos y hembras, modo reproductivo (ovíparo o vivíparo) y microhábitat (acuático, terrestre o arbóreo). Se calculó el índice de dimorfismo sexual sugerido por Lovich y Gibbons en 1992. Posteriormente, se aplicaron regresiones de eje mayor reducido (RMA) para evaluar las relaciones entre atributos morfológicos de ambos sexos. Nuestros resultados preliminares (i.e., sin incluir la relación filogenética de las especies) indican que los patrones de dimorfismo sexual en Viperidae y Elapidae no se ajustan a lo descrito por la regla de Rensch's. Estos resultados son importantes porque sugieren que el dimorfismo sexual en especies de las familias Viperidae y Elapidae no se ajusta a los patrones evolutivos descritos en la regla de Rensch's. Esto implica que las variaciones en el dimorfismo sexual expresado en las especies de cada una de las familias, pueden ser el reflejo de características distintivas de historia natural e historias de vida.

➤ **Palabras clave:** Dimorfismo sexual, Evolución, Éxito reproductivo, Historia natural, Microhábitat.

EL RASTRO: MODELAMIENTO Y ANÁLISIS ESPACIAL DE LA DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE LA VÍBORA *BOTHROPS ASPER*

THE TRAIL: MODELING AND SPATIAL ANALYSIS OF THE POTENTIAL DISTRIBUTION OF THE VIPER *BOTHROPS ASPER*

Santiago Angel-Soto[1*], Juranny Milena Astorquiza Onofre[2]

[1] Grupo de investigación en Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Universidad del Quindío. Colombia.

[2] Centro de Investigaciones Biomédicas (CBIM) Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia.

* <santiago.angels@uqvirtual.edu.co>

[ORAL]

El modelamiento espacial es una herramienta estadística que permite predecir la distribución de especies a partir de variables climáticas y registros de ocurrencia. Esta técnica es crucial en biología de la conservación, ya que, facilita la localización de especies amenazadas, entender los patrones de diversidad y evaluar el impacto del cambio climático sobre las especies. Se ha previsto que el cambio climático afecta la distribución de las especies, de forma directa o mediante modificaciones en la estructura de los ecosistemas. Representando un riesgo para la biodiversidad y teniendo implicaciones importantes en salud pública, especialmente en especies que interactúan estrechamente con comunidades humanas. En serpientes, los estudios de modelamiento espacial frente al cambio climático se han centrado principalmente en especies de importancia médica de Asia e India, dejando un vacío de información en Latinoamérica. Este trabajo tiene como objetivo evaluar cómo varía la distribución potencial de *Bothrops asper*, especie responsable del 50 y 80% de accidentes ofídicos en América Central y del Sur, bajo dos escenarios de cambio climático. Se recopilaron registros de presencia de *B. asper* desde GBIF y literatura científica. Se eliminaron datos duplicados o que no coincidan con la distribución de la especie. Adicionalmente, para evitar sobreajuste y mantener independencia de los datos, se aplicó un filtro de 10 km usando el paquete *spthin* en R. Se usaron variables climáticas actuales y futuras (RCP 4.5 y 8.5) de WorldClim, excluyendo aquellas propensas a errores de interpolación. El área de movilidad de la especie, se definió manualmente con base en ecorregiones de Olson. Se realizó un análisis de correlación mediante el Factor de Inflación de Varianza (VIF) para reducir la multicolinealidad. Posteriormente, se obtuvieron los modelos de distribución mediante el paquete KUENM en R, utilizando el algoritmo MAXENT. Para seleccionar los modelos, se tuvo en cuenta: significancia estadística, ROC parcial, la tasa de omisión y el valor de AICc, garantizando un óptimo entre complejidad y capacidad predictiva.

Los resultados generaron tres modelos: uno actual, uno moderado (RCP 4.5) y uno pesimista (RCP 8.5). El modelo actual y el moderado no mostraron diferencias, indicando que la especie podría ocupar áreas aptas fuera de su distribución conocida. Sin embargo, bajo el escenario 8.5 se predice una notable expansión, hacia el norte de Venezuela, oriente y sur de Ecuador. Las variables más influyentes fueron la precipitación del trimestre más cálido, la temperatura media anual y la precipitación del mes más lluvioso. Estos resultados son consistentes con estudios previos, donde identificaron áreas potenciales de expansión en México. Asimismo, un estudio en Costa Rica evidenció expansión bajo el escenario RCP 8.5, respaldando los hallazgos obtenidos. En conjunto, estos hallazgos resaltan la relevancia de los modelos de distribución ecológica no sólo para anticipar áreas de expansión de la especie, sino también para identificar zonas de alto riesgo de accidentes ofídicos.

➤ **Palabras clave:** Accidente ofídico, cambio climático, conservación, distribución, salud pública.

DECONSTRUCCIÓN DE UN COMPLEJO DE ESPECIES: ANÁLISIS DE LA FORMA CEFÁLICA MEDIANTE MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA EN GÉNEROS DE LA FAMILIA COLUBRIDAE A PARTIR DE COLECCIONES BIOLÓGICAS

DECONSTRUCTION OF A SPECIES COMPLEX: ANALYSIS OF HEAD SHAPE USING GEOMETRIC MORPHOMETRY IN GENERA OF THE FAMILY COLUBRIDAE FROM BIOLOGICAL COLLECTIONS

Santiago Angel-Soto*, Víctor Hugo García Merchán

Grupo de investigación en Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Universidad del Quindío. Colombia.

* <santiago.angels@uqvirtual.edu.co>

[POSTER]

La clasificación taxonómica de especies de serpientes es fundamental para comprender su diversidad biológica y evolución. El objetivo principal del presente estudio fue explorar la clasificación taxonómica de muestras almacenadas en una colección biológica de anfibios y reptiles de la Universidad del Quindío en Colombia, utilizando para ello la morfometría geométrica de la parte dorsal de las cabezas de individuos pertenecientes a 17 géneros de la familia Colubridae, con el fin de respaldar o refinar las clasificaciones existentes. Las relaciones entre la forma y los procesos evolutivos de las especies se evaluaron a través de una serie de análisis multivariados. Primero se analizaron los datos a través de un Análisis de Componentes Principales (PCA), luego el análisis de discriminación de Fisher (FDA)permitió evaluar la capacidad de los rasgos morfológicos de las cabezas para diferenciar los géneros y por último el método de mínimos cuadrados parciales (PLS) para identificar los factores que mejor explican la variación morfológica entre los grupos taxonómicos. Los resultados mostraron que las diferencias en la forma de las cabezas entre los géneros de Colubridae son claras y estadísticamente significativas. El PCA reveló que la variación morfológica más destacada está relacionada con las proporciones de la cabeza, la elongación de la región nasal y las diferencias en la ubicación de los puntos de referencia en la región maxilar. El FDA clasificó con éxito las muestras de los diferentes géneros, confirmando que la morfometría geométrica de la cabeza es una herramienta eficaz para la clasificación taxonómica en esta familia. El PLS pudo predecir la pertenencia de los individuos a un grupo taxonómico en función de sus características morfológicas. Este enfoque conjunto ofrece una alternativa robusta y objetiva para la taxonomía de la familia Colubridae, permitiendo no solo la validación de las clasificaciones tradicionales, sino también la identificación de nuevas relaciones entre géneros.

Los resultados obtenidos refuerzan la utilidad de la morfometría geométrica como una herramienta complementaria en el estudio de la biodiversidad y la sistemática de reptiles.

➤ **Palabras clave:** Colubridae, evolución, taxonomía, serpientes, sistemática.

EL REEMPLAZO DE BOSQUE NATIVO POR POTREROS GANADEROS AFECTA LA MORFOLOGÍA ALAR DEL ESCARABAJO ESTERCOLERO *CANTHON QUINQUEMACULATUS* (COLEOPTERA: SCARABAEINAE)

THE REPLACEMENT OF NATIVE FOREST WITH CATTLE PASTURES AFFECTS THE WING MORPHOLOGY OF THE DUNG BEETLE *CANTHON QUINQUEMACULATUS* (COLEOPTERA: SCARABAEINAE)

Mariana L. Barone[1*], Eduardo M. Soto[1], Mariano Giombini[2,3], Gustavo A. Zurita[2,3,4], Ignacio M. Soto[1]

[1] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires - CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[2] Instituto de Biología Subtropical Nodo Iguazú – CONICET, Universidad Nacional de Misiones, Puerto Iguazú, Misiones, Argentina.
[3] Asociación Civil Centro de Investigaciones del Bosque Atlántico (CeIBA), Sede IBS – UNaM-CONICET.
[4] Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Misiones. Eldorado, Misiones, Argentina.
[*] <mbarone@ege.fcen.uba.ar>

[ORAL]

Los disturbios antropogénicos modifican los filtros ambientales abióticos y las presiones de selección ejercidas sobre los organismos, cambiando la frecuencia relativa de ciertos fenotipos en detrimento de otros. Trabajos previos se han focalizado en investigar los efectos de los disturbios sobre los ensambles y diversidad funcional de escarabajos copro-necrófagos y sobre sus funciones ecosistémicas; sin embargo, son pocos aquellos que abordan cómo se ve moldeada la variabilidad fenotípica dentro de una especie. Debido a que la forma de las alas influye en el gasto energético y la eficiencia de vuelo, puede esperarse que este rasgo sufra modificaciones derivadas de cambios en las presiones selectivas impuestas por el disturbio. Nos preguntamos si existe un efecto del reemplazo de bosques nativos por potreros ganaderos sobre la morfología de las alas del escarabajo *Canthon quinquemaculatus*. Mediante técnicas de morfometría geométrica estudiamos el aspecto general y el aspecto de la venación alar de individuos que habitan bosques nativos protegidos y potreros ganaderos del norte de la provincia de Misiones, Argentina. Encontramos que el tipo de ambiente (bosque o potrero) influencia significativamente el aspecto general del ala aun considerando el efecto del aislamiento geográfico. Sin embargo, el aspecto de la venación alar expone un patrón inconcluyente y se requieren estudios más detallados para establecer el efecto del ambiente. Observamos una disparidad entre sexos en la correlación entre la diferenciación fenética y la distancia geográfica, tanto en el aspecto general del ala como en el de las venaciones.

Nuestros resultados apoyan la idea de que la modificación del ambiente producida por el disturbio antropogénico promueve la diferenciación fenotípica, pudiendo ser el punto de partida para cambios evolutivos en el corto y mediano plazo.

➤ **Palabras clave:** Fenética, disturbio antropogénico, alas, morfometría geométrica.

RESPUESTAS ADAPTATIVAS DE LA BIODIVERSIDAD AL CAMBIO CLIMÁTICO EN AMBIENTES EXTREMOS: UNA VISIÓN DESDE EL INSTITUTO MILENIO BASE

ADAPTIVE RESPONSES OF BIODIVERSITY TO CLIMATE CHANGE IN EXTREME ENVIRONMENTS: A VIEW FROM THE MILLENNIUM INSTITUTE BASE

Hugo A. Benítez[1,2*], Elie Poulin[2,3], Claudio Gonzalez-Wevar[2,4], Fernando Moya[2], Lea Cabrol[2], Jordan Hernandez[2], Tamara Contador[2]

[1] Instituto One Health, Facultad de Ciencias de La Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[2] Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (MI-BASE), Santiago, Chile.
[3] Laboratorio de Ecología Molecular, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[4] Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas (ICML), Universidad Austral de Chile.
* <hugobenitezd@gmail.com>

[ORAL]

Las regiones antárticas y subantárticas representan uno de los laboratorios naturales más relevantes para comprender los efectos del cambio climático sobre la biodiversidad. En este contexto, el Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE) desarrolla una aproximación interdisciplinaria y multinivel para abordar esta problemática. A través de líneas de investigación que integran genómica, fisiología, modelamiento ecológico, monitoreo de largo plazo y análisis de gobernanza, BASE busca entender cómo el cambio climático pasado modeló la evolución de la biota austral y cómo los escenarios futuros podrían transformar la distribución, adaptación y resiliencia de especies nativas y facilitar la llegada de especies exóticas. El trabajo del Laboratorio de Ecología y Morfometría Evolutiva (EME Lab), asociado al Instituto, aporta desde la morfometría evolutiva al estudio de patrones de adaptación en insectos y otros organismos que habitan ambientes extremos, incluyendo islas subantárticas, glaciares y zonas polares. La presente exposición destaca la integración de herramientas morfométricas y genómicas para comprender las respuestas adaptativas frente a estresores ambientales en el contexto antártico. Se presentarán tres estudios de caso que ilustran esta sinergia metodológica: (1) el impacto del disturbio humano en la estabilidad del desarrollo del erizo *Abatus agassizii*; (2) la diversificación críptica y diferenciación morfológica en caracoles del género *Laevilitorina*, revelando una rica historia evolutiva en ambientes australes; y (3) la variación espacio-temporal de la forma alar en la mosca no nativa *Trichocera maculipennis*, como modelo para estudiar procesos de invasión en la Antártica.

Estos ejemplos reflejan cómo la integración de enfoques evolutivos, ecológicos y moleculares permite comprender mejor la resiliencia y vulnerabilidad de la biota polar frente al cambio global.

➤ **Palabras clave:** Antártica, morfometría geométrica, asimetría fluctuante, adaptaciones, ambientes extremos.

ANILLO DE INVESTIGACIÓN EN INSECTOS PLAGA Y CAMBIO CLIMÁTICO: RESPUESTAS ECO-EVOLUTIVAS EN EL MARCO DE ONE HEALTH

RESEARCH CIRCLE ON INSECT PESTS AND CLIMATE CHANGE: ECO-EVOLUTIONARY RESPONSES WITHIN THE ONE HEALTH FRAMEWORK

Hugo A. Benítez[1,2*], Luis E. Castañeda[2,3], Carezza Botto-Mahan[2,4], Christian C. Figueroa[2,5], Eduardo Fuentes-Contreras[2,6], Margarita Correa[2,7], Paula Irles[2,8], Moisés Valladares[2]

[1] Instituto One Health, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[2] Research Ring in Pest Insects and Climate Change (PIC2), Santiago, Chile.
[3] Program of Human Genetics, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, University of Chile, Santiago, Chile.
[4] Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile.
[5] Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.
[6] Centre in Molecular and Functional Ecology, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Talca, Chile.
[7] Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
[8] Institute of Agri-food, Animal and Environmental Sciences (ICA3), Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
* <hugobenitezd@gmail.com>

[POSTER]

El cambio climático es una fuerza capaz de alterar profundamente los procesos evolutivos de la biodiversidad y los equilibrios ecológicos esenciales para la seguridad alimentaria. En este contexto, el Anillo de Investigación en Insectos Plagas y Cambio Climático (PIC2) funciona como una plataforma integradora que investiga los mecanismos genéticos, fenotípicos y relacionados con la resistencia que permiten a los insectos plaga adaptarse a gradientes térmicos, cambios estacionales y prácticas de manejo agrícola en Chile. Este consorcio reúne a un equipo multidisciplinario enfocado en comprender las bases genéticas, fenotípicas y ecológicas que explican la redistribución y adaptación de los insectos plaga frente a condiciones térmicas variables y estrategias de control. Mediante estudios de caso en *Triatoma infestans* (vector de la enfermedad de Chagas), *Haematobia irritans* (mosca del cuerno), *Drosophila suzukii* (mosca de alas manchadas) y *Sitobion avenae* (pulgón del grano), PIC2 busca generar datos predictivos sobre la evolución de la resistencia y orientar estrategias de manejo sustentable de plagas y entender los patrones adaptativos eco-evolutivos de las invasiones biológicas. Desde una perspectiva evolutiva, este proyecto busca explorar cómo la variabilidad genética, la plasticidad fenotípica y la interacción entre genomas y microbiomas contribuyen a la adaptación rápida de los insectos plaga frente a nuevas presiones selectivas.

Al integrar datos genómicos, morfométricos y ecológicos, el proyecto pretende esclarecer los mecanismos de evolución contemporánea asociados a la redistribución geográfica, la tolerancia térmica y la emergencia de resistencia a insecticidas. En última instancia, PIC2 impulsa un enfoque eco-evolutivo para anticipar las trayectorias adaptativas de las especies plaga en ecosistemas dinámicos. Esta iniciativa proporciona evidencia clave para fortalecer estrategias de manejo sustentables basadas en principios evolutivos, posicionando a PIC2 como un proyecto fundamental que conecta la biología evolutiva, la entomología aplicada y las políticas de seguridad alimentaria en un contexto de cambio climático acelerado.

➤ **Palabras clave:** Adaptaciones, Genómica Adaptativa, Insectos Plaga, Invasiones Biológicas.

SAZONALIDADE NO NICHO TRÓFICO DE *DOLICHOTHELE EXILIS* (ARANEAE, THERAPHOSIDAE), UMA TARÂNTULA DA CAATINGA

SAZONALIDAD EN EL NICHO TRÓFICO DE *DOLICHOTHELE EXILIS* (ARANEAE, THERAPHOSIDAE), UNA TARÁNTULA DE LA CAATINGA

Laís Pedroso Bertaia, Lucas Oliveira Mello, Rafael Lima-Vergilio, Vera Nisaka Solferini*

Laboratório de Diversidade Genética, Universidade Estadual de Campinas. Campinas, São Paulo, Brasil.

* <lalapedroso56@gmail.com>

[POSTER]

A Diagonal de formações abertas é uma área que se estende do noroeste da Argentina até o nordeste do Brasil. Um dos domínios dessa região é a Caatinga, uma floresta de seca sazonal que ocorre majoritariamente no nordeste do Brasil. Considerando a grande variabilidade climática dessa região, é esperado que as espécies que a habitam tenham mecanismos que possibilitem sobreviver a estas condições. Neste trabalho analisamos padrões alimentares de *Dolichothele exilis* (Araneae: Theraphosidae), aranhas caranguejeiras endêmicas da Caatinga, para compreender suas estratégias ecológicas em um ambiente altamente sazonal. Como a alimentação das aranhas reflete diretamente na composição de seu exoesqueleto, analisamos a assinatura isotópica de δ13C e δ15N da exúvia utilizando um IRMS (Isotope Ratio Mass Spectrometry). Os indivíduos foram coletados na mesma ecorregião da Caatinga, a Depressão Sertaneja Meridional; utilizamos 9 indivíduos coletados ao final da estação chuvosa e 9 coletados ao final da estação seca. Cada espécime foi mantido em laboratório, em recipientes individuais, sendo alimentados regularmente com larvas de artrópode (*Tenebrio molitor*). Após a primeira ecdise em laboratório, as exúvias foram coletadas para as análises isotópicas. Detectamos diferenças significativas entre o nicho isotópico das aranhas da estação chuvosa e seca, principalmente com relação aos valores de δ15N, enquanto os de δ13C se mantiveram constantes. Os dados indicam que a dieta se altera ao longo das estações seca e chuvosa: as aranhas que se alimentaram no período úmido apresentaram evidências de ocupação de um nível trófico mais alto quando comparadas às do período seco, sugerindo uma grande mudança na disponibilidade de presas. Este estudo, importante em caranguejeiras, demonstra uma estratégia de *D. exilis* frente à grande sazonalidade climática da Caatinga. Com isso, mostramos a importância de estudos desta natureza para a compreensão de processos adaptativos.

Palavras-chave: Isótopos, ecdise, adaptação.

TRISTILIA EN EL GÉNERO *OXALIS* (OXALIDALES: OXALIDACEAE) EN ARGENTINA. NIVELES DE HETEROSTILIA MORFOLÓGICA Y FRECUENCIA DE MORFOTIPOS EN POBLACIONES NATURALES DE 11 ESPECIES

TRISTYLY IN THE GENUS *OXALIS* (OXALIDALES: OXALIDACEAE) IN ARGENTINA. LEVELS OF MORPHOLOGICAL HETEROSTYLY AND MORPHOTYPE FREQUENCIES IN NATURAL POPULATIONS OF 11 SPECIES

Marta B. Bianchi[1], Alicia López[2*]

[1] Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario; Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR). Argentina.

[2] CONICET, CCT Mar del Plata. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

* <alicialopez@mdp.edu.ar>

[POSTER]

La heterostilia es un polimorfismo floral restringido a pocas familias de angiospermas, destacándose la tristilia como un sistema menos común que la diestilia. Este fenómeno implica tres morfotipos florales (longi-, meso- y brevistilos) con hercogamia recíproca, mantenidos por selección negativa según la frecuencia. Dado el tipo de herencia de la tristilia en Oxalidaceae los patrones de distribución de morfotipos permiten investigar la importancia relativa de la selección natural versus la deriva génica. Los objetivos son analizar los niveles de heterostilia morfológica (DMH) y la frecuencia de morfotipos en 34 poblaciones naturales de 11 especies de *Oxalis* en Argentina, evaluando la presencia de tristilia, semihomostilia y homostilia. Se estudiaron poblaciones naturales de 11 especies, registrando la frecuencia de morfotipos (longi-, meso-, brevistilos y semihomostílicos). Se calculó el DMH, donde 0 indica homostilia y 0,6 heterostilia marcada. Los resultados muestran que 6 (seis) especies (*O. articulata* [DMH mediana: 0,273 en Buenos Aires, 0,236 en Santa Fe], *O. niederleinii* [DMH mediana: 0,250 en Tucumán y Corrientes], *O. perdicaria* [DMH mediana: 0,298 en Buenos Aires], *O. refracta* [DMH mediana: 0,250 en Buenos Aires], *O. tenerrima* [DMH mediana: 0,180 en Tucumán, 0,274 en Catamarca, y 0,235 en Jujuy], *O. triangularis* [DMH mediana: 0,105 en Jujuy]) mostraron los tres morfotipos tristílicos, con baja frecuencia de semihomostilia (SH). Otras especies presentaron ausencia de uno o dos morfotipos (ej. *O. brasiliensis* [DMH mediana: 0,172] sin longi- y meso-; *O. bisfracta* [DMH mediana: 0,143 en Tucumán, 0,240 en Córdoba] sin brevistilos). *Oxalis calachaccensis* (Catamarca) exhibió alta frecuencia de SH (77,5%) y DMH mediana = 0 (homostilia), sugiriendo una transición evolutiva. Valores de DMH ≤0,3 en especies como *O. spiralis* (0,30 en Catamarca), *O. perdicaria* (0,298) y *O. articulata* (0,273) coinciden con patrones de heterostilia clásica.

Como conclusión podemos decir que la diversidad en la expresión de la heterostilia en *Oxalis* refleja procesos evolutivos dinámicos, incluyendo transiciones hacia homostilia siendo independiente del tamaño poblacional. La alta frecuencia de semihomostilia en algunas poblaciones sugiere presiones selectivas o deriva génica. La ruptura de la heterostilia hacia la homostilia representa un paradigma en el estudio de la evolución hacia un sistema de reproducción autógamo en las plantas con flores, porque el cambio es rápidamente interpretable, las modificaciones genéticas son de herencia simple, y las alteraciones en el polimorfismo floral que afectan las polinizaciones efectivas son detectables en el campo sin inconvenientes.

➤ **Palabras clave:** Heterostilia, tristilia, *Oxalis*, evolución floral, Argentina.

DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE METALES PESADOS EN HUEVOS DE TORTUGA PIMPANO (*CHELYDRA ACUTIROSTRIS*) Y SU RELACIÓN CON LOS CAMBIOS EN LA DINÁMICA DE IMPACTOS EN CUATRO ZONAS DEL DEPARTAMENTO DEL QUINDÍO

DETERMINATION OF THE PRESENCE OF HEAVY METALS IN PIMPANO TURTLE EGGS (*CHELYDRA ACUTIROSTRIS*) AND ITS RELATIONSHIP WITH CHANGES IN IMPACT DYNAMICS IN FOUR AREAS OF THE QUINDÍO DEPARTMENT

Frank Neider Bonilla Lozano[1*], Álvaro Botero Botero[1,2], Katherine Young Valencia[1]

[1] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío. Quindío, Colombia.

[2] Grupo de investigación, Línea de Biodiversidad y Educación Ambiental (BIOEDUQ), Universidad del Quindío. Quindío, Colombia.

* <frankn.bonillal@uqvirtual.edu.co>

[POSTER]

Chelydra acutirostris (Testudines: Chelydridae) es una tortuga dulceacuícola distribuida en diversas cuencas hidrográficas del país, incluyendo zonas bajas del departamento del Quindío. Debido a las presiones antrópicas que afectan sus hábitats, como la descarga de residuos sanitarios, residuos sólidos, actividades mineras y agropecuarias, se ha planteado la hipótesis de que esta especie podría estar expuesta a procesos de bioacumulación de metales pesados, con implicaciones no sólo ecológicas sino también para la salud pública, considerando el consumo tradicional de sus huevos. Este estudio analiza la presencia de mercurio, cadmio, plomo, plata, cobre y zinc en cascarones de huevos recolectados en cuatro afluentes de la cuenca baja del río La Vieja, evaluando su posible relación con la calidad del hábitat y la dinámica de impactos ambientales en la región. Durante ocho meses se realizaron recorridos de campo en búsqueda de nidadas previamente eclosionadas, saqueadas o exhumadas. Los cascarones recolectados serán procesados y analizados en el laboratorio LMB de Barranquilla, certificado para determinaciones de metales pesados. Paralelamente se midieron parámetros físico-químicos del agua (pH, temperatura, conductividad, tds, entre otros) y se desarrollaron ejercicios de cartografía social mediante encuestas semiestructuradas y mapeo participativo con comunidades locales, buscando identificar cambios en las dinámicas de impactos en los últimos veinte años. Hasta la fecha, se han registrado veinte nidadas con variaciones notables en el número de huevos (entre 2 y 21 por nido), en zonas con condiciones fisicoquímicas fluctuantes (pH entre 5.2 y 7.15; temperaturas de 26 a 31 °C; σ entre 300 a 750 μS/cm y Tds entre 200 y 500 mg/L) y con evidencia directa de contaminación ambiental mediantes actividades de

impacto humano relacionadas a todas las variables estudiadas. Se espera que los análisis en curso permitan establecer correlaciones entre las condiciones del hábitat, la dinámica de impactos percibida por la comunidad y los niveles de metales presentes en los cascarones, generando así evidencia sobre los riesgos ecosistémicos y los desafíos de conservación para esta especie en el departamento del Quindío.

➤ **Palabras clave:** Bioacumulación, cartografía social, contaminación hídrica, calidad ambiental, sistemas hidrobiológicos.

EVOLUTION OF MANDIBULAR ALLOMETRY AND ITS FUNCTIONAL IMPORTANCE FOR THE HYPERCARNIVOROUS PHENOTYPE

EVOLUCIÓN DE LA ALOMETRÍA MANDIBULAR Y SU IMPORTANCIA FUNCIONAL PARA EL FENOTIPO HIPERCARNÍVORO

Jamile M. Bubadué[1*], Caroline C. Sartor[2], Carlo Meloro[3], Lucas Carneiro[1], Natália B. Melo[1], Pablo A. Martínez[4], Nilton C. Cáceres[5], Leandro R. Monteiro[1]

[1] Laboratório de Ciências Ambientais, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Brasil.
[2] Wildlife Conservation Research Unit, Department of Biology, University of Oxford, Oxon, UK.
[3] Research Center in Evolutionary Anthropology and Palaeoecology, School of Biological & Environmental Sciences, Liverpool John Moores University, Liverpool, UK.
[4] Laboratório de Pesquisas Integrativas em Biodiversidade, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, Brasil.
[5] Departamento de Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.
* <jamilebubadue@gmail.com>

[POSTER]

South American members of the order Carnivora underwent rapid radiation following the formation of the Isthmus of Panama. With 41 extant species, this group diversified into a wide range of morphologies — the most numerous being the hypercarnivorous members of Felidae. Hypercarnivorous specialization involves the acquisition of trenchant heel condition on the first lower molar, a trait also evolved in the bush dog (*Speothos venaticus*). This condition constrains variation in the shape of the feeding apparatus, especially the mandible. Likewise, allometry is expected to constrain mandibular shape variation in mammals due to common growth regulations. In carnivorans, mandibular allometry is functionally related to gape, bite force, and jaw closing speed, playing a key role in maintaining functionality in large and specialized hypercarnivorous forms. To investigate whether and how allometry acts as a path of least resistance in South American carnivorans, we compared the magnitude and direction of the shape–size covariance structure of the mandible between omnivorous and hypercarnivorous species. We positioned fourteen homologous landmarks on the mandibles of 2617 specimens from 19 species. The intraspecific allometric patterns were analysed for each species and compared within a phylogenetic framework. In accordance with the expected conservatiness of allometry, we found no shift in allometric shape change across species. However, hypercarnivorous species exhibited the highest magnitude of allometry (mean Z = 4.962) compared to omnivores (mean Z = 3.959), while both groups retained high variation in Z values (hypercarnivores' Z range = 2.643–6.300; omnivores' Z range = 2.609–6.874).

Our results challenge the assumption that hypercarnivory leads to lower levels of morphological disparity, highlighting the importance of allometry in maintaining function without constraining shape variance in highly specialized forms.

➤ **Keywords:** Trade-offs, disparity, macroevolution, specialization, ecomorphology.

MULTILEVEL INTEGRATION ANALYSIS OF *CAROLLIA PERSPICILLATA* (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) SKULL: FROM DEVELOPMENTAL TO EVOLUTIONARY PATTERNS

ANÁLISIS DE INTEGRACIÓN MULTINIVEL DEL CRÁNEO DE *CAROLLIA PERSPICILLATA* (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE): DE PATRONES DE DESARROLLO A PATRONES EVOLUTIVOS

Lucas Carneiro[1,2,*], Bruce D. Patterson[2], Marcelo R. Nogueira[1], Leandro R. Monteiro[1]

[1] Laboratório de Ciências Ambientais, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Brasil.
[2] Negaunee Integrative Research Center, Field Museum of Natural History, Chicago, USA.
* <luc.oliveira.carneiro@gmail.com>

[ORAL]

The mammalian skull is a classic model for the study of morphological evolution. The morphological diversification of cranial structures allowed ecological diversification of different mammalian lineages. The skull is formed by the cranium and mandible, which are complex structures themselves. The relationships between these components during mammalian diversification has attracted the interest of evolutionary biologists and has been studied under the prism of integration and modularity. A notable case of diversification in this group is the adaptive radiation of phyllostomid bats. The aim of this work is to analyze the patterns of integration and modularity in the skull of the phyllostomid bat *Carollia perspicillata*. We compared the cranial and mandibular integration at the developmental (measured as fluctuating asymmetry correlations), static (within-population correlations), evolutionary level (among-population correlations) and also compared the intraspecific integration patterns with phyllostomid clades/guilds at higher levels. At the developmental level, there was integration between adjacent morphogenetic components, which might be the result of coordinated signaling and shared developmental pathways during morphogenesis. Cranium and mandible were poorly integrated at this level. The static level presented a similar structure of association, as an indicative that developmental processes prevail at this level. The pattern of integration was stronger and more complex at the evolutionary level, as an indicator of the influence of selection gradients and functional demands at this level of integration. The comparison between the intraspecific patterns of integration with the macroevolutionary patterns shows similarities between the developmental and the static patterns of *C. perspicillata* with static (within-species) level of nectarivorous bats. The intraspecific static and evolutionary levels were both associated with the evolutionary (among species) matrix of more specialized frugivorous bats (Stenodermatinae).

These results indicate that development structures the integration pattern at the static level. At the evolutionary (among populations) level, selection gradients, probably related to diet, might strengthen the integration among components that are not developmentally integrated.

➤ **Keywords:** Morphological integration, modularity, developmental instability, ecological niche, diet.

¿SER GENERALISTAS O ESPECIALISTAS? ESTRATEGIAS TÉRMICAS DE *PHYMATURUS PALLUMA*

GENERALISTS OR SPECIALISTS? THERMAL STRATEGIES OF *PHYMATURUS PALLUMA*

Renzo Carrabal[1], Paola L. Sassi[2,3], Fiona Patterson[2], Rubén Massarelli[4,5], Nadia Vicenzi[2,3]*

[1] Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza, Argentina.
[2] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), Mendoza, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNCuyo, Mendoza, Argentina.
[4] Ministerio de Energía y Ambiente - Subsecretaría de Ambiente - Dirección de Áreas Protegidas, Mendoza, Argentina.
[5] Facultad de Filosofía y Letras, UNCuyo, Centro Universitario, Mendoza, Argentina.
* <navicenzi@gmail.com>

[POSTER]

La temperatura es un factor determinante en la fisiología y comportamiento de los animales. Particularmente en los ectotermos, la temperatura ambiental cobra mayor importancia, ya que regula procesos claves como el metabolismo, la locomoción, la digestión, el crecimiento y la reproducción. La capacidad de los organismos para responder a su entorno térmico puede influir en su éxito reproductivo y en su supervivencia, lo que sugiere que las estrategias de adecuación pueden estar sujetas a presiones selectivas que moldean su evolución. En este estudio, analizamos la existencia de síndromes térmicos en *Phymaturus palluma*, una lagartija que habita los Andes áridos de Mendoza, Argentina, un ambiente caracterizado por fuertes fluctuaciones térmicas. Capturamos 54 individuos durante su período de actividad y evaluamos su temperatura preferida, así como su velocidad de carrera a corta y a larga distancia a cinco temperaturas (20, 25, 30, 35 y 37°C). A partir de estos datos, construimos curvas de sensibilidad térmica del rendimiento locomotor, determinando la velocidad máxima, la temperatura óptima, la amplitud del rango térmico en el que los individuos alcanzan al menos el 80% de su velocidad máxima y los límites térmicos superior e inferior del rango. Nuestros análisis de correlación y componentes principales (ACP), realizados con el software R version 4.3.2, evidenciaron la existencia un gradiente en las estrategias térmicas dentro de la población, independientemente del sexo de los individuos. Los especialistas térmicos, individuos con altas velocidades máximas, temperaturas preferidas y óptimas elevadas y rangos térmicos de rendimiento locomotor estrechos, con límites térmicos más cálidos. Esta estrategia podría conferir la ventaja de un gran rendimiento locomotor en un rango térmico limitado. Generalistas térmicos: individuos con velocidades máximas y temperaturas preferidas y óptimas menores, pero con una mayor amplitud del rango térmico.

Este rasgo puede conferir ventajas frente a la heterogeneidad térmica del ambiente, permitiéndoles ser más flexibles en el uso del hábitat. La coexistencia de este gradiente con dos perfiles diferenciados en sus extremos sugiere que la selección natural no ha favorecido exclusivamente una única estrategia, sino un gradiente puede mantenerse debido a compensaciones adaptativas (trade-offs) y posibles restricciones energéticas y ecológicas. Desde una perspectiva evolutiva, esta variabilidad intraespecífica podría representar un mecanismo clave para la persistencia de la especie en un ambiente caracterizado por condiciones extremas y fluctuantes.

➤ **Palabras clave:** Ecofisiología, reptiles, síndrome, temperatura.

EL VUELO EN LAS PALEOGNATAS NEOTROPICALES: ANÁLISIS MORFOGEOMÉTRICO DE ELEMENTOS DE LA CINTURA ESCAPULAR

FLIGHT IN NEOTROPICAL PALEOGNATHS: MORPHOGEOMETRIC ANALYSIS OF SHOULDER GIRDLE ELEMENTS

Ariana Choque[1*], Valentina Segura[2], Sara Bertelli[2,3]

[1] Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán (UNT), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[2] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-FML), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[3] Fundación Miguel Lillo (FML), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <achoque20@alumnos.csnat.unt.edu.ar>

[POSTER]

Las *Tinamidae*, comúnmente conocidas como perdices neotropicales, constituyen el único grupo de aves con capacidad de vuelo dentro del linaje de las *Palaeognathae*, el clado basal de *Neornithes* (aves actuales). Las *Palaeognathae* también incluyen a las cursoriales y no voladoras ratites (como los kiwis, emúes, avestruces, casuarios y ñandúes actuales), así como a especies extintas recientemente (moas de Nueva Zelanda y las aves elefantes de Madagascar), además de otras formas fósiles. Las *Tinamidae* se distribuyen en una amplia gama de ambientes, desde selvas y bosques hasta espacios abiertos como estepas y pastizales. Aunque poseen la capacidad de volar, su vuelo es limitado, caracterizándose por ser breve, potente y utilizado principalmente como mecanismo de escape. Estas particularidades, junto con su posición filogenética basal, hacen de este grupo un modelo relevante para el estudio de la evolución del vuelo, tanto en el contexto específico de las paleognatas como en el marco general de la evolución de las aves modernas. Con el objetivo de estimar cuantitativamente las diferencias morfológicas entre las especies de *Tinamidae* que habitan ambientes abiertos (subfamilia *Nothurinae*) y aquellas que ocupan selvas, bosques y otros hábitats más cerrados (subfamilia *Tinaminae*), se llevaron a cabo análisis de morfometría geométrica. La muestra, que representa aproximadamente el 85 % del total de especies reconocidas a nivel global, incluyó 40 especies. Se digitalizaron 26 y 25 *landmarks* de tipo I y *semilandmarks* sobre dos elementos de la cintura escapular, coracoides y escápula, respectivamente. Los resultados preliminares de Análisis de Componentes Principales (PCA) y regresiones entre el tamaño (*central size*) y la forma (*shape*) revelan diferencias morfológicas notables entre los géneros más voladores de ambientes abiertos (*Nothura*, *Nothoprocta* y *Rhynchotus*) y aquellos típicos de ambientes cerrados y menos voladores (*Tinamus* y *Nothocercus*). En contraste, las perdices más cursoriales o de hábitos corredores en áreas abiertas (*Eudromia* y *Tinamotis*) tienden a agruparse morfológicamente con las especies propias de selvas y bosques, como *Tinamus*.

Finalmente, el género más diverso, *Crypturellus* ocupa un gradiente en el morfoespacio entre ambos grupos voladores y cursoriales. Por otro lado, hay un compromiso entre la morfología de *Taoniscus nanus* y su tamaño que lo separa del resto de las especies, siendo el más pequeño de los taxones muestreados (43g). Estos hallazgos sugieren que la morfología de los elementos analizados de la cintura escapular estaría más estrechamente relacionada con la capacidad de vuelo que con la filogenia o el tipo de ambiente que ocupan las especies.

➤ **Palabras clave:** Tinamidae, perdices, morfometría geométrica.

¿INFLUYE LA PERCEPCIÓN VISUAL DE POLINIZADORES Y ROBADORES DE NÉCTAR EN LA SELECCIÓN DEL COLOR FLORAL EN *NICOTIANA GLAUCA*?

DOES VISUAL PERCEPTION OF POLLINATORS AND NECTAR ROGUES INFLUENCE FLORAL COLOR SELECTION IN *NICOTIANA GLAUCA*?

Antonella Costa*, Marcela Moré, Valeria Paiaro

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC), Córdoba, Argentina.
* <acosta@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

El sistema visual de los animales desempeña un papel clave en la evolución de las señales visuales que perciben. Un ejemplo destacado es el del color floral, una señal visual que puede influir en las decisiones de forrajeo de los visitantes florales, ya sean legítimos (i.e., polinizadores) o ilegítimos (i.e., robadores de néctar). Se ha propuesto que, en las plantas ornitófilas, las flores rojas atraen a las aves y disuaden a las abejas, ya que estos insectos no percibirían ese color debido a la ausencia de un fotorreceptor específico. Sin embargo, no se evaluó si la selección del color de las flores está mediada por cómo los visitantes florales perciben los colores. *Nicotiana glauca* es una especie modelo para estudiar esto, ya que en algunas poblaciones de Argentina sus flores tubulares presentan una variación de color que va del amarillo al rojo para el ojo humano, y son polinizadas por picaflores y robadas por abejas carpinteras del género *Xylocopa*. Para detectar la variación del color floral de *N. glauca* en una población polimórfica para este rasgo, medimos los espectros de reflectancia (300-700 nm) del tubo floral de cinco flores en 60 plantas y, mediante el uso de modelos visuales específicos, determinamos cómo la variación del color en la población es percibida por los picaflores y las abejas, que presentan sistemas visuales tetra- y tricromático, respectivamente. Resumimos la variación de los espectros de reflectancia del tubo floral en la población mediante un análisis de componentes principales, que reveló la existencia de dos grupos que tanto picaflores como abejas podrían distinguir. Realizamos un análisis de selección fenotípica para evaluar si la variación en la percepción de las flores por parte de los polinizadores influye en el éxito reproductivo de las plantas. Esta percepción se midió como la distancia cromática entre las flores y el fondo de las hojas o del cielo, según si el picaflor detecta las flores desde arriba o desde abajo. El éxito reproductivo se estimó mediante el número de granos de polen depositados en el estigma (5 flores de 60 individuos). Por otro lado, se evaluó si la variación en el color de las flores percibida por las abejas (medida como distancias cromáticas entre las flores y el fondo de las hojas) se asoció con la proporción de flores robadas (5 ramas de 60 individuos).

Finalmente, se evaluó si la proporción de robo influye en el éxito reproductivo de las plantas. Si bien se observó una leve tendencia hacia un mayor número de granos de polen depositados en los estigmas de flores más conspicuas para los picaflores, no se encontró una selección significativa mediada por su percepción del color floral. La proporción de flores robadas no se asoció significativamente con la variación del color de las flores percibida por las abejas ni con el depósito de polen en los estigmas. Estos resultados sugieren que los polinizadores, a pesar de percibir la variación de color presente en la población, no ejercería selección sobre el color de las flores de *N. glauca*, y que el robo de néctar por parte de las abejas, que también pueden percibir la variación del color, no estaría influenciado por el color floral ni afecta al éxito reproductivo de las plantas.

➤ **Palabras clave:** Abejas, espectros de reflectancia, modelos visuales, picaflores, selección fenotípica.

INFLUENCIA DE LAS CONDICIONES AMBIENTALES Y LOS RASGOS EN LA DISPERSIÓN POR VIENTO DE ESPECIES DE ASTERACEAE DEL CONO SUR SUDAMERICANO

INFLUENCE OF ENVIRONMENTAL CONDITIONS AND TRAITS ON WIND DISPERSAL OF ASTERACEAE SPECIES FROM THE SOUTHERN CONE OF SOUTH AMERICA

Santiago Martín Costas*, Matías Cristian Baranzelli, Juliana Verónica Izquierdo, Andrea Arístides Cocucci

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

* <scostas@imbiv.unc.edu.ar>

[ORAL]

La dispersión por viento en plantas representa un proceso clave para la colonización de nuevos hábitats, con implicancias evolutivas y ecológicas derivadas de la interacción entre los rasgos morfológicos de las diásporas y las condiciones ambientales. En este estudio, se investigó cómo los rasgos de las diásporas y las variables ambientales influyen en la habilidad de dispersión por viento de 76 especies de Asteraceae distribuidas en ecorregiones del Cono Sur sudamericano. Mediante muestreos en 37 sitios, se analizaron variables morfológicas (masa de la diáspora, área del papus, carga de la pluma y tipo de papus) y ambientales (velocidad del viento, precipitación, cobertura arbórea), utilizando modelos lineales con enfoques filogenéticos bayesianos para controlar la dependencia evolutiva entre especies. Los resultados revelaron que el tipo de papus es crucial como modulador de la velocidad de asentamiento (VA). Las especies con papus setoso muestran mayores habilidades de dispersión por viento que aquellas con otro tipo de papus. La VA se asoció de manera significativa con la masa, el área del papus y la carga de la pluma. En cuanto a las condiciones ambientales, solo las especies con papus setoso se asociaron a la velocidad del viento y la precipitación (esta última no significativa), de tal manera que, en sitios con condiciones favorables para la dispersión por viento (mayor velocidad del viento y menor precipitación) las especies presentaron habilidades de dispersión menores y en sitios con condiciones desfavorables con características opuestas, las especies presentaron mayores habilidades de dispersión por viento. Esto sugiere un equilibrio entre costos y beneficios, donde en condiciones favorables se relaja la inversión en dispersión. Que la habilidad de dispersión por viento en especies con papus setoso se explique por las condiciones ambientales mientras que éstas no explican la habilidad de las que poseen otro tipo de papus, refuerza la idea del papus setoso como adaptación a la dispersión por viento. Las condiciones ambientales influyen sobre el fenotipo de las especies.

En la dispersión por viento, alcanzar ambientes favorables resulta impredecible y parecería depender del equilibrio entre los costos y beneficios de invertir en estructuras de dispersión. Así, especies en ambientes propicios podrían reducir su inversión en dispersión y destinar recursos a la supervivencia y la germinación. Este ajuste se refleja en la relación entre la masa de la diáspora y el área del papus, que conjuntamente determinan la capacidad de dispersión por viento. Aunque los patrones ecogeográficos aquí observados no implican causalidad directa, invita a que futuras investigaciones indaguen sobre su impacto en el *fitness* y la adaptación.

➤ **Palabras clave:** Patrones ecogeográficos, velocidad de asentamiento, respuesta funcional, diásporas, modelos filogenéticos comparados.

COMPENSACIÓN ENTRE DISPERSIÓN Y GERMINACIÓN: SELECCIÓN FENOTÍPICA EN RASGOS DE LA DIÁSPORA DE *VERNONANTHURA NUDIFLORA* (VERNONIEAE, ASTERACEAE)

TRADE-OFF BETWEEN DISPERSAL AND GERMINATION: PHENOTYPIC SELECTION ON DIASPORE TRAITS OF *VERNONANTHURA NUDIFLORA* (VERNONIEAE, ASTERACEAE)

Santiago Martín Costas*, Matías Cristian Baranzelli, Andrea Arístides Cocucci

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
* <scostas@imbiv.unc.edu.ar>

[ORAL]

La capacidad de colonización en plantas, integrando dispersión y germinación, es un proceso crítico para la persistencia y adaptación de las poblaciones de una especie. Este estudio evaluó cómo la selección fenotípica actúa sobre rasgos morfológicos de las diásporas de *Vernonanthura nudiflora* (Asteraceae), analizando la influencia de estos rasgos sobre la habilidad de dispersión por viento, éxito de la germinación y el balance entre ambos procesos. Se hipotetizó que la masa de la diáspora estaría sujeta a selección estabilizadora debido al conflicto entre los dos roles que cumple, germinación y dispersión. En tanto, el área del papus, que sólo favorece la dispersión, presentaría un patrón de selección direccional positiva. Se midieron rasgos como masa, volumen de la cipsela, área del papus y altura de la planta en cinco subpoblaciones, combinando experimentos de germinación controlada y mediciones de velocidad de asentamiento (VA) mediante un tubo vertical. La capacidad de colonización (clz) se estimó como el producto estandarizado entre la inversa de la VA y la probabilidad de germinación. Mediante modelos lineales mixtos, análisis de gradientes de selección y regresiones no paramétricas, se evaluó la selección fenotípica a nivel materno (individuos) y filial (diásporas). Los resultados mostraron mayor variación fenotípica dentro y entre individuos que entre subpoblaciones. La masa tuvo la mayor oportunidad de selección entre los rasgos estudiados y presentó un patrón de selección estabilizadora a través de clz, atribuible a patrones opuestos de selección asociados a las medidas de éxito reproductivo que componen a clz: direccional positiva a través de éxito de la germinación y negativa a través de la habilidad dispersión. El área del papus mostró, a nivel filial, selección direccional positiva tanto a través de la habilidad dispersión como de clz y, a nivel materno, un patrón estabilizador leve.

Este patrón estabilizador, sugiere una limitación en la inversión en diásporas pesadas, cuyas mayores masas no serían compensadas con mayores áreas de papus, ya que no se observa tampoco correlación entre estos rasgos. A nivel filial, la masa mostró selección estabilizadora, mientras que el papus mantuvo un gradiente positivo. La selección correlacional entre masa y papus solo fue significativa a nivel filial. La ausencia de covariación materna entre masa y papus indicaría que no habría compensación morfológica óptima para ambos procesos. En cambio, la gran variabilidad intraindividual en la masa sugiere una adaptación a ambientes ruderales a través de la estrategia de distribución de riesgos en la progenie. En conjunto, estos hallazgos revelan un trade-off entre dispersión y germinación, ambos procesos conectados principalmente a través de la masa de las diásporas, que resulta estar sujeta a un patrón de selección estabilizador como resultado. La variabilidad intraindividual sugiere una estrategia evolutiva para distribuir riesgos en ambientes ruderales, resaltando la importancia de considerar múltiples escalas fenotípicas en estudios de selección natural.

➤ **Palabras clave:** Éxito reproductivo, colonización, velocidad de asentamiento, variación intraindividual.

PATRONES ECOMORFOLÓGICOS Y DIMORFISMO SEXUAL EN LA ALETA DORSAL DE *ORCINUS ORCA* (CETARTIODACTYLA: DELPHINIDAE) DEL OCÉANO PACÍFICO Y DE ANTÁRTICA

ECOMORPHOLOGICAL PATTERNS AND SEXUAL DIMORPHISM IN THE DORSAL FIN OF *ORCINUS ORCA* (CETARTIODACTYLA: DELPHINIDAE) FROM THE PACIFIC OCEAN AND ANTARCTICA

Franco Cruz-Jofré[1,2*], Frederick Toro[1,3], Rodrigo Órdenes[4], Jorge Gibbons[5], Juan Capella[6], Moisés A. Valladares[7], Hugo Benítez[2,4,7]

[1] Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria Universidad Santo Tomás, Viña del Mar, Chile.
[2] Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
[3] ONG Panthalassa, Red de Estudios de Vertebrados Marino en Chile, Santiago, Chile.
[4] Laboratorio de Ecología y Morfometría Evolutiva, Instituto One Health, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
[5] Universidad de Magallanes, Punta Arenas, Chile.
[6] Fundación Whalesound, Chile.
[7] Research Ring in Pest Insects and Climate Change (PIC[2]), Santiago, Chile.
[*] <f.cruzjofre@gmail.com>

[ORAL]

Orcinus orca es una especie cosmopolita y uno de los mamíferos marinos más estudiados. Se han descrito diversos ecotipos, los que presentan diferencias conductuales, genéticas y ecológicas (ej. presas que consumen), además de variaciones en tamaño, coloración y un marcado dimorfismo sexual, con machos significativamente más grandes. En este contexto de alta diversidad morfológica, se evaluó la forma de la aleta dorsal en seis ecotipos de orca. Este rasgo se destaca por ser de las pocas especies de delfínidos con dimorfismo sexual en el tamaño de la aleta. La amplia distribución en aguas tropicales hasta zonas polares, permite evaluar aspectos adaptativos y ecomorfológicos en esta especie. Se analizaron fotografías laterales de la aleta dorsal de individuos del Océano Pacífico (ambos hemisferios), zonas antárticas y subantárticas. Se utilizaron 25 landmarks para caracterizar la forma mediante morfometría geométrica, evaluando variación según tipo de hábitat, ecotipo, sexo y latitud. Las comparaciones entre grupos se realizaron mediante distancias de Mahalanobis y análisis PERMANOVA. Se observó que los ecotipos de aguas frías presentan aletas más angostas en su base y menor diversidad morfológica. Las hembras de hábitats pelágicos mostraron aletas más curvas que las de poblaciones costeras, además, los ecotipos B y D presentaron mayor dimorfismo sexual en la forma de la aleta. Estudios en delfines pequeños (ej. *Cephalorhynchus* spp) indican que las poblaciones de aguas frías tienen aletas más pequeñas, mientras que en especies de mayor tamaño (ej. *Globicephala* spp) el patrón es inverso, asociado a la dificultad para disipar calor corporal.

Aunque la aleta dorsal cumple funciones ecofisiológicas, nuestros resultados no respaldan un patrón concordante con la regla de Allen, (e.i. aletas más pequeñas en zonas frías) sugiriendo procesos más complejos que podrían incluir especialización de hábitat, hidrodinámica y/o divergencias entre linajes sobre la evolución de este rasgo morfológico.

➤ **Palabras clave:** Divergencias morfológicas, ecomorfología, regla de Allen.

➤ MUSCULOSKELETAL SYSTEM AND BIOMECHANICS IN A SEMITERRESTRIAL TADPOLE

SISTEMA MUSCULOESQUELÉTICO Y BIOMECÁNICA EN UN RENACUAJO SEMITERRESTRE

Diego de Almeida da Silva[1,2]*, Vanessa Kruth Verdade[2], Florencia Vera Candioti[1]

1 Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
2 Universidade Federal do ABC, Centro de Ciências Naturais e Humanas, São Paulo, Brazil.
* <d.dealmeida@conicet.gov.ar>

[ORAL]

Most animal species exhibit complex life cycles, divided into two or more ontogenetic stages. These stages generally have distinct ecologies and well-defined body plans, resulting in some degree of pre- and post-metamorphic adaptive decoupling. Anurans are a notable example, their phenotypic diversity during the larval phase being commonly associated with feeding strategies. However, other factors may be equally important in the family Cycloramphidae. Their tadpoles are semiterrestrial or nidicolous, inhabiting non-submerged environments where they use keratinized jaw sheaths for locomotion. In cycloramphids, the jaw sheath acts as an anchoring point, raising the hypothesis that it may have important biomechanical implications. Here we performed biomechanical modeling of jaw sheath opening in a *Cycloramphus dubius* tadpole, along with its morphological description. The tadpole is small, with a depressed body in lateral view, a ventral oral disc, and a keratinized, laterally compressed jaw sheath. Larval muscles and chondrocranium were segmented from microCT scans; both data sets follow the general anatomical pattern described for the genus. The resulting meshes were used to estimate muscle forces and build a finite element model in FEBio Studio. For this purpose, the cartilages were treated as slightly compressible nonlinear elastic materials. This pioneering approach proved to be a promising framework for understanding the evolution of complex functional traits. The model revealed that the corresponding muscle activation generates strain distributed throughout the quadratocranial commissure region. The resulting deformation causes the palatoquadrates to displace downward, allowing rotation of Meckel's cartilages, while elevating the trabecular horns and lifting the suprarostral cartilages. This entire movement expands the buccopharyngeal cavity, generates stress along the ventromedial surface of Meckel's cartilages, and produces substantial deformation in the ascending processes.

➤ **Keywords:** Cycloramphus, chondrocranium, ecomorphology larvae, finite element analysis.

FUNCTIONAL TRAIT NETWORKS REVEAL PATTERNS OF CENTRALITY, INTEGRATION, AND MODULARITY IN BIRDS

LAS REDES DE RASGOS FUNCIONALES REVELAN PATRONES DE CENTRALIDAD, INTEGRACIÓN Y MODULARIDAD EN LAS AVES

Ricardo S. De Mendoza[1,2], Julieta Carril[1,3*], Claudia P. Tambussi[4]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
[2] Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[3] Departamento de Biología, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
[4] Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET, Córdoba, Argentina.
* <julyetacarril@gmail.com>

[POSTER]

We compared networks of functional morphological traits in birds, that is, those characteristics that directly influence the biological fitness of organisms and act as evolutionary drivers. Trait network analysis is a valuable tool to understand the behavior of the avian phenotype when considering birds grouped by different primary lifestyles (PLS: aerial, insessorial, terrestrial, aquatic and generalist) and trophic niches (TN: aquatic predator, frugivore, granivore, herbivore, invertivore, nectarivore, omnivore, and vertivore). Based on graph theory, we analyzed the *degree* and *strength* of each node to identify the most central traits. Also, we used the network parameters *average strength*, *average shortest path length*, and *density* to assess whether different PLS and TN exhibit greater integration among their traits, and applied the cluster walktrap algorithm to determine whether different PLS and TN differ in their modular organization. All data were extracted from AVONET, a large dataset containing individual-level measurements of continuous morphological traits (beak length to nares, beak length to culmen, beak width, beak depth, wing length, length of the first secondary feather, tarsus length, tail length, and body mass) and ecological variables (PLS and TN) for 11.009 extant bird species across 36 orders. Body mass and wing traits are the most central traits, making them key factors in driving major phenotypic variation and exerting significant influence over other traits. Differences in trait integration were found among both PLS and TN. Modularity varied mainly across TN, although with unexpected patterns in the distribution of beak and postcranial traits across modules. One of the most noticeable results was that vertivores show a *density* (*i.e.*, the number of existing connections within traits with respect to the maximum possible) of 1. High levels of integration and low levels of modularity between traits limit the evolvability.

On the contrary, low levels of integration and high levels of modularity facilitate the evolution of functional specialization, since modules respond differently to selective forces. Unexpectedly, our results do not clearly show differences on integration between different PLS and TN, although there is more variability on the modular organization between the different TN than the different PLS.

➤ **Keywords:** Anatomical network analysis, Aves, graph theory, primary lifestyles, trophic niches.

VARIATION AND HOMOLOGY OF THE PREINCISIVE FORAMINA OF NEW WORLD MONKEYS (PRIMATES: PLATYRRHINI)

VARIACIÓN Y HOMOLOGÍA DEL FORÁMEN PREINCISIVO DE MONOS DEL NUEVO MUNDO (PRIMATES: PLATYRRHINI)

Vítor Emídio de Mendonça*, Fernando Araújo Perini

Departamento de Zoologia da Universidade Federal de Minas Gerais, Minas Gerais, Brazil.
* <emidio.vm@gmail.com>

[ORAL]

Foramina in the skull of mammals are associated with many aspects of their biology, such as vascularization and innervation of soft tissues. While the contents and variation of many foramina of the primate skull are mostly understood, many small apertures are yet to be fully described. These include the preincisive foramina, a group of variable openings lateral or anterior to the incisive foramina. Despite being common in platyrrhine monkeys, these gaps have not been explored as to their homology and variation. In this work we survey the variation and propose hypotheses regarding the homology and evolution of the preincisive foramina in Platyrrhini. We analyzed skulls of 46 species and 11 genera of New World monkeys. We evaluate all foramina present on the palate, other than the incisive and palatine foramina, which have been well described elsewhere. There is a wide variation in morphology of the foramina of the palate of platyrrhines. We recognize four main foramina, all of which may be divided into smaller apertures. The most anterior of these are in the premaxilla, usually at the same level or just anterior to the incisive foramen; this appears to be present in all species examined, but is sometimes absent in some specimens. Just anterior to the septum between the incisive foramina there is, in some species, a small, unpaired foramen. This foramen seems to be present in and characterize a few lineages (e.g., the *Callicebus moloch* group, though it is most frequent in some species than in others). Between the level of the canine and first premolar is the second most common foramen, often observed in at least some specimens in each genus. Finally, one to five foramina are placed medially to the premolar row. These are most often observed in Callitrichinae, but appear to be absent or rare in all other genera evaluated. It seems possible that these last two groups of foramina may be homologous to each other, as they rarely occur simultaneously. All foramina seem to vary inter- and intraspecifically, but this variation appears to be constrained differently in different species. It should be noted that, usually, none of these foramina are identifiable in specimens without full eruption of permanent dentition. This is not unexpected, given that the premaxillae and maxillae change considerably during ontogeny and dental eruption.

In some young specimens the foramina are closer to the toothrow than the observed for adults of the same species, which may indicate that they can be related to dental eruption patterns. More detailed information on soft-tissue anatomy and ontogeny of the New World monkey palate is needed to fully elucidate and confirm or refute the hypotheses here presented.

➤ **Keywords:** Comparative anatomy, evolution, intraspecific variation, interspecific variation.

MACROECOLOGÍA DEL TAMAÑO CEREBRAL EN QUIRÓPTEROS (MAMMALIA: CHIROPTERA): CONSECUENCIAS PARA LA DISTRIBUCIÓN DE MAMÍFEROS A NIVEL MUNDIAL

MACROECOLOGY OF BRAIN SIZE IN CHIROPTERA (MAMMALIA: CHIROPTERA): CONSEQUENCES FOR THE DISTRIBUTION OF MAMMALS WORLDWIDE

Carlos Javier Diaz-Acevedo[1]*, Nicolas Espinoza-Aravena[1], Enrique Rodríguez-Serrano[1], Cristián E Hernández[2]

[1] Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

[2] Laboratorio de Ecología Evolutiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de San Sebastián, Concepción, Chile.

* <carlosjdiaz@udec.cl>

[ORAL]

El tamaño cerebral en mamíferos, medido mediante el coeficiente de encefalización (EQ), se ha relacionado con capacidades cognitivas, ecológicas y sociales. No obstante, su variación no ha sido evaluada en un contexto espacial explícito, ni se han contrastado las predicciones derivadas de hipótesis ecológicas y evolutivas respecto a la distribución de esta característica. En este estudio se evaluará el patrón macroecológico del tamaño cerebral y su relación con distintas variables del paisaje, asociadas a diversas hipótesis que explican su variación. La Hipótesis del Cerebro Costoso, que predice cerebros más grandes en regiones con alta productividad primaria; la Hipótesis del Tejido Costoso, que asocia cerebros grandes con dietas energéticas y fáciles de digerir; la Hipótesis Ecológica del Cerebro, que predice cerebros más grandes en ambientes complejos; y la Hipótesis del Amortiguador Cognitivo, que asocia cerebros grandes con entornos estocásticos. Para ello, se integraron datos de distribución de especies obtenidos de GBIF, valores de EQ obtenidos de la literatura y PanTHERIA para 293 especies de murciélagos, con representación de la diversidad global. Para evaluar los patrones de la distribución del EQ se aplicaron los índices Getis-Ord Gi* y LISA que detectan agrupamientos espaciales significativos (hotspots y coldspots), y para evaluar las predicciones de las hipótesis mencionadas, se implementaron modelos aditivos mixtos (GAMs) con residuos autocorrelacionados (RAC) que permite evaluar relaciones no lineales entre distintas variables del paisaje y el EQ. Los resultados revelan la existencia de hotspots de EQ en regiones tropicales. Además, mostraron que las variables topográficas (modelo TPI + RAC) explicaron la mayor proporción de la variabilidad del EQ (R^2 ajustado = 0.343), mientras que las variables climáticas y de productividad primaria mostraron un poder explicativo menor.

Estos hallazgos solamente apoyan la Hipótesis Ecológica del Cerebro, sugiriendo que la complejidad estructural del paisaje podría desempeñar un papel clave en la distribución y evolución del tamaño cerebral en quirópteros. Estos resultados permiten identificar regiones donde el entorno favorecería el desarrollo de cerebros más grandes, aportando evidencia sobre cómo factores ecológicos y evolutivos interactúan en la configuración del tamaño cerebral en mamíferos a escala macroecológica. Este estudio fue financiado por los proyectos FONDECYT Nº 1240219 y Nº 1220998.

➤ **Palabras clave:** Biodiversidad, biogeografía, encefalización, heterogeneidad ambiental.

A GEOMETRIC MORPHOMETRICS ANALYSIS OF THE SCAPULA OF CALLICEBINAE (PRIMATES: PITHECIIDAE)

APLICACIÓN DE LA MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA EN EL ANÁLISIS DE LA ESCÁPULA DE CALLICEBINAE (PRIMATES: PITHECIIDAE)

Maru Farías Silva*, Vítor E. de Mendonça, Fernando A. Perini

Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Zoologia, Belo Horizonte, MG, Brasil.
* <marcellefarsil@gmail.com>

[POSTER]

The genus *Callicebus* comprises Neotropical primates widely distributed across South America, occupying distinct environments, which may lead to different locomotor strategies depending on the arboreal strata preferred by each species. Scapular shape analysis may be a key tool for understanding locomotor adaptations to specific habitats. This study uses geometric morphometrics to characterize patterns of morphological variation in *Callicebus* (*sensu lato*), revealing how skeletal architecture reflects ecological pressures. A total of 56 adult specimens representing 13 *Callicebus* species, from four scientific collections, were analyzed. Ten landmarks on the dorsal and nine on the ventral view were defined and digitized using TPSDig264. The data were processed in MorphoJ, based on the covariance matrix of Procrustes coordinates. PCA was performed separately for each view, with the first three components accounting for approximately 63% of the variance in both views. *C. nigrifrons* occupies a large area of the morphospace, overlapping other species, which may be related to sample sizes. Positive PC1 values differentiate *C. bernhardi* from the closely related *C. moloch* associated with a longer contour of the suprascapular curvature and inclination of the inferior angle. *C. coimbrai* stands out from related species (*C. personatus*, *C. barbarabrownae*) due to negative PC2 values, indicating a shortening of the medial margin and an upward displacement of the scapular spine in dorsal view. Lastly, PC3 shows a rotation along the superior margin of the scapula, which is associated with a sharp separation between species in the *moloch* (*C. moloch*, *C bernhardi*, *C. brunneus*) and the larger species of the *personatus* group (*C. nigrifrons*, *C. personatus*), possibly related to allometric factors. Further studies with a larger and more taxonomically diverse sample may reveal patterns still undetected in this work.

Keywords: Allometry, Neotropical primates, scapular variation, shape analysis.

FLIGHT, SHAPE, AND HABITAT FRAGMENTATION: ADAPTIVE DIVERGENCE IN TRIATOMINAE (HEMIPTERA: REDUVIIDAE)

VUELO, FORMA Y FRAGMENTACIÓN DEL HÁBITAT: DIVERGENCIA ADAPTATIVA EN TRIATOMINAE (HEMIPTERA: REDUVIIDAE)

Federico G. Fiad[1*], Julieta Nattero[2,3], Miriam Cardozo[1], Gisel V. Gigena[1,4], Ana López[1,4], Erika Díaz[1], Fernando Carezzano[1], David E. Gorla[5], Claudia S. Rodríguez[1,4]

[1] Cátedra de Morfología Animal y Cátedra de Introducción a la Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
[2] Departamento de Ecología Genética y Evolución, Laboratorio de Eco-Epidemiología y Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina.
[3] Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), CONICET-Universidad de Buenos Aires. CABA, Argentina.
[4] Instituto de Investigaciones Biológicas y Tecnológicas (IIBYT-CONICET), Córdoba, Argentina.
[5] Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA – CONICET), Córdoba, Argentina.
* <federico.fiad@mi.unc.edu.ar>

[POSTER]

Habitat fragmentation in the Gran Chaco Forest has intensified in recent decades, promoting the synanthropic invasion of wild triatomines. We hypothesized that fragmentation drives phenotypic shifts in dispersal-related traits in *Triatoma garciabesi* and *T. guasayana*, with species-specific patterns shaped by life-history strategies. From 2017–2020, we surveyed 131 rural dwellings in northwestern Córdoba, Argentina, collecting triatomines that arrived by flight. Head and wing shape and size were analyzed using geometric morphometrics. Fragmentation metrics—number of patches (NP), landscape shape index (LSI), and aggregation index (AI)—were derived from land-cover maps. We assessed symmetry and fluctuating asymmetry (FA) via Procrustes ANOVA and size using Generalized Linear Models with AIC-based selection. Results revealed species-specific morphological responses. In *T. garciabesi*, head FA increased with NP ($r = 0.23$, $p = 0.016$) and LSI ($r = 0.18$, $p = 0.023$), and decreased with AI ($r = –0.21$, $p = 0.009$). Symmetric wing shape was influenced by NP ($r = 0.26$, $p = 0.040$) and sex ($r = 0.16$, $p = 0.035$). Head centroid size (CS) increased with all fragmentation metrics and sex ($r = 0.60$, $p = 0.0001$); wing CS correlated with NP and sex ($r = 0.54$, $p = 0.0001$), indicating larger structures in fragmented landscapes and females. These findings suggest increased dispersal potential and phenotypic plasticity in *T. garciabesi*. In contrast, *T. guasayana* showed limited morphological variation. Symmetric head shape and FA were weakly associated with NP, LSI, and AI ($r = 0.09–0.10$, $p < 0.05$), while symmetric wing shape and CS were influenced solely by sex. These patterns indicate higher developmental stability and a conservative morphology consistent with a generalist strategy.

Overall, our study highlights how landscape fragmentation can differentially affect vector morphology, with implications for dispersal and disease ecology.

➤ **Keywords:** *Triatoma garciabesi*, *Triatoma guasayana*, phenotypic shifts, dispersion, landscape metrics.

FUNCTIONAL CONNECTIVITY OF AN ENDEMIC SCARAB BEETLE: EFFECTS OF ENVIRONMENTAL AND ANTHROPOGENIC FACTORS

CONECTIVIDAD FUNCIONAL DE UN ESCARABAJO ENDÉMICO DE MÉXICO: EFECTO DE FACTORES AMBIENTALES Y ANTROPOGÉNICOS

Alejandro Flores-Manzanero[1*], Bárbara Cruz-Salazar[2], Itzel Arias-Del Razo[1], Andrés Ramírez-Ponce[3], Arturo Estrada-Torres[1]

1 Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta-Estación Científica La Malinche, Universidad Autónoma de Tlaxcala (UATx), Tlaxcala, México.
2 Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación-Estación Científica La Malinche, Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta, UATx, Tlaxcala, México.
3 Red de Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología A.C. (INECOL), Xalapa, Veracruz, México.
* <afloresm@uatx.mx>

[ORAL]

Land use changes and deforestation are major threats for biodiversity, therefore the assessment and maintenance of functional connectivity (i.e., the degree to which the landscape promotes or impedes individuals' movement across the landscape) among remaining populations are critical, especially for understudied species that also have limited dispersal, such as scarab beetles. In this study, by using a landscape genomics approach, we examine how the functional connectivity of the endemic jewel scarab (*Chrysina adelaida*) is affected in a highly modified temperate forest in central Mexico, specifically in the eastern region of the Transmexican Volcanic Belt. We analyzed 27 individuals genotyped by 103820 SNPs and implemented a novel machine learning-based method that predicts changes in allelic frequencies using random forest models to produce resistance surfaces. We tested six variables characterizing landscape (topography: North-South and East-West orientation; vegetation: pine and oak forests), environmental (precipitation: the first axis of a PCA on precipitation variables), and anthropogenic features (urban settlements), and principal coordinates of neighbor matrices (PCNM) to account for the spatial component in the genetic variation. We found that the first spatial predictor (PCNM1) and precipitation were the most important for predicting the allelic composition variation (R^2 weighted importance). However, the combined R^2 for the six tested variables (i.e. the non-spatial component) was 51.15%, where precipitation (15.49%) and the East-West orientation (10.81%) showed the highest contribution for the global model, emphasizing the importance of environmental and landscape factors. Furthermore, global resistance model depicted higher resistance to gene flow in highly disturbed areas.

These results support the high sensitivity of jewel scarab to humidity and underscore the relevance of orientation in its connectivity patterns, which could be negatively affected by ongoing anthropogenic pressure in the area. Our findings provide valuable information regarding the effects that habitat modification has on functional connectivity of this endemic and understudied species, which could be used for better informing conservation actions.

➤ **Keywords:** *Chrysina adelaida*, gene flow, landscape genomics, modified landscapes, Transmexican Volcanic Belt.

MORFOLOGÍA DEL TEGUMENTO EN TRES ESPECIES DE ANUROS NEOTROPICALES

MORPHOLOGY OF THE INTEGUMENT IN THREE SPECIES OF NEOTROPICAL ANURANS

Adriana Matilde Fort Delprato[1*], María José Tulli[2], Mónica Carina Soliz[1]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Cátedra de Vertebrados, Facultad de Ciencias Naturales-Universidad Nacional de Salta, Salta Capital, Argentina.

[2] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-FML), Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <adrianafort@hotmail.com>

[POSTER]

El tegumento, como interfaz entre el organismo y su entorno, refleja adaptaciones fisiológicas y morfológicas que permiten al organismo llevar a cabo funciones de protección, termorregulación y comunicación en su hábitat. Los vasos sanguíneos posibilitan la obtención de oxígeno, la regulación de temperatura, mientras que las glándulas y verrugas cumplirían, entre otras, funciones de secreción, absorción y depósito de agua. Los anfibios son importantes indicadores de las condiciones del paisaje. En un contexto de cambio climático y de transformación y pérdida de ecosistemas boscosos de Yungas y Chaco, deben adaptarse rápidamente a las nuevas condiciones ambientales para sobrevivir. En este trabajo se incluyeron especies de estas ecorregiones de la provincia de Salta. Se realizaron cortes histológicos de piel de los flancos de *Leptodactylus macrosternum* (semiacuática), *Boana raniceps* (arborícola) y *Phyllomedusa sauvagii* (arborícola) para estudiar cómo la morfología tegumentaria, en particular la densidad y distribución de los vasos sanguíneos, podría influir sobre la adaptación de los anuros a nuevos escenarios con condiciones climáticas cambiantes. Las observaciones comunes a las tres especies estudiadas evidenciaron la presencia de capas epidérmicas y dérmicas ya descritas para el tegumento de anuros. La epidermis presentó surcos aleatoriamente dispuestos. Se observaron también haces de fibras colágenas ascendentes, que conectan la capa subcutánea con la dermis laxa. Los cortes histológicos permitieron observar gran cantidad de vasos sanguíneos distribuidos principalmente en la dermis laxa, en ocasiones formando plexos vasculares. En la misma capa dérmica se observaron glándulas multicelulares mucosas y serosas, sin un arreglo espacial aparente. Se observaron particularidades entre las especies estudiadas, tales como la distribución de células pigmentarias, que en *L. macrosternum* y de *B. raniceps* se disponen de manera aleatoria y dispersa en la dermis laxa, a diferencia de *P. sauvagii*, en que están organizadas en unidades cromatóforas bien definidas.

En *L. macrosternum* se identificó la capa de Eberth-Katschenko con ondulaciones y discontinuidades entre los estratos dérmicos, mientras que en *B. raniceps* y *P. sauvagii* no se observó esta capa. En instancias posteriores se ampliará el estudio, extendiendo las observaciones a otras especies, incluyendo mayor número de ejemplares y estudiando otras áreas de la piel como la zona postorbital-supratimpánica y el parche pélvico. Asimismo, se considerarán variables ambientales de los sitios de distribución, tales como temperatura y precipitación, las que podrían ejercer presiones selectivas sobre los patrones morfológicos del tegumento de las distintas especies.

➤ **Palabras clave:** Ambiente, histología, piel, vasos sanguíneos.

COMPLEJIDAD MORFOLÓGICA E INTEGRACIÓN ANATÓMICA EN EL CRÁNEO DE LOS CÁNIDOS UTILIZANDO ANÁLISIS DE REDES ANATÓMICAS

MORPHOLOGICAL COMPLEXITY AND ANATOMICAL INTEGRATION IN THE CANID SKULL USING ANATOMICAL NETWORK ANALYSIS

Carlos A. Gaitán[1,2,*], Valentina Segura[1,2], Néstor Toledo[2,3], Guillermo H. Cassini[2,4,5]

[1] Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina.
[2] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
[3] División Paleontología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[4] División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales, "Bernardino Rivadavia", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[5] Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina.
[*] <cagaitan@uel.lillo.org.ar>

[ORAL]

Los cánidos (Mammalia: Carnivora) son una familia de mamíferos que presentan una gran diversidad ecológica y funcional, además de una gran variación en el tamaño corporal (TC; 1.3 a > 50 kg). Presentan una importante variabilidad dietaria, abarcando desde especies generalistas (omnívoros) a invertívoros (IN), mesocarnívoros (MC) e hipercarnívoros (HC) estrictos. Se cuantificó la organización de los componentes óseos del cráneo en 18 especies de cánidos, evaluando la influencia de la dieta, el tamaño corporal y la filogenia. Empleamos análisis de redes anatómicas, modelando los componentes óseos como nodos y las suturas/sincondrosis como conexiones, para estimar número de nodos y de conexiones, heterogeneidad (H), densidad de conexiones (complejidad), coeficiente de clusterización (C; integración), longitud media (L) y modularidad (W). Para cada componente óseo se estimaron 3 medidas de centralidad: *betweenness*, grado de conectividad y *hubscore*. Empleamos un análisis generalizado de cuadrados mínimos filogenético, un análisis multivariado de varianza filogenético, un análisis de regresión estandarizado, un análisis de componentes principales (PCA) filogenético y estimamos el grado de señal filogenética utilizando parámetros de escalamiento. Los resultados indican que ni el tamaño corporal, ni la filogenia y ni la dieta explican de forma significativa la organización craneana. Sin embargo, se encontró una correlación entre C y TC ($R^2 = 0.25$, $p = 0.036$), indicando que especies de menor TC presentan cráneos más integrados, probablemente por restricciones alométricas en el desarrollo; y diferenciando a omnívoros del resto de las categorías. Los nodos con mayor centralidad son el complejo etmoidal ($ki = 12–15$) y otros elementos óseos fusionados del basicráneo, destacando su papel en la estabilidad estructural.

Las especies más disímiles (con las demás) respecto a los parámetros de red fueron pequeñas, no cercanamente relacionadas filogenéticamente y diversas en dieta: *Otocyon megalotis* (4,2 kg; IN), *Speothos venaticus* (6,5 kg; HC) y *Vulpes lagopus* (3,7 kg; MC). Estas especies presentaron menor número de componentes óseos (mayor fusión de suturas), alta complejidad e integración, y baja H y W. Especies con dietas más restringidas como HC e IN ocuparon los extremos del morfoespacio (*networkspace*) en el PC2 (explicado por L y C), mientras que los omnívoros y MC se agruparon más centralmente, reflejando una adaptación a dietas más amplias y diversas. Nuestros resultados sugieren que la especialización biomecánica es un factor clave para el desarrollo de la arquitectura craneal en cánidos, y que es mediada principalmente por el patrón de fusión de los componentes óseos a una edad adulta temprana.

➤ **Palabras clave:** Análisis de grafos, Canidae, ecología evolutiva, modularidad, morfología funcional.

ECOMORFOESPACIO EN *CAMPONOTUS* (HYMENOPTERA: FORMICIDAE): UNA PROPUESTA PARA LA EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA MEDIANTE ADAPTACIONES DE NIDIFICACIÓN EN HORMIGAS CARPINTERAS DE SUDAMÉRICA

ECOMORPHOSPACE IN *CAMPONOTUS* (HYMENOPTERA: FORMICIDAE): A PROPOSAL FOR MORPHOLOGICAL EVOLUTION THROUGH NESTING ADAPTATIONS IN SOUTH AMERICAN CARPENTER ANTS

Alvaro Galbán[1,2*], Andrea Fuster[1], Luciana Elizalde[2]

[1] Instituto de Protección Vegetal (INPROVE), FCF-UNSE. Santiago del Estero, Argentina.
[2] Laboratorio de Investigaciones en Hormigas (LIHo)- INIBIOMA-CONICET.
* <alvarogalban@gmail.com>

[ORAL]

Las presiones ecológicas pueden actuar como impulsores de procesos adaptativos, facilitando la explotación de nichos divergentes y, en consecuencia, promoviendo la diversificación biológica. En hormigas, el nido constituye un componente central de su historia natural, donde la variabilidad morfológica puede reflejar adaptaciones a microhábitats específicos de nidificación. Las hormigas carpinteras (género *Camponotus*) exhiben un amplio espectro de sitios de nidificación, desde nidos subterráneos hasta construidos en el dosel. Aquí, investigamos la variabilidad morfológica de la casta obrera en *Camponotus* de Sudamérica para establecer su morfoespacio y evaluar cómo los sitios de nidificación influyen en la diversificación morfológica dentro del género. Para ello, estudiamos 44 especies del género mediante análisis multivariados (PCA) sobre datos morfogeométricos (en 2D de cabeza, mesosoma y pronoto), más medidas lineales (largo/ancho de la procoxa y metafémur), utilizando los sitios de nidificación como clasificador (nido en: bambú; construidos; ramitas; suelo; troncos y variable, en más de un tipo de sitio). Los resultados indicaron que el morfoespacio de obreras de *Camponotus* se distribuye en múltiples direcciones, definidas por los diferentes sitios de nidificación, donde la cabeza fue el rasgo más informativo. Las especies de suelo mostraron la variación de forma más uniforme en cuanto a su dirección de cambio, con *C. pellitus* y *C. rosariensis* ocupando el centro del morfoespacio. Esto sugiere que estas dos especies presentan el plan morfológico de base para la diversificación del género. Las especies que nidifican en ramitas exhibieron la mayor variabilidad morfológica interespecífica, con la identificación de tres morfotipos diferentes. Las especies de nidificación variable se superponen con uno de ellos. Las especies de *Camponotus* que nidifican en tronco mostraron una variabilidad moderada entre sus especies, con tendencia a la convergencia morfológica entre sí.

Las especies constructoras se ordenaron de forma dispersa en el morfoespacio, mientras que *C. depressus* (que nidifica en bambú) se superpuso con las especies que nidifican en el suelo. Así, el morfoespacio resultante demuestra que *Camponotus* exhibe una alta variación morfológica que permite establecer cuatro síndromes ecomórficos de nidificación entre sus especies. Nuestros resultados, junto con estudios morfoanatómicos en hormigas, ofrecen un marco sólido para interpretar la morfología externa desde una perspectiva morfofuncional, mejorando nuestra comprensión de los patrones evolutivos en hormigas.

➤ **Palabras clave:** Casta obrera, forma cefálica, síndrome ecomórfico de nidificación, variación de forma.

MORFOLOGÍA Y RELACIÓN DE LAS ESTRUCTURAS ACÚSTICAS DE LOS ANUROS Y SU VARIACIÓN EN FUNCIÓN DEL HÁBITAT EN LAS SELVAS DE YUNGAS DE ARGENTINA

MORPHOLOGY AND RELATIONSHIP OF THE ACOUSTIC STRUCTURES OF ANURANS AND THEIR VARIATION ACCORDING TO HABITAT IN THE YUNGAS FORESTS OF ARGENTINA

Walter Javier Gonzalez Raffo [1*], Martín Boullhesen [2], Mauricio Sebastían Akmentins [2], Virginia Abdala[1,3]

[1] Instituto de Biodiversidad Neotropical (CONICET), Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
[2] Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA), CONICET - UNJu. San Salvador de Jujuy.
[3] Facultad de Cs. Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <javiergonzalezraffo@gmail.com>

[ORAL]

La comunicación acústica es uno de los principales modos de interacción social en los anuros y está mediada por dos sistemas integrados: el aparato vocal, que produce cantos específicos de cada especie, y el sistema auditivo, encargado de detectar y procesar las señales. Aunque el mecanismo básico de fonación y audición se presume compartido por la mayoría de las especies, existe una notable variación en la estructura del canto que podría estar asociada a restricciones morfológicas y del uso del hábitat. A pesar de su importancia, los estudios integradores sobre la morfología del aparato acústico, el canto y el hábitat son escasos, y suelen centrarse en estructuras aisladas o en taxones cercanos filogenéticamente. En este estudio analizamos la morfología interna de la laringe, el hioides y el oído en anuros neotropicales de las selvas de Yungas de Argentina y evaluamos la relación entre las medidas morfométricas y los parámetros espectrales/temporales de los cantos de anuncio de especies de anuros de las selvas de las Yungas dentro de un marco filogenético y teniendo en cuenta el tipo de hábitat de vocalización y percha de canto. Hipotetizamos relaciones entre los patrones morfológicos y acústicos distintivos asociados a las estrategias ecológicas de las especies, que reflejan tanto exigencias funcionales como una historia evolutiva compartida. La morfología de los sistemas de comunicación en las especies analizadas se mostró variable en forma y tamaño, también se relaciona con los parámetros espectrales y temporales del canto de anuncio. No se encontraron patrones claros que permitan separar a las especies por su canto en función del tipo de hábitat o percha de canto. Sin embargo, se observó una relación entre las variables espectrales acústicas y factores como el tamaño corporal, la temperatura y la morfología del aparato vocal y auditivo.

Por lo tanto, aunque el canto de anuncio de las especies depende de estos múltiples factores, la morfología de las estructuras implicadas en su producción parece tener la influencia más directa.

➤ **Palabras clave:** Ecomorfología acústica, anfibios, bioacústica.

EFECTOS ECOSISTÉMICOS DE LA VARIABILIDAD INTRAESPECÍFICA EN PASTIZALES NATURALES BAJO PASTOREO. UN ABORDAJE DESDE EL MODELADO MATEMÁTICO

ECOSYSTEM EFFECTS OF INTRASPECIFIC VARIABILITY IN GRAZED NATURAL GRASSLANDS. A MATHEMATICAL MODELING APPROACH

Lucas D. Gorné

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC). Córdoba. Argentina.
* <gorneld@gmail.com>

[POSTER]

En las últimas décadas se ha demostrado que la evolución fenotípica es un fenómeno frecuente en tiempos contemporáneos. A su vez, se ha observado que variaciones intra-específicas pueden conducir a modificaciones en los procesos ecosistémicos de magnitud similar a aquella observada ante cambios en la composición de especies. Sin embargo, la mayor parte de la evidencia en relación a este último punto proviene de sistemas experimentales altamente simplificados y sujetos a manipulaciones fenotípicas deliberadamente contrastantes. Esto último plantea la duda sobre la importancia relativa que pueden tener los cambios fenotípicos intra-específicos no experimentales, y la evolución contemporánea, en la determinación de los procesos ecosistémicos. El presente trabajo se propone explorar y discutir el abordaje de este problema mediante el modelado matemático. Para ello, se analizará la contribución relativa de la variabilidad intraespecífica sobre la productividad primaria neta en pastizales de altura, con diferentes cargas ganaderas. La herbivoría por ganado doméstico es una fuerza estructuradora fundamental en los ecosistemas terrestres, influyendo sobre la fisonomía de la vegetación, la estructura comunitaria, y las características fenotípicas de las poblaciones. Los pastizales de altura de las Sierras Grandes de Córdoba presentan un mosaico de parches de vegetación con diferentes fisonomías y comunidades vegetales. Entre estas comunidades, los céspedes de Lachemilla-Festuca-Carex o Lachemilla-Eleocharis y los pajonales de Poa se desarrollan en las mismas unidades fisiográficas. Se ha observado que la exclusión del pastoreo resultante de la creación del Parque Nacional Quebrada del Condorito en 1996, condujo a una transición desde esos céspedes a los pajonales de Poa. Tomando como punto de partida la información generada previamente sobre el sistema de estudio y usando la teoría de escalamiento metabólico, se modelará el proceso ecosistémico y se realizará un análisis de sensibilidad para determinar qué cambios intra-específicos podrían modificar el proceso, y en qué medida. Así como para generar hipótesis evolutivas que puedan ser luego abordadas empíricamente.

Dado el fuerte control de las variables ambientales sobre la productividad primaria neta, se espera que los cambios intra-específicos tengan un efecto amortiguador respecto de los cambios en la composición comunitaria, sobre el proceso.

➤ **Palabras clave:** Productividad primaria neta, teoría de escalamiento metabólico, análisis de sensibilidad, contraste de alambrado.

ENTRE LA CONVERGENCIA Y LA HISTORIA: EVOLUCIÓN DE LA GENITALIA EN LOS 'FALSOS LOMECHUSINI' (STAPHYLINIDAE: ALEOCHARINAE: COLEOPTERA)

BETWEEN CONVERGENCE AND HISTORY: EVOLUTION OF GENITALIA IN THE 'FALSE LOMECHUSINI' (STAPHYLINIDAE: ALEOCHARINAE: COLEOPTERA)

Juliette Gualdrón[1,2*], Melisa Olave[1,3,4], Mariana Chani[1]

[1] Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Aridas (IADIZA), CCT CONICET Mendoza. Mendoza, Argentina.
[2] Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[4] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Reino Unido.
* <jgualdron@mendoza-conicet.gob.ar>

[ORAL]

Los "falsos Lomechusini" conforman un linaje neotropical de Aleocharinae (Staphylinidae), caracterizado por su asociación con insectos sociales, principalmente hormigas y termitas. Debido a su notable convergencia morfológica con miembros de la tribu Lomechusini, atribuida a adaptaciones a la vida asociada con insectos sociales, estos taxones fueron históricamente incluidos en dicha tribu. No obstante, estudios filogenéticos previos basados en datos moleculares, han revelado que estos grupos no pertenecen a Lomechusini, sino que forman un clado independiente dentro de Athetini, estrechamente relacionado con representantes de Ecitocharini. Esta convergencia morfológica ha dificultado históricamente su delimitación taxonómica, lo que subraya la necesidad de explorar caracteres morfológicos menos influenciados por presiones ecológicas, como aquellos presentes en la genitalia. En este trabajo, analizamos la evolución morfológica del edeago, i.e., lóbulo medio y parámeros, y la espermateca en un contexto filogenético. Para ello, realizamos un análisis filogenético basado en secuencias moleculares de 10 loci (4 nucleares y 6 mitocondriales), incluyendo representantes de los llamados "falsos Lomechusini", así como de los Lomechusini, Ecitocharini y Athetini. Posteriormente, calibramos temporalmente el árbol utilizando datación de nodos a partir de información fósil disponible para el grupo y, finalmente, reconstruimos la evolución de caracteres morfológicos de la genitalia a nivel genérico. Este enfoque nos permitió reconstruir la evolución de las estructuras genitales ancestrales, las cuales muestran una historia evolutiva que contrasta con la convergencia morfológica externa observada en el grupo. Además, se identificaron posibles sinapomorfías que podrían contribuir a redefinir los límites genéricos.

En conjunto, los resultados ofrecen nuevas herramientas taxonómicas y una base robusta para futuros estudios sobre la evolución morfológica y la convergencia adaptativa en Aleocharinae.

➤ **Palabras clave:** Estafilínidos, filogenia, edeago, espermateca, Athetini.

➤ EL ÍNDICE HETERÓFILO/LINFOCITO COMO MARCADOR HEMATOLÓGICO DE LA RESPUESTA INMUNITARIA FRENTE A LA CARGA PARASITARIA EN AVES SILVESTRES

THE HETEROPHIL/LYMPHOCYTE RATIO AS A HEMATOLOGICAL MARKER OF THE IMMUNE RESPONSE TO PARASITIC LOAD IN WILD BIRDS

Camila Hernández*, Victoria Ramírez

Departamento de Biología Celular y Genética, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras.
* <camilahernandez@unah.hn>

[POSTER]

Estudios previos han demostrado que los ectoparásitos y endoparásitos afectan negativamente la salud y adecuación de las aves silvestres, actuando como una fuerza selectiva clave en la evolución al moldear defensas inmunitarias y estrategias parasitarias. Factores como la migración, el déficit nutricional, la fragmentación del hábitat y el cambio climático influyen en la incidencia de infecciones, comprometiendo el sistema inmune de las aves. La relación heterófilos-linfocitos (H/L) es un índice utilizado para evaluar el estrés fisiológico y la respuesta inmune, reflejando el costo adaptativo de las infecciones. Este estudio evalúa la prevalencia y diversidad de ecto y endoparásitos en aves silvestres de un ecosistema agroforestal en La Libertad, Comayagua (Honduras), durante la época seca de 2025. Se plantea que una mayor carga parasitaria estará asociada con una relación H/L más alta, indicando mayor estrés fisiológico. Se realizaron mediciones morfométricas, recolección de ectoparásitos y toma de muestras sanguíneas para el conteo H/L e identificación molecular de endoparásitos. Este estudio busca aportar al entendimiento de la dinámica huésped-parásito, resaltando las presiones selectivas actuales que afectan a las aves y proporcionando herramientas más precisas para monitorear su salud y su posible impacto en la historia de vida y aptitud evolutiva.

➤ **Palabras clave:** Conteo de H/L, endoparásitos, ectoparásitos, estrés fisiológico, sistema inmune.

WING SHAPE CHANGES AS A PROXY FOR INVASION SUCCESS IN ANTARCTICA: THE CASE STUDY OF *PSYCHODA ALBIPENNIS* (PSYCHODIDAE) USING GEOMETRIC MORPHOMETRICS

CAMBIOS EN LA FORMA ALAR COMO INDICADOR DEL ÉXITO DE INVASIÓN EN LA ANTÁRTICA: EL CASO DE PSYCHODA ALBIPENNIS (PSYCHODIDAE) MEDIANTE MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA

Jordan Hernandez-Martelo[1,2,3,4,9*], Tamara Contador[3,4,9], Melissa Gañan[3,4,9], Katherine Chávez[3,4,9], Juan Pablo Guitierrez[5], Peter Convey[3,4,6,7], Gunnar Mikalsen Kvifte[10], Hugo A. Benítez[2,3,4,8]

[1] Programa de Doctorado en Salud Ecosistémica, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
[2] Laboratorio de Ecología y Morfometría Evolutiva, Instituto One Health, Universidad Andrés Bello, Caracas, Venezuela.
[3] Millennium Institute Biodiversity of Antarctic and Sub-Antarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile.
[4] Cape Horn International Center (CHIC), Centro Universitario Cabo de Hornos, Universidad de Magallanes, Puerto Williams, Chile.
[5] Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
[6] British Antarctic Survey (BAS), Natural Environment Research Council, Cambridge, UK.
[7] Department of Zoology, University of Johannesburg, Auckland Park, South Africa.
[8] Research Ring in Pest Insects and Climate Change (PIC2). Santiago, Chile.
[9] Laboratorio Wankara, Centro Internacional Cabo de Hornos. Chile.
[10] Department of Biosciences and Aquaculture, Nord University, Norway.
* <jocahema123@gmail.com>

[POSTER]

Despite growing awareness of the impacts of non-native species, they continue to arrive in pristine ecosystems such as Antarctica, where some manage to establish and develop invasive potential. *Psychoda albipennis* (Diptera: Psychodidae), commonly known as the "moth fly," represents the most recent recorded introduction to the White Continent, first observed during the austral summer of 2019–2020 on King George Island. Its presence has extended beyond scientific stations, being detected in natural environments, which increases its ecological risk. This study aims to understand the morphological adaptive patterns of *P. albipennis* in response to the extreme conditions of the Antarctic ecosystem. We hypothesize that, as a non-native species in a colonization phase, it requires rapid wing modifications to survive, establish, and disperse. To test this hypothesis, we compared Antarctic populations (Escudero and Artigas bases), where the species is exotic, with sub-Antarctic populations (Tierra del Fuego region), part of its natural distribution due to its cosmopolitan character. This region was selected for its geographic proximity and its key role in logistics to Antarctica.

Through geometric morphometric analyses, we detected preliminary differences in wing shape and size between the two regions, suggesting a possible rapid morphological response to the continent's environmental conditions.

➤ **Keywords:** Non-native species, morphological adaptation, King George Island, invasion potential.

VARIACIÓN MORFOLÓGICA DENTAL Y SU RELACIÓN CON LOS MÚLTIPLES ORÍGENES DE LA HERBIVORÍA EN LIOLAEMIDAE (SQUAMATA: IGUANIA)

DENTAL MORPHOLOGICAL VARIATION AND ITS RELATIONSHIP WITH THE MULTIPLE ORIGINS OF HERBIVORY IN LIOLAEMIDAE (SQUAMATA: IGUANIA)

Cristian Hernández-Morales[1*], Luciano J. Avila[2], Mariana Morando[2,3], Melisa Olave[1,4,5]

[1] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IADIZA–CONICET).
[2] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IPEEC-CONICET).
[3] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[4] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[5] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Reino Unido.
* <nandezsendo@gmail.com>

[ORAL]

Solo el 5% de la diversidad de lagartos del mundo se alimenta principalmente de plantas, y estas especies, como regla casi universal son: (i) relativamente grandes en tamaño corporal, (ii) se encuentran en ambientes cálidos, y (iii) mantienen temperaturas corporales altas. Estas son conocidas como las reglas de la termo ecología de la herbívora en Squamata. Sin embargo, la familia Liolaemidae, un clado megadiverso con unas ~343 especies, constituye una excepción notable. En este grupo, cerca del 20% de las especies son herbívoras, lo que sugiere una tasa de orígenes independientes de la herbivoría 65 veces más rápida que otros lagartos del planeta. Estas especies rompen las reglas clásicas: son pequeñas, viven en climas fríos y templados, además de presentar estructuras dentales complejas. Estudios recientes han demostrado que la herbivoría está relacionada con el aumento de la complejidad de la morfología dental entendida como mayor número de cúspides dentales. Este trabajo realizamos el primer análisis sobre la evolución de la morfología dental en Liolaemidae utilizando tomografía computarizada de alta resolución (HRCT) en 46 especies. Se generaron modelos 3D del cráneo y las mandíbulas (premaxila, maxila y dentario), y se evaluó proporción entre dientes unicúspidos y tricúspidos, y la presencia de una expansión distal de la corona. Los resultados muestran que las especies herbívoras poseen un mayor número de dientes tricúspidos, coronas expandidas y cráneos más anchos que los insectívoros y omnívoros. Modelos Bayesianos (MCMC) revelan una correlación significativa entre dieta herbívora y mayor complejidad dental, sugiriendo que estas modificaciones morfológicas acompaña la transición ecológica hacia el consumo de plantas.

Palabras clave: Cráneo, dentición, dieta, evolución, *Liolaemus*, *Phymaturus*.

EL LADO MALEABLE DE LAS FLORES: LA INFLUENCIA DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN UN ESCENARIO DE TRANSICIÓN DE POLINIZADORES

THE MALLEABLE SIDE OF FLOWERS: THE INFLUENCE OF GENETIC STRUCTURE IN A POLLINATOR TRANSITION SCENARIO

Juliana V. Izquierdo*, Federico D. Sazatornil, Santiago Benitez-Vieyra

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (Universidad Nacional de Córdoba – CONICET), Córdoba, Argentina.

* <jizquierdo@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

La variación del fenotipo floral es el producto de la selección natural junto a la estructura de asociación genética entre los rasgos. Esta última es clave en sesgar la velocidad y dirección de la evolución, y puede ser representada por la matriz de varianza-covarianza genética o matriz **G**. Conocer la estructura de esta matriz es una condición necesaria para predecir la respuesta a la selección, por ejemplo en un escenario de cambio de polinizador. En el estudio de la forma floral, la utilización de métodos de morfometría geométrica permite el estudio integral de la morfología floral, permitiendo una mejor interpretación, visualización y cuantificación de patrones de variación. Sin embargo, estimar la matriz **G** a partir de datos de morfometría geométrica presenta numerosos desafíos por su alta dimensionalidad. Nos propusimos examinar la variación genética en la forma floral de una población de polinización mixta (por abejas y picaflores) de *Salvia stachydifolia* Benth. (Lamiaceae), un arbusto perenne de los pastizales de altura de las Yungas. Para ello, se recolectaron semillas de una población en Tafí del Valle con las cuales se cultivaron plantas madre y, después de dos años, se obtuvo una población de 33 familias clonales. Se utilizó un diseño clonal por la dificultad de multiplicar la especie por semillas, por lo que se obtuvieron estimaciones de sentido amplio de las varianzas-covarianzas genéticas. Se recolectaron flores que se conservaron en etanol al 70% y se fotografiaron para la estimación cuantitativa de la forma de la corola utilizando morfometría geométrica basada en landmarks. Se realizó un análisis de componentes principales en las coordenadas de Procrustes obtenidas, y se utilizó un marco bayesiano para estimar las varianzas-covarianzas genéticas y heredabilidad en sentido amplio de los rasgos de forma resumidos en los primeros tres componentes principales. Para mejorar la interpretación de las varianzas-covarianzas genéticas en la forma de corola, se transformó la matriz **G** al espacio de coordenadas de Procrusto de cada landmark. Con la proyección, pudimos mostrar de manera gráfica cuáles son las partes de la corola que tienen una mayor variabilidad genética: el labio superior, la parte distal del labio inferior y la parte basal del tubo corolino.

Dado que cambios en estos rasgos se asocian a transiciones entre polinizadores, nuestros resultados muestran que la estructura genética podría facilitar estas transiciones en respuesta a cambios en los patrones de selección.

➤ **Palabras clave:** Estructura genética, matriz de varianza-covarianza, morfometría geométrica, *Salvia stachydifolia*.

➤ AISLAMIENTO MECÁNICO EN CANGREJOS DE AGUA DULCE

MECHANICAL ISOLATION IN FRESHWATER CRABS

Alejo Martin Sacha Lescano[1,3*], Federico Giri[2,3], Verónica Williner[1,3]

[1] Instituto Nacional de Limnología (INALI, CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina.
[2] Instituto de Matemática Aplicada del Litoral "Dra. Eleonor Harboure" (IMAL, CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina
[3] Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC, UNL). Santa Fe, Argentina.
* <alejolescano5@gmail.com>

[ORAL]

Dentro del modelo selectivo de aislamiento reproductivo de Dobzhansky (1970), el aislamiento mecánico es el que se produce cuando se hace presente la falta de correspondencia física entre los órganos reproductivos lo que impide la transferencia de gametos. Los cangrejos de la familia Trichodactylidae son decápodos cuya taxonomía se basa principalmente en los pleópodos. En este trabajo se buscó explorar la forma de los pleópodos de tricodactílidos como posible explicación al aislamiento mecánico en la evolución. Se usaron pleópodos izquierdos y derechos de 15 machos de cuatro especies diferentes emparentadas filogenéticamente y se fotografiaron siguiendo el mismo protocolo para todos los individuos (plano focal, escala, etc.). Con el programa Tpsdig (version 2.32) se colocaron landmarks a las estructuras y con el programa Morphoj (Version 1.08.02) se visualizó mediante análisis de componentes principales (PCA) las variaciones de forma en los pleópodos. Tanto en el pleópodo izquierdo como el derecho se puede observar un solapamiento de la forma en *Trichodactylus borellianus* y *Trichodactylus kensleyi* en el PC2. *Zilchiopsis collastinensis* y *Dilocarcinus pagei* se separan en el morfoespacio y difieren entre sí. En estas últimas la mayor diferencia es en el pleópodo derecho se observa, en el PCA, que ejemplares de *D. pagei* se encuentran en un cuadrante diferente del PC1, con *Z. collastinensis* estando en el PC2, pero sin solaparse con las dos especies del género *Trichodactylus* . Se estudió el tamaño utilizando la prueba de Kruskal Wallis, la cual reveló que el tamaño del centroide de *T. borellianus* es significativamente menor al del resto de las especies estudiadas, esto pudo haber contribuido a la diferenciación con *T. kensleyi,* ya que si bien en el PCA su forma se solapa con *T. borellianus* se pueden encontrar algunas diferencias, pudiendo ser estas por efecto del tamaño ya que este influye en la forma. Este estudio aporta evidencias sobre aspectos evolutivos de estas especies, puntualmente que el mecanismo de aislamiento que propicio la especiación haya sido el del aislamiento mecánico.

➤ **Palabras clave:** Morfometría, Pleópodos, Trichodactyilidae, Morpho J, decápodos.

CAUDAL AUTOTOMY IN THE SOUTH AMERICAN SAXICOLOUS LIZARD *PHYMATURUS* (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE): COMPARISONS WITH ITS SISTER GENUS *LIOLAEMUS*

AUTOTOMÍA CAUDAL EN EL LAGARTO SAXÍCOLA SUDAMERICANO PHYMATURUS (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE): COMPARACIONES CON SU GÉNERO HERMANO LIOLAEMUS

Fernando Lobo*, Ángel Matías Quipildor, Soledad Valdecantos

IBIGEO. Instituto de Bio y Geociencias del NOA (CONICET-UNSa), Salta, Argentina.
* <flobo@unsa.edu.ar>

[POSTER]

A large sample of individuals from almost all described species (53) of *Phymaturus* (n = 896) revealed that this genus exhibits autotomy considerably less frequently than its sister genus *Liolaemus* (12.3% versus 42.9%) and the cutting site is located more posteriorly in the tail (55.4% versus 26.9% of an intact tail). In the *palluma* group the tendency is even greater (frequency of 10.4% cutting site at 68%). The occurrence of caudal autotomy in *Phymaturus* species was optimized in the most recent phylogeny obtained using morphology and molecules. In many species, autotomy is lost (about half of the species in the *palluma* group) or its frequency is so low that it becomes difficult to detect. Examination of the skeletons of *Phymaturus* and *Liolaemus* (n= 175) reveals that the first caudal vertebra to exhibit a fracture plane is located more posteriorly in the tails of *Phymaturus* (and more posteriorly in the tail of the *palluma* than the *patagonicus* group). We found that those species where autotomy is not reported yet also have vertebrae with fracture planes. We also found that *Liolaemus* has more caudal vertebrae (mean = 41.9) than *Phymaturus* (mean = 30.7), perhaps this explains in many cases the very long tails in some groups of that genus. No relationship was found between the species' body size and the frequency of autotomy. The tails of *Phymaturus* are not important fat deposits like those of *Liolaemus*, cutting them would not result in a significant loss in terms of energy. Then the protection of its energy reserve would not be an explanation for its reduced frequency of autotomy. The tails of lizards of this genus would be more oriented to help the animal to have more stability and balance on slopes and to be used defensively when they take refuge in cracks, putting them before a possible predator. These are hypotheses that need to be evaluated in future studies.

Keywords: Tail, anatomy, evolution, liolemids.

DIVERGENCIA MORFOLÓGICA Y ECOLÓGICA EN ROEDORES SUBTERRÁNEOS DEL GÉNERO *CTENOMYS*: DESPLAZAMIENTO DE CARACTERES EN CONTEXTOS SIMPÁTRICOS Y ALOPÁTRICOS

MORPHOLOGICAL AND ECOLOGICAL DIVERGENCE IN SUBTERRANEAN RODENTS OF THE GENUS CTENOMYS: CHARACTER SHIFTS IN SYMPATRIC AND ALLOPATRIC CONTEXTS

Julián Lozano Flórez*, Marcelo J. Kittlein, Ailín Austrich, Matías S. Mora

Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras, (IIMyC, CONICET-UNMdP), Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

* <lozanoflorezbio@gmail.com>

[POSTER]

Muchas especies simpátricas con afinidad filogenética comparten requerimientos ecológicos similares. En función de minimizar las interacciones negativas relacionadas al solapamiento de nicho y la competencia, algunas especies han desarrollado especializaciones relacionadas a la explotación diferencial de los recursos, fenómeno conocido como desplazamiento de caracteres, que puede manifestarse a nivel ecológico (ej. partición del hábitat, uso diferencial de recursos), comportamental (ej. llamados de cortejo o defensa territorial) o morfológico (ej. variaciones en tamaño corporal). Los roedores subterráneos constituyen un modelo adecuado para investigar estos procesos evolutivos y ecológicos. En las costas de la provincia de Buenos Aires (Argentina), coexisten tres especies de tuco-tucos --*Ctenomys australis*, *C. pulcer* y *C. talarum*-- con distribuciones fragmentadas y zonas de contacto. Este trabajo examina las interacciones interespecíficas entre estas especies, con el objetivo de evaluar si existen procesos de exclusión competitiva o desplazamiento de caracteres morfológicos y biomecánicos que faciliten su coexistencia. Se plantea que el desplazamiento de rasgos craneales y biomecánicos puede permitir la coexistencia en simpatría al reducir la competencia por recursos similares (ej. edáficos o tróficos). Bajo esta hipótesis, se espera que, en áreas donde las especies coexisten (simpatría), se observen diferencias marcadas en el tamaño del cráneo y en la fuerza de mordida, en comparación con individuos de especies provenientes de áreas en alopatría. Alternativamente, la ausencia de diferencias podría indicar una coexistencia neutral sin desplazamiento de caracteres, o bien la mediación de otras dimensiones del nicho, como el comportamiento territorial. Para evaluar estas posibilidades, se construyeron modelos de distribución de especies y se realizó un análisis de morfometría craneal (tamaño craneano e índice de fuerza de mordida) en individuos de distintas regiones. Los modelos indicaron cierto solapamiento de nicho entre especies, sin evidencia clara de exclusión competitiva. Asimismo, no se detectaron diferencias morfológicas significativas entre contextos geográficos.

Estos resultados sugieren que otras dimensiones del nicho, como variables comportamentales o rasgos morfológicos no considerados, podrían estar desempeñando un rol relevante en la coexistencia de estas especies.

➤ **Palabras clave:** Desplazamiento de caracteres, morfología, Tuco-tucos, evolución, ecología.

EVOLUCIÓN DE LA GENITALIA FEMENINA EN ARAÑAS VIOLINISTAS (ARANEAE: SICARIIDAE: *LOXOSCELES*)

EVOLUTION OF THE FEMALE GENITALIA IN FIDDLER SPIDERS (ARANEAE: SICARIIDAE: *LOXOSCELES*)

Iván L. F. Magalhaes

División Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" – CONICET. Buenos Aires, Argentina.
* <magalhaes@macn.gov.ar>

[ORAL]

La taxonomía de arañas se basa principalmente en caracteres genitales de machos y hembras, dado que estas son las estructuras que más varían entre especies cercanamente emparentadas. El hecho de que estas estructuras están entre las primeras en acumular diferencias entre especies cercanas indica que podrían estar bajo procesos de selección sexual. Las *Loxosceles* (arañas de rincón o violinistas) son un antiguo y diverso género de arañas que incluye especies de importancia médica distribuidas principalmente en África, la región Mediterránea y las Américas. En el marco de la descripción de una nueva especie de este género, he hecho un análisis filogenético basado en datos moleculares y un muestreo de taxones que incluye miembros de todos sus grupos de especies. Utilizando este marco filogenético, discuto la evolución de la genitalia femenina en *Loxosceles*. Revisé la morfología fina de *Loxosceles* para entender las homologías de las partes de los genitales femeninos en este género. Argumento que en *Loxosceles* la genitalia femenina ha evolucionado en diferentes direcciones en los distintos grupos de especies. Algunos clados han desarrollado una apertura uterina estrecha, mientras que en otros las aperturas uterinas son esclerotizadas y con amplia superficie para la inserción de músculos. Estos cambios importantes en la genitalia femenina no están acompañados por cambios en la genitalia masculina, que es estructuralmente uniforme en el género. Aquí planteo la hipótesis de que *Loxosceles* es un ejemplo de un clado de animales en el que la morfología genital femenina es más diversa y ha acumulado más novedades morfológicas que la de los machos, indicando que su biología podría revelar interesantes patrones de selección sexual.

Palabras clave: Filogenia, morfología, selección sexual.

➤ POLINIZADORES, GLACIACIONES Y EVOLUCIÓN FLORAL: UNA HISTORIA DE DIVERGENCIA EN CALCEOLARIA POLYRHIZA (LAMIALES: CALCEOLARIACEAE)

POLLINATORS, GLACIATIONS AND FLORAL EVOLUTION: A HISTORY OF DIVERGENCE IN CALCEOLARIA POLYRHIZA (LAMIALES: CALCEOLARIACEAE)

Constanza C. Maubecin*, Alicia N. Sérsic, Andrea Cosacov

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (Universidad Nacional de Córdoba - CONICET), Córdoba, Argentina.

* <cmaubecin@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

El estudio de las interacciones de polinización como promotoras de diversificación intraespecífica en plantas rara vez incluye la evolución de los linajes y su distribución geográfica. Las especies vegetales que habitan regiones afectadas por glaciaciones pleistocénicas permiten explorar cómo el cambio climático, los cambios en los polinizadores y la demografía histórica influyen en la diversificación fenotípica. En el sur de Sudamérica la planta *Calceolaria polyrhiza* mantiene un mutualismo especializado con dos especies de abejas, *Centris cineraria* y *Chalepogenus caeruleus*, que difieren en tamaño corporal y comportamiento. Sus flores presentan dos ecotipos asociados al polinizador más frecuente. Combinamos datos filogeográficos de la planta, de morfología floral y de las abejas, para realizar la reconstrucción ancestral de la polinización, evaluar la influencia del tamaño del polinizador sobre rasgos florales mediante modelos filogenéticos, y determinar si los linajes asociados a cada especie de abeja evolucionaron hacia diferentes picos adaptativos. Detectamos múltiples transiciones independientes en la polinización, asociadas a eventos de retracción y expansión glaciar. El tamaño del polinizador tuvo un efecto significativo sobre la morfología floral, revelando dos trayectorias evolutivas diferentes. Este estudio destaca el papel conjunto de los polinizadores especializados y la historia evolutiva en la generación de diversidad floral intraespecífica.

➤ **Palabras clave:** Interacción planta-polinizador, filogeografía, linajes genéticos, métodos comparativos filogenéticos, diversificación intraespecífica.

EVOLUTION OF THE LARVAL MUSCULAR SYSTEM IN THE GENUS *HYLODES* (ANURA: HYLODIDAE)

EVOLUCIÓN DEL SISTEMA MUSCULAR LARVAL EN EL GÉNERO *HYLODES* (ANURA: HYLODIDAE)

Giuliana Menezes Branco[1]*, Diego de Almeida da Silva[2], Vanessa Kruth Verdade[1]

[1] Universidade Federal do ABC, Centro de Ciências Naturais e Humanas, Bangu, Santo André, São Paulo, Brazil.

[2] Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Miguel de Tucumán, Tucumán - Argentina.

* <giuliana.branco@aluno.ufabc.edu.br>

[ORAL]

Advances in geometric morphometrics have made it possible to quantify shape variation in structures, enabling the study of morphological evolution and allometry independently. In contrast, the study of musculature faces a different paradigm. Except for approaches aimed at identifying connectivity patterns, musculature has predominantly been analyzed from a descriptive perspective. Interpreting allometric aspects underlying muscle development remains a challenge and may be particularly important in groups with high size variation. This is the case for *Hylodes* tadpoles, a genus of species associated with Atlantic Forest streams. Using microCT data from tadpoles of seven *Hylodes* species, we segmented some of the most important muscles involved in larval feeding and ventilation. The muscles were imported into R for volume calculation, log-transformation, and the construction of a morphospace of muscle development. Our results revealed a strong phylogenetic signal, consistent with the reconstruction of individual muscle group volumes across the phylogeny of the genus. Overall, tadpoles of the *Hylodes phyllodes* group exhibited smaller muscle volumes in our sample. The highest degree of muscle development was found in species of the *Hylodes lateristrigatus* group, particularly evident in the case of the m. orbitohyoideus. This muscle plays an important role in elevating the ceratohyals by connecting them to the palatoquadrate. Thus, the morphofunctional role of oral cavity expansion may be especially relevant in this group, as observed in species with macrophagous larvae. The *Hylodes nasus* group tends to exhibit muscle development similar to that of the *H. lateristrigatus* group, with the exception of the m. geniohyoideus, suggesting a reduced capacity for mandibular protrusion. These results may be related to morphofunctional specializations associated with diet or ventilation.

The results point to a hidden morphofunctional diversity among *Hylodes* tadpoles that warrants further investigation, highlighting unexpected variation within a group traditionally considered to have high ecomorphological similarity.

➤ **Keywords:** Hylodidae, microCT, lotic tadpoles, functional traits, morphological evolution.

➤ CHARACTERIZATION OF MACRO AND MICRONUTRIENTS ASSOCIATED WITH ROOT ZONE OF CACTACEAE SPECIES FROM XEROPHYTIC FORESTS

CARACTERIZACIÓN DE MACRO Y MICRONUTRIENTES ASOCIADOS A LA ZONA RADICULAR DE ESPECIES DE CACTACEAE DE BOSQUES XERÓFILOS

Isis Minhós-Yano[1], Danilo Trabuco Amaral[2], Evandro M. Moraes[3], Daniela Cristina Zappi[4], Nigel Taylor[3], Fernando F. Franco[3*]

[1] Programa de Pós-Graduação em Biologia Comparada, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto (São Paulo), Brazil.

[2] Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC (UFABC), Santo André (São Paulo), Brazil.

[3] Departamento de Biologia. Centro de Ciências Humanas e Biológicas. Universidade Federal de São Carlos (UFSCar). Sorocaba (São Paulo), Brazil.

[4] Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brazil.

* <franco@ufscar.br>

[POSTER]

The soil of the root zone plays a crucial role in plant physiology as this microenvironment shelters microbial activity and it is related to water and nutrient absorption. In this study, we analyzed the chemical properties of root zone soils from cacti occurring in karstic, crystalline, and sedimentary areas within xerophytic forests of the Caatinga domain and the Cerrado–Caatinga ecotones in eastern Brazil. Soil samples were analyzed for macro- and micronutrient profiles, pH, and fertility metrics. Principal components (PCA), linear discriminant (LDA), random forest (RF), and support vector machine (SVM) analyses were applied to distinguish soil types. Our results indicated that the karstic root zone soil around cacti had higher pH, fertility, and specific nutrient concentrations compared to crystalline and sedimentary root zone soils. The RF and SVM approaches demonstrated superior discrimination capabilities over LDA, with SVM achieving 95.31% correct reclassification. Organic material, calcium, and potassium were the main predictors of root zone soil reclassification for each terrain. These findings reveal the edaphic characteristics of Caatinga soils and their role in shaping cactus communities, providing insights into the ecological and evolutionary dynamics of these xerophytic plants. We emphasize the significance of soil characteristics in biogeographic investigations and present potential implications for explaining biome shifts and historical corridors between adjacent biomes.

➤ **Keywords:** Karst, Caatinga, cacti, nutrients, machine learning.

➤ CARACTERIZAÇÃO METABÓLICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO *CEREUS* (CARYOPHYLLALES: CACTACEAE) ASSOCIADA A BIOMAS DISTINTOS DA AMÉRICA DO SUL

CARACTERIZACIÓN METABÓLICA DE ESPECIES DEL GÉNERO *CEREUS* (CARYOPHYLLALES: CACTACEAE) ASOCIADAS A DISTINTOS BIOMAS DE SUDAMÉRICA

Isis Minhós-Yano[1*], Ana Fernanda Guimarães Trindade[2], Fernando Batista da Costa[2], Evandro Marsola de Moraes[3], Daniela Cristina Zappi[4], Nigel Taylor[3], Fernando de Faria Franco[3]

[1] Programa de Pós-Graduação em Biologia Comparada, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto - SP, Brazil.
[2] Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto - SP, Brazil.
[3] Departamento de Biologia. Centro de Ciências Humanas e Biológicas. Universidade Federal de São Carlos (UFSCar). Sorocaba - SP, Brazil.
[4] Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brazil.
[*] <isismyano@usp.br>

[POSTER]

Cactos do gênero *Cereus* (Caryophyllales:Cactaceae) ocorrem em diversos ambientes na região neotropical, sendo bem distribuído na Caatinga, bioma exclusivamente brasileiro. O objetivo deste trabalho é investigar o perfil químico de espécies do gênero *Cereus*, buscando avaliar se: 1) há metabólitos espécie-específicos; 2) há metabólitos compartilhados entre espécies não relacionadas que ocupam ambientes semelhantes. Para isso, foram realizadas análises em HPLC-DAD com injeção de substâncias de referência (rutina, ácido cafeico, ácido ferúlico e isoharmetina), e construída uma matriz de presença/ausência para os testes estatísticos: análise de agrupamento (UPGMA) e *one-way* permanova, análise discriminante (LDA), além de modelagens lineares com variáveis de solo (LM e GLM). Foram observados 28 picos cromatográficos, representativos de potenciais metabólitos. Embora exista diferença estatisticamente significativa entre espécies (*one-way* Permanova: $F = 14{,}63$, $p = 0{,}0001$), nenhum dos picos encontrados neste trabalho podem ser considerados espécie-específicos. A LDA discriminou dois grupos principais: espécies do complexo Jamacaru, e espécies do subgênero *Mirabella*. A partir da GLM, foi possível estabelecer uma relação entre as variáveis edáficas e a presença de metabólitos secundários nas espécies estudadas, em que o potássio foi recuperado como o principal preditor dos metabólitos. Outra relação reportada indica que menores índices de pH tendem a favorecer a presença de metabólitos para a espécie *C. calcirupicola*.

➤ **Palavras-chave:** Caatinga, perfil químico, HPLC-DAD, metabólitos secundários, micronutrientes.

EFECTO DEL COMPORTAMIENTO TERMORREGULADOR EN LOS PATRONES EVOLUTIVOS DE LOS RASGOS DE TOLERANCIA TÉRMICA

EFFECT OF THERMOREGULATORY BEHAVIOR ON THE EVOLUTIONARY PATTERNS OF THERMAL TOLERANCE TRAITS

Alexandra Montoya-Cruz[1*], Nadia Vicenzi[2], Leonardo D. Bacigalupe[3]

[1] Programa de doctorado en ciencias, mención Ecología y evolución. Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.
[2] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), Mendoza, Argentina.
[3] Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
<alex.frogs97@gmail.com>

[POSTER]

El comportamiento termorregulador (CT) permite a los ectotermos mitigar fluctuaciones térmicas y disminuir la presión selectiva sobre rasgos térmicos (Efecto Bogert, EB). En estos organismos, las actividades se realizan dentro de un rango de tolerancia térmica delimitado por el mínimo y máximo térmico crítico (Ctmin-Ctmax). El EB podría ser crucial en la evolución de las tolerancias térmicas, ya que una mayor capacidad para regular la temperatura corporal no solo reduciría la acción de la selección natural sobre estos rasgos, sino que también podría generar diferencias entre las tasas evolutivas de Ctmin y Ctmax, resultado del impacto desigual del ambiente en dichos rasgos. Nuestro enfoque fue evaluar el impacto del comportamiento termorregulador en las tasas de evolución de las tolerancias térmicas. Llevamos a cabo una revisión sistemática para construir una base de datos sobre tolerancias térmicas y CT en lagartos americanos, este último se clasificó como termorregulador o termoconforme para ser incorporado en los análisis. Consideramos las relaciones filogenéticas mediante la elaboración de un árbol ultramétrico y analizamos los modelos de rasgos continuos utilizando el movimiento browniano (BM) y el modelo Ornstein-Uhlenbeck (OU). Encontramos que Ctmin y Ctmax se ajustan mejor a modelos OU, lo que indica que estos rasgos tienden hacia valores óptimos adaptativos, posiblemente limitados por barreras fisiológicas que restringen su evolución. Aunque presentan diferencias en valores óptimos y atracción, nuestros resultados sugieren que el CT puede estar influenciando la exposición térmica a corto plazo, pero parece no tener un efecto directo en las tasas evolutivas de Ctmin y Ctmax a largo plazo.

En un contexto de cambio climático, nuestros resultados sugieren que la capacidad de respuesta evolutiva de los lagartos americanos a condiciones térmicas cambiantes podría estar más condicionada por sus límites fisiológicos que por su flexibilidad conductual.

➤ **Palabras clave:** Ectotermos, evolución fisiológica, modelos evolutivos, selección, temperatura.

MODULACIÓN CROMÁTICA EN LA RANITA HOCICUDA COMÚN (ANURA: HYLIDAE: *SCINAX FUSCOVARIUS*)

CHROMATIC MODULATION IN THE COMMON SNOUTED FROG (ANURA: HYLIDAE: *SCINAX FUSCOVARIUS*)

Josefina Morón[1]*, Gabriela Fontanarrosa[2], Ana Sofía Duport Bru[1,2]

[1] Facultad de Ciencias Naturales e IML, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[2] Instituto de Biodiversidad Neotropical (CONICET-UNT), Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
* <josefinamoron33@gmail.com>

[POSTER]

El camuflaje es una de las estrategias defensivas de coloración más comunes y extendidas en el reino animal. Una de sus formas más frecuentes es la coincidencia entre la coloración corporal y el color de fondo. En los anuros, hay evidencia de camuflaje en sustratos acromáticos y cromáticos. Sin embargo, hay pocos estudios sobre cómo estos animales ajustan su coloración en presencia de fondos con patrones mixtos. *Scinax fuscovarius* es una especie de rana nativa, comúnmente vinculada a ambientes antropizados, que presenta una coloración que varía desde verde a amarronada con un patrón dorsal de manchas más oscuras. En este estudio se evaluó su potencial camuflaje en machos adultos de *S. fuscovarius*, explorando su proceso de cambio de color en función de tres tipos de sustrato, definidos por su patrón de coloración: blanco, negro y damero blanco-negro. Se realizaron tres sesiones experimentales de cuatro horas cada una, en condiciones controladas de iluminación y temperatura. Los ejemplares se dispusieron en terrarios experimentales con dimensiones estandarizadas, forrados internamente con papel impreso correspondiente a uno de los tres tratamientos de sustrato. Se realizaron registros fotográficos cada 5 minutos, estandarizando la distancia entre el fondo de cada terrario y la cámara fotográfica, y la distancia entre cada terrario y la fuente de luz. A su vez se estandarizaron parámetros fotográficos como ISO, apertura y velocidad de obturación. Las imágenes obtenidas se analizaron mediante el software ImageJ, midiendo los valores de color para los canales rojo, verde y azul (RGB). Se eligieron tres regiones estandarizadas de interés (ROI) para medir la coloración: ROI del cuerpo, ROI de las manchas y ROI del fondo. Se modeló la variación temporal del contraste de color entre la rana y el sustrato. Los resultados parciales, basados en el análisis de 648 imágenes, indican que *S. fuscovarius* exhibe una plasticidad fenotípica que le permite variar su coloración de manera dinámica en función de la coloración del sustrato. Esta variación es más acentuada en la primera hora de cada sesión experimental. La tasa de cambio de color varía tanto entre individuos como entre tratamientos.

En los tratamientos blanco y damero, las ranas tienden a reducir significativamente su contraste con el fondo (pendiente del contraste a lo largo del tiempo en fondo blanco: –0,347; $p < 0,001$; pendiente en fondo damero: –0,523; $p < 0,001$), mientras que en el tratamiento negro tienden a incrementar su contraste (pendiente: +0,438; $p < 0,01$). A su vez, la velocidad de respuesta varía en función del tratamiento, observándose un cambio de coloración más rápido en presencia de un fondo con patrón intermedio, como es el damero. Los patrones de cambios de coloración están en concordancia con estudios realizados en otros hílidos. Aunque aún se desconoce cómo perciben potenciales depredadores las variaciones cromáticas de esta rana, nuestros resultados sugieren que el ajuste dinámico de la coloración en *S. fuscovarius* podría constituir un mecanismo de camuflaje efectivo en ambientes antropizados, reduciendo su detectabilidad frente a potenciales depredadores.

➤ **Palabras clave:** Anfibios, color, comportamiento, cripsis.

PLASTICIDADE NA CONSTRUÇÃO DE TEIAS EM *DOLICHOTHELE EXILIS* (MYGALOMORPHAE, THERAPHOSIDAE) DE DIFERENTES DOMÍNIOS NEOTROPICAIS

PLASTICIDAD EN LA CONSTRUCCIÓN DE TELARAÑAS EN *DOLICHOTHELE EXILIS* (MYGALOMORPHAE, THERAPHOSIDAE) DE DIFERENTES DOMINIOS NEOTROPICALES

Mateus Hugo de Oliveira,*, Rafael Lima -Vergilio, Rômulo Celestino Souza, Vera Nisaka Solferini

Universidade Estadual de Campinas, Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biologia, Cidade Universitária, Campinas, São Paulo, Brasil.
* <m242013@dac.unicamp.br>

[POSTER]

Compreender os mecanismos de adaptação a diferentes condições ambientais é essencial para o estudo da ecologia e evolução de espécies amplamente distribuídas. *Dolichothele exilis* (Theraphosidae) é uma espécie de caranguejeira endêmica da Diagonal Seca Brasileira (DSB), amplamente distribuída ao longo da Caatinga com algumas populações no Cerrado. Essas aranhas não constroem teias orbiculares mas teias de refúgio forrando seus abrigos sob rochas, troncos ou outros substratos. Observações em campo e em laboratório indicaram uma grande variação nos padrões destas teias. Neste trabalho, estudamos a influência da profundidade do substrato e do bioma de origem. Foram utilizados 18 indivíduos, sendo nove originários da Caatinga e nove do Cerrado, dispostos individualmente em recipientes transparentes de mesmo tamanho. Cada indivíduo foi exposto a três condições distintas (5, 10 e 15 cm de solo no recipiente); em cada ambiente permaneceram durante seis meses, antes de serem colocados em um novo recipiente, com novas condições. Os recipientes foram mantidos em condições padronizadas de temperatura e luminosidade. As teias geradas foram categorizadas de acordo com sua espessura (2 padrões) e estrutura tridimensional (4 padrões). Não foram detectadas diferenças entre as teias dos indivíduos de diferentes biomas. A profundidade do solo demonstrou ser o fator mais importante: em 5 cm houve predominância de teias densas, espessas e superficiais; em 10 cm, a malha se apresenta menos densa o padrão superficial se mantém; em 15 cm, as teias são tênues e com maior diversidade de padrões estruturais. Os dados indicam que fatores microambientais, particularmente a profundidade do substrato, têm influência sobre a morfologia das teias de *D. exilis*.

Nossos resultados mostram a importância de abordagens experimentais para a compreensão dos processos adaptativos de artrópodes envolvendo plasticidade de respostas a diferentes condições ambientais.

➤ **Palavras-chave:** Comportamento, Cerrado, Caatinga, aranhas, adaptação.

➤ INDAGACIÓN SOBRE VARIACIÓN FENOTÍPICA DE PLANTAS Y ANIMALES EN EL ÁMBITO DOMÉSTICO

INVESTIGATION INTO PHENOTYPIC VARIATION OF PLANTS AND ANIMALS IN THE DOMESTIC ENVIRONMENT

Mariano Ordano[1,2*]

1 Fundación Miguel Lillo, San Miguel de Tucumán, Tucumán;
2 Instituto de Ecología Regional (IER-UNT-CONICET), Residencia Universitaria Horco Molle, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
* <maordano@lillo.org.ar>

[POSTER]

Los procesos de domesticación de animales y plantas son bien conocidos y forman parte sustancial de aplicaciones de la biología evolutiva. La selección "artificial" de animales y plantas mediada por *Homo sapiens* (Primates:Hominidae), resultó en la mayoría de las mascotas, plantas de vivero, o alimentos que consumimos. Mucho menos conocido es cómo nuestras interacciones en el ámbito doméstico moldean el fenotipo de animales y plantas. El objetivo de esta investigación es explorar los patrones, facetas y rutas selectivas que moldean la variación fenotípica en el ámbito doméstico, que en conjunto se definirían como un proceso de "domesticidad". Se realiza una búsqueda sistemática sobre la variación fenotípica de plantas y animales en el ámbito doméstico, y sobre el uso de la jerga. Se establecen las siguientes premisas: 1) Los escenarios selectivos se constituyen en gradientes de paisaje, en donde, 2) La unidad de muestreo está representada por el ámbito doméstico. 3) Los filtros ambientales y perceptuales resultarían en ensambles de especies, y poblaciones de animales y plantas, en donde, 4) La variación fenotípica tomaría rutas divergentes dependiendo del grado de domesticación y de las interacciones entre animales, plantas, humanos y elementos inorgánicos. [El póster incluye un enlace a una encuesta].

➤ **Palabras clave:** Ecología evolutiva, fenotipo extendido, interacciones bióticas, percepción, antropoceno.

SELECCIÓN DEL COLOR FLORAL DE *NICOTIANA GLAUCA* (SOLANALES: SOLANACEAE) EN ÁREAS NATIVAS E INVADIDAS CON DIFERENTES CONTEXTOS DE POLINIZACIÓN

FLORAL COLOR SELECTION OF *NICOTIANA GLAUCA* (SOLANALES: SOLANACEAE) IN NATIVE AND INVADED AREAS WITH DIFFERENT POLLINATION CONTEXTS

Valeria Paiaro*, Antonella Costa, Eduardo Andrés Issaly, Marcela Moré

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC), Córdoba, Argentina.
* <vpaiaro@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

El color es una señal clave que utilizan los polinizadores para identificar y elegir las flores que visitan, lo que afecta a la polinización y a la capacidad reproductiva de las plantas. Por lo tanto, los polinizadores son uno de los principales agentes de selección del color floral. Dado que los sistemas visuales y la habilidad cognitiva son específicos de cada taxón animal, los distintos polinizadores pueden ejercer presiones selectivas diferentes sobre el color de las flores. Las plantas invasoras son sistemas ideales para evaluar cómo dichas presiones moldean esta señal, ya que la composición y la abundancia de polinizadores difiere entre las áreas nativas e invadidas. En la especie invasora *Nicotiana glauca*, los espectros de reflectancia de la corola varían entre regiones nativas e invadidas, incluso entre aquellas donde el color floral es indistinguible para el ojo humano, pero puede ser distinguido por los polinizadores, que tienen una mayor capacidad de discriminación. Para evaluar la selección del color floral de esta especie en diversos contextos de polinización, estudiamos tres poblaciones nativas (Sudamérica), donde las plantas dependen de la polinización por picaflores, dos poblaciones de un área invadida donde las aves nectarínidas actúan como polinizadores (Sudáfrica), y dos poblaciones de otra área invadida donde no hay aves nectarívoras y las plantas se reproducen exclusivamente por autopolinización (España). En cada población cuantificamos la reflectancia del tubo floral (3-5 flores) y obtuvimos dos medidas del éxito reproductivo (proporción de fructificación y número de semillas por fruto) en 45 a 100 individuos. Para resumir la información espectral, utilizamos un análisis de componentes principales. A partir de los dos primeros ejes (*i.e.*, CP1 y CP2), realizamos análisis de selección fenotípica en cada población y para cada medida de éxito reproductivo. Encontramos distintos patrones de selección significativa del CP1 o el CP2 en una población nativa, en ambas poblaciones de Sudáfrica y en una población de España, donde no se esperaba selección por polinizadores.

Es posible que el color floral haya alcanzado su óptimo evolutivo en las poblaciones nativas donde no se observan patrones de selección significativos. La diferenciación regional del color de las flores de *N. glauca* podría ser el resultado de una selección a largo plazo impulsada por los polinizadores, que es difícil de detectar mediante el estudio de un único evento de selección. Alternativamente, la selección de esta señal floral podría depender de la forma en que los polinizadores de cada región perciben los colores, un aspecto que habría que tener en cuenta en futuros análisis.

➤ **Palabras clave:** Autopolinización, espectros de reflectancia, nectarínidos, picaflores, selección fenotípica.

HOSPEDADORES COMO FILTRO ECOLÓGICO DE EVENTOS DE HIBRIDACIÓN: INESTABILIDAD DEL DESARROLLO EN ESPECIES DE DROSÓFILAS CACTÓFILAS, HÍBRIDOS E INTROGRESANTES

HOSTS AS ECOLOGICAL FILTERS FOR HYBRIDIZATION EVENTS: DEVELOPMENTAL INSTABILITY IN CACTOPHILOUS, HYBRID, AND INTROGRESSING DROSOPHILA SPECIES

Martina Sol Pernigotti[1*], Ignacio M. Soto[1,2], Eduardo M. Soto[1,2], Julián Padró[3]

[1] Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos. Buenos Aires, Argentina.

[2] CONICET – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA). Buenos Aires, Argentina.

[3] CONICET – Universidad Nacional del Comahue. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA). San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina.

* <mpernigotti@ege.fcen.uba.ar>

[POSTER]

Los eventos de hibridación e introgresión en insectos fitófagos pueden ser procesos clave para su diversificación y adaptación. La hibridación puede ser una fuente importante de nueva variación genética, permitiendo a estos organismos colonizar hábitats distintos o explotar recursos novedosos, como plantas hospedadoras alternativas. La introgresión, por su parte, facilita la transferencia de genes adaptativos entre especies, promoviendo radiaciones evolutivas y respuestas rápidas a presiones ambientales. En el caso de las drosófilas cactófilas, la introgresión ha permitido la adaptación a cactus hospedadores con perfiles químicos tóxicos, mediante la incorporación de genes relacionados con la detoxificación y el metabolismo de compuestos secundarios (e.g. *Drosophila mojavensis* y *D. arizonae*). En nuestro estudio, mediante un protocolo de cruzamientos interespecíficos entre las especies *D. koepferae* y *D. antonietae* y su cría en hospedadores alternativos, nos propusimos poner a prueba la hipótesis que los cactus hospederos actúan como filtros ecológicos afectando el *fitness* de los híbridos e introgresantes. Se generaron híbridos F1 y retrocruzas, criando cada línea en cuatro especies de cactáceas (hospedadores nativos y no nativos de cada especie parental). Mediante morfometría geométrica cuantificamos los niveles de asimetría fluctuante de la morfología alar adulta como indicadores de estabilidad del desarrollo y proxy del *fitness*. Observamos un efecto de los cactus sobre la inestabilidad tanto en ambas especies parentales como los híbridos siendo el tamaño, más que la conformación alar, el carácter más afectado. Los híbridos F1 criados en hospedadores no nativos (de los parentales) mostraron fenotipos alares transgresivos.

Notablemente, el cactus columnar *Trichocereus terscheckii* resultó el más inestabilizador en términos generales. Las retrocruzas hacia *D. antonietae* no alcanzaron la etapa adulta en ese hospedador, mientras que en los otros exhibieron mayor asimetría fluctuante que los demás genotipos y conformaciones divergentes, evidenciando efectos en el desarrollo dependientes del medio de cría. Estos resultados aportan evidencia experimental de que el contexto ecológico funciona como un filtro a la introgresión independientemente de incompatibilidades genéticas, establece un marco para cuantificar la selección en híbridos por parte del hospedador y ofrece elementos para entender cómo los factores ambientales interactúan con los resultados de la hibridación en las poblaciones naturales.

➤ **Palabras clave:** Asimetría fluctuante, especiación, cactáceas.

EFECTOS DE LA URBANIZACIÓN SOBRE CARACTERES MORFOLÓGICOS EN *TRIATOMA INFESTANS* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE) DE POBLACIONES DE SAN JUAN, ARGENTINA

EFFECTS OF URBANIZATION ON MORPHOLOGICAL TRAITS IN *TRIATOMA INFESTANS* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE) FROM POPULATIONS IN SAN JUAN, ARGENTINA

Romina V. Piccinali[1,2*], Julieta Nattero[1,2], Florencia Cano[3], Paz Sánchez-Casaccia[4,5], Ana L. Carbajal de la Fuente[4,5]

[1] Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Laboratorio de Eco-Epidemiología. CABA, Argentina.
[2] CONICET – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA). CABA, Argentina.
[3] Programa de Control de Enfermedades de Transmisión Vectorial, Ministerio de Salud. San Juan, Argentina.
[4] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). CABA, Argentina.
[5] Centro Nacional de Diagnóstico e Investigación en Endemo-epidemias (CeNDIE)-ANLIS, Malbrán-Ministerio de Salud de la Nación. CABA, Argentina.
* <rpicci@ege.fcen.uba.ar>

[POSTER]

La urbanización genera transformaciones ecológicas que pueden incidir en los procesos evolutivos de las especies. Las ciudades constituyen ambientes recientes con condiciones ecológicas contrastantes respecto a los entornos naturales, afectando de manera diferencial a las poblaciones de organismos. En insectos vectores de enfermedades, estos cambios adquieren especial relevancia por sus implicancias en salud pública. En este trabajo, analizamos variación fenotípica entre machos y hembras de poblaciones rurales y urbanas de *Triatoma infestans*, principal vector de *Trypanosoma cruzi* en Argentina y otros países de Sudamérica. Se analizaron 105 adultos provenientes de 5 poblaciones urbanas (Capital, Chimbas, Rivadavia, Santa Lucía y Rawson) y una rural (Valle Fértil) de San Juan, Argentina. Se fotografiaron alas, pronotos y cabezas. Mediante técnicas de morfometría geométrica, se obtuvo el tamaño centroide y la conformación de cada estructura. Para evaluar la variación en la forma se realizaron análisis de componentes principales y de variables canónicas. Las diferencias de tamaño se examinaron mediante pruebas de Kruskal-Wallis y Wilcoxon. Los análisis multivariados revelaron una diferenciación morfológica significativa en machos y hembras en la forma de ala, pronoto y cabeza, destacándose principalmente la población rural de Valle Fértil frente a las urbanas. El análisis del tamaño centroide indicó que los individuos rurales presentaron estructuras corporales de mayor tamaño, un patrón que se mantuvo en general entre sexos. La reducción en el tamaño corporal de los *T. infestans* urbanos concuerda con la hipótesis de simplificación morfológica y podría estar influenciado por el efecto de Isla de Calor Urbana.

Los cambios en la forma, más marcados en alas y pronotos, sugieren la acción de otros factores además del gradiente rural-urbano, como la plasticidad del desarrollo, las demandas del vuelo y la deriva genética. Estos resultados resaltan la importancia de diseñar estrategias de control específicas para ambientes urbanos y de profundizar en el estudio de las dinámicas evolutivas de *T. infestans* en contextos urbanizados.

➤ **Palabras clave:** Vectores, morfometría geométrica, urbano, rural.

VARIAÇÃO MORFOMÉTRICA EM *DOLICHOTHELE EXILIS* (THERAPHOSIDAE) AO LONGO DA CAATINGA

VARIACIÓN MORFOMÉTRICA EN *DOLICHOTHELE EXILIS* (THERAPHOSIDAE) A LO LARGO DE LA DIAGONAL SECA DE LA CAATINGA

Isa Eloá de Freitas Poloni*, Lucas Oliveira Mello, Rafael Lima Vergilio, Vera Nisaka Solferini

Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Laboratório de Diversidade e Genética, Campinas, São Paulo, Brasil.

* <isaeloa011203@gmail.com>

[POSTER]

A Caatinga, um bioma de clima semiárido e vegetação xerófita (“Floresta Branca” no tupi), pertence à chamada diagonal de formações abertas. Este bioma, que ocupa cerca de 10% do território brasileiro, localiza-se entre as duas grandes florestas úmidas da América Latina sendo reconhecido como a maior Floresta Tropical Seca Sazonal do mundo. A Caatinga é dividida em oito ecorregiões que apresentam diferentes características abióticas e bióticas; entre estas ecorregiões as linhagens biológicas podem apresentar variações morfológicas que são consideradas reflexos de adaptações às suas distintas condições ambientais. Para investigar as variações morfológicas ao longo do bioma, utilizamos como modelo uma espécie de aranha caranguejeira amplamente distribuída pela Caatinga, *Dolichothele exilis* Mello-Leitão, 1923 (Araneae: Theraphosidae). Estudos filogenéticos anteriores detectaram duas linhagens genéticas da espécie que ocorrem no nordeste e no sudoeste da Caatinga. Neste trabalho estudamos a variação morfométrica de espécimes de *D. exilis*, a partir de amostras de cada região; as estruturas analisadas foram a carapaça, esterno, palpo e pernas I, II, III e IV. As Análises de Variância Canônica (CVA) indicaram diferença significativa entre as proporções estruturais da carapaça e da perna I das amostras ($p = 0.01486$), sugerindo diferenciação morfológica associada às hipóteses de processos históricos de colonização e adaptação local. Nossos resultados contribuem para o entendimento dos processos da diversificação de D. *exilis* e adaptação de linhagens aos diferentes ambientes da Caatinga.

Palavras-chave: Adaptação, ecorregiões, filogeografia, diagonal brasileira de formações abertas.

DIVERSIFICACIÓN MORFOLÓGICA DEL APARATO HIOIDEO EN HYLOIDEA (ANURA): PATRONES FILOGENÉTICOS, ECOLÓGICOS Y DE HISTORIA DE VIDA

MORPHOLOGICAL DIVERSIFICATION OF THE HYOID APPARATUS IN HYLOIDEA (ANURA): PHYLOGENETIC, ECOLOGICAL AND LIFE HISTORY PATTERNS

María Laura Ponssa, Jessica Fratani*

Unidad Ejecutora Lillo, CONICET – Fundación Miguel Lillo. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <jessicafratani@gmail.com>

[POSTER]

En anuros adultos, el aparato hioideo se forma a partir de la fusión de elementos branquiales larvales. Usualmente está compuesto por una placa central cartilaginosa (la placa hioidea) que presenta tres pares de procesos cartilaginosos (hial, anterolateral y posterolateral) y un par de procesos posteromediales osificados que flanquean la laringe. Dada su importancia funcional en la alimentación, la respiración y la vocalización, analizamos su morfología y grado de mineralización/osificación dentro del clado Hyloidea con el objetivo de evaluar si la variación observada está determinada por restricciones filogenéticas, ecológicas o de historia de vida. Además, exploramos la influencia del tamaño sobre la forma, y analizamos diferencias en tasas evolutivas y disparidad morfológica entre grupos. También reconstruimos la morfología del hioides en un marco filogenético para inferir tendencias evolutivas. Nuestro conjunto de datos incluye 299 ejemplares pertenecientes a 158 especies distribuidas en 18 familias de hyloideos, además de representantes de cinco familias no hyloideas. Cuantificamos la configuración del hioides mediante morfometría geométrica y caracterizamos su morfología a través de rasgos cualitativos. Clasificamos las especies en cuatro categorías de microhábitat, y distinguimos estrategias de historia de vida en función de la estabilidad o cambio de microhábitat entre estadios larvales y adultos. Las especies de *Brachycephalus* y *Melanophryniscus* se diferencian del resto en el morfoespacio, ambos clados terrestres comparten un proceso posteromedial no expandido que surge como una varilla cartilaginosa desde la placa hioidea. Las demás especies muestran una superposición general en el espacio morfológico. La alometría evolutiva resultó significativa ($P = 0.03$), con diferencias sutiles en la forma del hioides asociadas al tamaño: las especies más pequeñas presentan el cuerpo del hioides más comprimido anteroposteriormente. No hallamos una relación significativa entre la forma del hioides y el microhábitat de los adultos, ni entre el cambio de microhábitat entre estadios larvales y adultos. Tampoco se detectaron diferencias en disparidad morfológica y tasa evolutiva entre las categorías consideradas.

Aunque el grado de mineralización/osificación en especies acuáticas y de desarrollo indirecto sea notablemente más alto, no encontramos diferencias significativas al incluir la filogenia. Estos resultados podrían indicar que la configuración anatómica del aparato hioideo en Hyloidea está modulada en mayor medida por la historia evolutiva y factores alométricos, mientras que las variables ecológicas evaluadas no muestran una asociación clara con su morfología.

➤ **Palabras clave:** Hioides, ecomorfología, anuros, filogenia, microhábitat.

LOST IN MORPHOSPACE: INTEGRATIVE TAXONOMY UNCOVERS *CYCLORAMPHUS* SPECIES LOST BEFORE DESCRIPTION

PERDIDOS EN EL MORFOESPACIO: LA TAXONOMÍA INTEGRADORA DESCUBRE ESPECIES DE *CYCLORAMPHUS* PERDIDAS ANTES DE LA DESCRIPCIÓN

Igor Gonçalves Ribeiro[1*], Diego de Almeida da Silva[2], Vanessa Kruth Verdade[1]

[1] Universidade Federal do ABC, Centro de Ciências Naturais e Humanas, Bangu, Santo André, São Paulo, Brazil.

[2] Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Miguel de Tucumán, Argentina.

* <igor.ribeiro@aluno.ufabc.edu.br>

[POSTER]

Integrative taxonomy is valuable in biodiversity hotspots, as it aids in the identification of cryptic species and the conservation of biological diversity. In such regions the rapid loss of habitat raises concerns about species that remain undescribed. These areas also exhibit a high diversity of habitat use, much of which stems from specific resource exploitation strategies. This is the case of one-third of the *Cycloramphus* species, some of which show significant morphological variation. *Cycloramphus eleutherodactylus*, for instance, has not been taxonomically reviewed since the 1980s and has been experiencing a loss of phenotypic diversity due to local extinctions. Seeking an integrative approach, we used geometric morphometrics as a supporting tool for species delimitation. We photographed and digitized landmarks on 162 individuals from terrestrial *Cycloramphus* species to explore their morphospace. We hypothesized that *Cycloramphus eleutherodactylus* included three distinct species differing in shape and occupying separate regions of morphospace. One of the potential new species was distributed in high-altitude areas of the Serra da Bocaina and Serra dos Órgãos, while the other was restricted to the Bananal Ecological Station. The lineages differ mainly in overall head proportions and the development of the supratympanic fold. On the other hand, head shape shows an allometric component that does not vary significantly among lineages in the sample. Ultimately, the relationship between specific patterns of resource use and rising extinction rates has affected the diversity subject to evolutionary processes during the Anthropocene. The use of new strategies to support species identification, such as geometric morphometrics, provides an opportunity to better assess the true extent of biodiversity loss.

Keywords: Geometric morphometrics, cryptic lineages, litter-dwelling, biodiversity loss.

➤ FORAGING BEHAVIOR AND ECOLOGY PREDICT THE EVOLUTION OF HUMERAL SHAPE IN HUMMINGBIRDS

EL COMPORTAMIENTO DE FORRAJEO Y LA ECOLOGÍA PREDICEN LA EVOLUCIÓN DE LA FORMA DEL HÚMERO EN LOS COLIBRÍES

Juan Camilo Ríos-Orjuela[1,2*], Daniel Cadena[1], Alejandro Rico-Guevara[3,4], Ilias Berberi[5], Lauren Miner[5], Roslyn Dakin[5]

[1] Laboratorio de Biología Evolutiva de Vertebrados, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.
[2] Grupo de Morfología y Ecología Evolutiva, Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.
[3] Department of Biology, University of Washington, Seattle, WA, U.S.A.
[4] Burke Museum of Natural History and Culture, University of Washington, Seattle, WA, U.S.A.
[5] Department of Biology, Carleton University, Ottawa, Ontario, Canada.
* <jc.anura@gmail.com>

[ORAL]

The evolution of skeletal morphology in birds is shaped by the interaction of ecological demands, functional constraints, and evolutionary history. In hummingbirds, specialized flight mechanics and diverse foraging strategies offer a unique framework to investigate how these factors influence the internal architecture of the wing. We analyzed humeral shape variation across 78 hummingbird species using geometric morphometrics, phylogenetic comparative methods, and ecological data related to foraging behavior, body size, range, and elevation. We detected significant phylogenetic signal in humeral shape, indicating evolutionary conservatism. However, ecological and morphological predictors explained over 28% of shape variation, with humerus size and body mass showing the strongest effects. Notably, traplining and territorial species differed in humeral shape, consistent with divergent biomechanical demands of sustained versus maneuver-intensive flight. Canonical variate analyses confirmed significant morphospace segregation among foraging strategies. Evolutionary rate analyses revealed that species with larger geographic ranges evolve humeral morphology more rapidly, suggesting ecological generalism promotes diversification. Although trapliners exhibited higher rates of shape evolution, the difference was not statistically significant. Finally, strong phenotypic integration between proximal and distal humeral regions indicates developmental and functional coordination, potentially constraining independent shape evolution. Our results highlight how ecological adaptation and functional integration jointly influence the tempo and mode of morphological evolution in a key skeletal element for flight.

➤ **Keywords:** Adaptive evolution, biomechanics, bird flight, geometric morphometrics, phenotypic integration.

EXPLORANDO A PLASTICIDADE FENOTÍPICA E AS ESTRATÉGIAS FUNCIONAIS DE INDIVÍDUOS SELVAGENS E ACLIMATADOS DE *EPIDENDRUM FULGENS* (ASPARAGALES: ORCHIDACEAE) AO LONGO DE UM GRADIENTE CLIMÁTICO

EXPLORANDO LA PLASTICIDAD FENOTÍPICA Y LAS ESTRATEGIAS FUNCIONALES DE INDIVIDUOS SILVESTRES Y ACLIMATADOS DE *EPIDENDRUM FULGENS* (ASPARAGALES: ORCHIDACEAE) A LO LARGO DE UN GRADIENTE CLIMÁTICO

Welington L. Sachetti Jr.*, Juliana L.S. Mayer, Diego S. Graciano, Fábio Pinheiro

Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, São Paulo, Brasil.
* <ton.jr.bio@gmail.com>

[POSTER]

As mudanças climáticas têm impactado diversos ecossistemas por meio de eventos extremos, como altas temperaturas e secas, afetando especialmente organismos sésseis, como as plantas. Compreender as estratégias utilizadas por esses organismos para lidar com tais pressões torna-se essencial. Neste estudo, investigamos a plasticidade fenotípica e estratégias funcionais de oito populações de *E. fulgens* (Orchidaceae), distribuídas ao longo de um gradiente climático na costa brasileira. Foram analisados oito atributos funcionais foliares em indivíduos selvagens e aclimatados e construímos espaços funcionais (FS) para avaliar a diversidade de estratégias ecológicas. As populações selvagens apresentaram valores médios mais altos nos atributos funcionais em comparação às aclimatadas. Também detectamos resposta ao gradiente climático, com redução da área foliar e aumento do conteúdo de água saturada em regiões mais frias e secas, indicando estratégias mais conservadoras no sul da distribuição. O FS revelou maior dispersão entre os indivíduos selvagens, indicando maior diversidade funcional. O estudo evidencia a plasticidade fenotípica e estratégias ecológicas distintas em *E. fulgens*, ressaltando seu potencial adaptativo frente às mudanças climáticas.

Palavras-chave: Atributos funcionais, ecologia de população, espaço funcional, estratégias ecológicas, mudanças climáticas.

EFECTOS ECOLÓGICOS, FILOGENÉTICOS E INTRÍNSECOS SOBRE LA FORMA DE ESTRUCTURAS ESQUELETALES EN MARSUPIALES DIDÉLFIDOS (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE)

ECOLOGICAL, PHYLOGENETIC AND INTRINSIC EFFECTS ON THE SHAPE OF SKELETAL STRUCTURES IN DIDELPHID MARSUPIALS (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE)

Sergio O. Saguir[1], Lucila I. Amador[1], David Flores[1,3*], Santiago A. Catalano[1,2]

[1] Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-FML, Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Naturales e IML. UNT, Tucumán, Argentina.
[3] Instituto de Vertebrados, Fundación Miguel Lillo,Tucumán, Argentina.
* <daflores@lillo.org.ar>

[ORAL]

La diversidad de formas del esqueleto en mamíferos es influenciada por diversos factores (e.g. legado filogenético, ecología, comportamiento) que pueden generar covariaciones entre estructuras. El estudio de la forma se vio enriquecido con el advenimiento de las herramientas de morfometría geométrica; sin embargo, los trabajos que las utilizan suelen circunscribirse a una sola estructura ósea. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar los efectos de la filogenia, hábitos dietarios y de locomoción, tamaño, y la integración entre estructuras sobre la forma de 11 elementos esqueletales craneales y poscraneales en 44 especies de didélfidos, representados mediante 14 configuraciones de landmarks 2D. Utilizamos dos aproximaciones metodológicas exploratorias (MFA y PCA), una alternativa multivariada de la K de Blomberg para evaluar la señal filogenética, ANOVA y ANOVA filogenético para evaluar el efecto del tamaño, dieta y locomoción sobre la forma, y un análisis exploratorio de integración entre todos los pares posibles de estructuras. Como patrón general, en los morfoespacios se observó un solapamiento de grupos taxonómicos, con cierta separación de la tribu Didelphini, una separación de las especies frugívoras del resto de categorías dietarias, y cierta separación entre especies arborícolas y terrestres. Casi todas las configuraciones revelaron señal filogenética significativa, excepto fémur y tibia. En los ANOVAs, el tamaño y la dieta tuvieron un efecto significativo sobre la mayoría de las estructuras analizadas, mientras que la locomoción lo tuvo sólo para cinco de ellas. Sin embargo, al considerar la filogenia en los ANOVAs, únicamente la locomoción tuvo un efecto significativo sobre las estructuras de la región anterior del cuerpo (cráneo, vértebras cervicales, miembro anterior). En el análisis de integración, el atlas y el axis fueron elementos centrales dentro de la red de covariaciones, resultado esperable dado su rol conector de cráneo y poscráneo; menos esperable fue la posición central de la tibia y la fíbula.

En contraste, los elementos menos conectados fueron el cráneo (vista dorsal), la mandíbula y la escápula. La mayoría de las covariaciones ocurrieron entre elementos de distintas regiones del cuerpo, mientras que las covariaciones entre elementos de la misma región fueron escasas o nulas, como en el caso de las estructuras del miembro anterior. En conjunto, los resultados indican que la filogenia tiene un efecto notable sobre la forma de las estructuras en didélfidos, en congruencia con estudios previos en el grupo. Sin embargo, las estructuras de la región anterior del cuerpo se vieron afectadas además por los hábitos de locomoción, en contraposición a lo encontrado por otros autores en carnívoros placentarios, donde los miembros posteriores fueron los más adaptados al régimen locomotor. El patrón de divergencia funcional entre la región anterior y posterior del cuerpo podría diferir entre marsupiales y placentarios, aunque aún se requieren estudios ecomorfológicos comprehensivos adicionales en otros grupos de mamíferos que involucren múltiples elementos esqueletales.

➤ **Palabras clave:** Filogenia, dieta, locomoción, mamíferos, morfometría geométrica.

NO TAN SIMILARES DESPUÉS DE TODO: PATRONES EVOLUTIVOS EN LA DINÁMICA DEL NICHO EN OCTOPODIDAE

NOT SO SIMILAR AFTER ALL: EVOLUTIONARY PATTERNS IN NICHE DYNAMICS IN OCTOPODIDAE

Aura Pamela Santiago Sarmiento[1*], Carlos Yáñez Arenas[1], Citlalli Edith Esparza Estrada[1], Luis Enrique Ángeles González[2]

[1] Laboratorio de Ecología Geográfica, Unidad de Conservación de la Biodiversidad, UMDI-Sisal, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Sierra Papacal, Yucatán, México.

[2] Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Carretera Ensenada, Ensenada, B.C. México.

[*] <aurapamela97@gmail.com>

[ORAL]

Comprender cómo evolucionan los nichos ecológicos es fundamental para predecir la respuesta de las especies ante el cambio ambiental. Los cefalópodos, particularmente los pertenecientes a la familia Octopodidae, constituyen un modelo único por su corto ciclo de vida, plasticidad fenotípica y modos de desarrollo contrastantes. En este estudio, examinamos la dinámica evolutiva del nicho fundamental (NF) en 38 especies de pulpos, combinando métodos comparativos filogenéticos con modelado de nicho ecológico. Evaluamos patrones de conservadurismo del nicho a nivel de especie y de familia, enfocándonos en la temperatura y el oxígeno disuelto como variables ambientales clave. Las comparaciones entre especies hermanas no mostraron evidencia significativa de conservadurismo, lo que sugiere mayor labilidad del nicho a escalas filogenéticas recientes. En contraste, la selección de modelos evolutivos favoreció el modelo de Ornstein-Uhlenbeck para todos los rasgos, coherente con un escenario de selección estabilizadora. Los análisis indicaron un mayor conservadurismo en los rasgos relacionados con la temperatura, lo que sugiere restricciones evolutivas más fuertes bajo estrés térmico. Este estudio representa la primera evaluación integral de la evolución del NF en cefalópodos, y resalta las restricciones ecológicas que podrían influir en su resiliencia frente al cambio climático.

Palabras clave: Nicho evológico, consevadurismo, cefalópodos.

ÍNDICES FUNCIONALES Y ONTOGENIA DE LOS HUESOS LARGOS EN ANUROS

FUNCTIONAL INDICES AND ONTOGENY OF LONG BONES IN ANURANS

Mónica Carina Soliz[1*], María José Tulli[2]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Cátedra Vertebrados Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina.

[2] Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas- Fundación Miguel Lillo, Cátedra Biología Animal, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <monica.c.soliz@gmail.com>

[POSTER]

Las extremidades de los tetrápodos, especialmente las de los anuros, ofrecen un modelo ideal para comprender la compleja interacción entre las presiones selectivas del ambiente, las limitaciones del desarrollo y la evolución morfológica. A pesar de su relevancia, los estudios que analizan las proporciones relativas de los huesos largos y los índices funcionales en anuros son escasos. La mayoría de las investigaciones se han centrado en las longitudes totales de los miembros, sin datos suficientes sobre las proporciones relativas de sus componentes individuales en la ontogenia. Este estudio es pionero en el uso de índices morfofuncionales en anuros. El objetivo principal investigar los cambios en las proporciones de las extremidades y los índices funcionales a lo largo de la ontogenia en nueve especies de anuros (Hylidae, Bufonidae y Leptodactylidae), y determinar si estas variaciones se relacionan con el tipo de locomoción y el uso del hábitat en contexto filogenético. Analizamos los miembros anteriores y posteriores de 79 ejemplares en tres estadios ontogenéticos (metamórfico, juvenil y adulto), tomando 18 medidas de los huesos largos (húmero, radioulna, fémur, tibiofibula y tarsales). Calculamos ocho índices morfofuncionales, cinco de ellos descritos por primera vez. Nuestros resultados indican que los elementos estilopodiales exhiben alometría negativa, mientras que los zeugopodiales muestran alometría positiva, sugiriendo una mayor flexibilidad y precisión locomotora. La mayoría de los índices evaluados (EI: ancho relativo de los epicóndilos, VCDI: longitud de la cresta ventral del húmero, RURI: robustez de radioulna, RUGI: posición relativa del surco de radioulna, FRI: robustez del fémur, TfRI: robustez de tibiofibula, TRI: grado de fusión de los tarsales) fueron informativos para diferenciar entre grupos ecológicos. Las ranas terrestres *hopper-walker*, como *Rhinella arenarum* y *Rhinella spinulosa*, exhiben un fémur y una tibiofíbula más robustos, así como tarsales más cortos y menos fusionados, a diferencia de las especies saltadoras como *Boana riojana*.

Estos miembros más robustos podrían indicar una mayor adecuación tanto como para el salto corto generando más potencia cómo para el de soportar el impacto del aterrizaje. Al igual que en otros grupos de tetrápodos, recuperamos un gradiente de esbeltez-robustez de las especies de saltadoras, *hopper* a *hopper-walker*.

➤ **Palabras clave:** Alometría, uso de hábitat, modos locomotores, extremidades.

LA CONTAMINACIÓN LUMÍNICA COMO POSIBLE MODULADOR DEL FENOTIPO EN COMUNIDADES DE ESFÍNGIDOS (SPHINGIDAE)

LIGHT POLLUTION AS A POSSIBLE MODULATOR OF THE PHENOTYPE IN SPHINGID COMMUNITIES (SPHINGIDAE)

Florencia Soteras[1*], Rocío Lajad[1], Martina Tosatto[1], Corina Vissio[1], Ignacio Lynch[2], Andrea A. Coccuci[1]

[1] Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET-UNC), Córdoba, Argentina.

[2] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET-UNC), Córdoba, Argentina.

* <fsoteras@imbiv.unc.edu.ar>

[ORAL]

La presencia de luz artificial durante la noche altera los ciclos naturales de luz-oscuridad y por lo tanto, afecta la fisiología y el comportamiento de los organismos. Uno de los efectos directos de la contaminación lumínica es la atracción de insectos hacia las fuentes de luz, un comportamiento que varía entre especies e, incluso, entre individuos de una misma especie. El "vuelo hacia la luz" incrementa, entre otras cosas, la probabilidad de muerte por agotamiento o depredación. Esto es especialmente importante en los esfíngidos (Lepidoptera: Sphingidae), muchos de los cuales actúan como polinizadores nocturnos de plantas que dependen exclusivamente de ellos para su reproducción. Dado que los individuos más atraídos a la luz presentan menor supervivencia, los caracteres fenotípicos asociados a este comportamiento, podrían aumentar su vulnerabilidad frente a la contaminación lumínica. En este trabajo planteamos la hipótesis de que la luz artificial actúa como una fuerza selectiva negativa sobre los esfíngidos que tienen ojos y alas más grandes. Se realizó un muestreo pareado en cinco localidades del bosque serrano de la provincia de Córdoba, en sitios con y sin luz artificial. En cada sitio, se instalaron trampas de luz para capturar, identificar y fotografiar a los esfíngidos. A partir de las imágenes, se midió el diámetro del ojo y la longitud alar de cada individuo, así como la longitud de la probóscide para evaluar su correlación con los anteriores. El tamaño ocular y alar variaron entre sitios con y sin luz artificial, dependiendo de la especie. Bajo contaminación lumínica los individuos pertenecientes a la especie más pequeña y más grande de la comunidad, i.e. *Callionima grisescens* y *Manduca rustica*, presentaron mayor diámetro de ojo y longitud alar en comparación con el sitio no contaminado. Estos resultados apoyan la hipótesis planteada ya que, a largo plazo, los individuos de ojos y alas más grandes estarían menos representados en la comunidad. Por otro lado, se observó una correlación significativa entre la longitud de la probóscide y los tamaños ocular y alar, lo que indica un impacto indirecto sobre las interacciones planta-polinizador especializadas.

El estudio de los caracteres asociados a un mayor riesgo de los polinizadores nocturnos frente a la contaminación lumínica permitirá planificar la instalación de luces artificiales que minimicen la pérdida de especies y de funciones ecosistémicas.

➤ **Palabras clave:** Luz artificial, fuerza selectiva, tamaño del ojo, longitud alar, polinizador nocturno.

VARIABILIDAD MORFOMÉTRICA DEL FÉMUR DE *TEIUS TEYOU* (SQUAMATA: TEIIDAE): ¿HAY RELACIÓN ENTRE FORMA Y AMBIENTE?

MORPHOMETRIC VARIABILITY OF THE FEMUR OF *TEIUS TEYOU* (SQUAMATA: TEIIDAE): IS THERE A RELATIONSHIP BETWEEN SHAPE AND ENVIRONMENT?

Leandro Sudaro[1]*, Camila A. Kass[1,2], Iara Aguirre[1], Nahuel Vega[3], Pablo J. Gaudioso[4]

[1] Sección Herpetología, División Zoología Vertebrados, Museo de La Plata. Paseo del Bosque s/n. La Plata (1900), Buenos Aires, Argentina.
[2] Universidad Nacional de Chilecito, La Rioja, Argentina.
[3] Laboratorio Argentino de Haces de Neutrones, Centro Atómico Constituyentes, Buenos Aires, Argentina.
[4] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-Instituto de Ambiente de Montaña y Regiones Áridas, Depart. de Ciencias Básicas y Tecnológicas, Univ. Nac. de Chilecito. Chilecito, La Rioja, Argentina. Instituto de Investigaciones de Biodiversidad Argentina, Fac. de Ciencias Naturales e IML, Univ. Nac. de Tucumán. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <leandro.sudaro@gmail.com>

[ORAL]

El lagarto *Teius teyou* (familia Teiidae) es una especie grácil y ágil, caracterizada por la ausencia del quinto dedo en los miembros posteriores. Se encuentra ampliamente distribuido desde Mendoza (Argentina) hasta Santa Cruz (Bolivia), abarcando una gran variedad de ambientes. Estas diferencias ambientales, pueden ejercer presiones selectivas sobre la anatomía locomotora del organismo, en particular sobre el miembro posterior, que cumple un rol clave en el empuje durante la locomoción. El fémur es un hueso largo en el que se insertan importantes masas musculares, lo que lo convierte en una estructura altamente sensible a variaciones biomecánicas. Analizamos la variabilidad morfológica del fémur de *T. teyou* y su posible relación con el ambiente en dos ecorregiones de Argentina. Se examinaron 15 especímenes adultos, provenientes de distintas localidades de la ecoregión del Chaco Seco y Monte de Llanura y Mesetas. Los fémures fueron escaneados mediante tomografía computada en el Laboratorio Argentino de Haces de Neutrones y procesados con el software de código abierto 3D Slicer. Se tomaron 17 medidas lineales del fémur que fueron analizadas sin estandarizar. Los datos se evaluaron a través de un análisis de componentes principales (ACP), con el objetivo de explorar patrones de variación morfológica. En el ACP, los dos primeros componentes explican el 91% de la varianza, asociados con la longitud máxima del fémur y la longitud del surco intercondrilar. A pesar de esta variación, no se evidenció una diferenciación clara entre las ecorregiones en el morfoespacio generado.

Sin embargo, se observó una disparidad fenética entre los ejemplares, cuya causa aún no está determinada. Una posible explicación podría estar asociada a diferencias sexuales, pero esta hipótesis requiere ser evaluada en futuros análisis que incluyan información sobre el sexo de los individuos. Para avanzar en la comprensión de esta variabilidad morfológica, sería necesario ampliar la muestra a otros elementos del esqueleto apendicular el número de ejemplares y su representación geográfica. Esto permitirá evaluar con mayor robustez la influencia de factores ambientales y biológicos sobre la morfología del fémur en esta especie.

➤ **Palabras clave:** Morfometría lineal, esqueleto apendicular, tomografía computada, Squamata.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LAS ESPECIES DE DIATOMEAS DEL GÉNERO *NEOLUTICOLA*: PATRONES Y TENDENCIAS EVOLUTIVAS DENTRO DEL GRUPO

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF DIATOM SPECIES OF THE GENUS *NEOLUTICOLA*: PATTERNS AND EVOLUTIONARY TRENDS WITHIN THE GROUP

Santiago Thomé Andueza[1*], Julián Simonato[2]

[1] División de Ficología, Museo de la Plata, FCNyM.
[2] Instituto de Limnología "Dr. Raúl A. Ringuelet" CONICET La Plata (FCNyM).
* <santiago.t.andueza@gmail.com>

[POSTER]

Las diatomeas son algas unicelulares eucariotas que constituyen una parte esencial del fitoplancton y perifiton global. Se caracterizan por la presencia de un frústulo silíceo con gran valor taxonómico gracias a su complejidad estructural. Si bien su prevalencia en ecosistemas acuáticos es bien conocida, un subconjunto notable de estas algas ha colonizado con éxito hábitats subaéreos, como musgos y superficies rocosas húmedas. Dentro de este grupo ecológicamente especializado, el género *Luticola* se erige como un taxón conspicuo y ampliamente distribuido. Morfológicamente, *Luticola* se distingue por presentar un poro central distintivo, estrías punctiformes y canales marginales. La presencia del poro así como un rafe podrían facilitar la adhesión y el movimiento en sustratos sólidos. Estas adaptaciones resaltan la plasticidad evolutiva de las diatomeas frente a presiones ambientales extremas. Investigaciones filogenéticas recientes, basadas en un análisis exhaustivo de caracteres morfológicos, han propiciado una reevaluación taxonómica profunda dentro del clado *Luticola*. Estos estudios han culminado en la descripción de un nuevo género, *Neoluticola*, de distribución Neotropical. Actualmente, *Neoluticola* comprende cuatro especies que, si bien comparten afinidades morfológicas con *Luticola*, exhiben caracteres distintivos que justifican su delimitación como un linaje evolutivo independiente. Este hallazgo subraya la necesidad de una caracterización taxonómica continua para desentrañar la verdadera diversidad de las diatomeas subaéreas. La clarificación de las relaciones filogenéticas de *Neoluticola* se llevó adelante mediante la inclusión de especies de géneros afines, como *Luticola* y *Luticulopsis* en un análisis filogenético de parsimonia. La matriz de caracteres, compuesta por caracteres morfológicos discretos y continuos derivados de descripciones detalladas de las especies involucradas (*N. arrechensis, N. alegrensis, N. spinosa, N. salvadoriana, L. guaranitica, L. infima, L. iguazuensis, L. lagartiensis y Luticulopsis vietnamica*), fue ensamblada y gestionada utilizando el programa Mesquite v3.81. Esta plataforma facilitó la codificación de los caracteres y la visualización preliminar de las relaciones hipotéticas.

Los análisis de parsimonia se ejecutaron empleando el programa *PAUP (Phylogenetic Analysis Using Parsimony) v4.0a169*. Se realizó una búsqueda heurística exhaustiva con *TBR (Tree Bisection and Reconnection)* para explorar el espacio de árboles y minimizar la longitud del árbol. La robustez de los clados obtenidos fue evaluada mediante análisis de *bootstrap* con 1000 réplicas, con el fin de cuantificar el soporte estadístico para cada nodo. Estos procedimientos permitieron dilucidar las relaciones de parentesco entre *Neoluticola*, *Luticola* y *Luticulopsis*, proporcionando una base sólida para su clasificación taxonómica y la comprensión de su evolución en ambientes subaéreos. Los análisis permitieron identificar dos subgrupos de *Neoluticola* con posibles diferencias respecto a parámetros físico químicos del hábitat, así como tendencias evolutivas en su morfología valvar con implicancias en su desempeño en ambientes subaéreos. El presente estudio constituye un aporte a la comprensión de la evolución en organismos heterocontofitos, su adaptabilidad a ambientes subaéreos y su biodiversidad.

➤ **Palabras clave:** Diversidad, terrestrealización, morfología, Stramenopiles.

LA FUERZA DE SUJECIÓN DETERMINA LAS DIFERENCIAS MORFOLÓGICAS ENTRE ESPECIES DE LAGARTIJAS TERRESTRES Y TREPADORAS DEL GÉNERO *LIOLAEMUS*

GRIP STRENGTH DETERMINES THE MORPHOLOGICAL DIFFERENCES BETWEEN SPECIES OF TERRESTRIAL AND CLIMBING LIZARDS OF THE GENUS *LIOLAEMUS*

María J. Tulli[1*], Ken S. Toyama[2]

[1] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-FML), Facultad de Ciencias Naturales e IML, UNT. Tucumán, Argentina.

[2] Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

* <majotulli@csnat.unt.edu.ar>

[ORAL]

El paradigma ecomorfológico indica que el rendimiento funcional de un individuo está determinado por diferentes variables fenotípicas. Además, la relación multivariada entre el fenotipo y la función permite que una sola variable fenotípica pueda afectar múltiples medidas de rendimiento simultáneamente. Debido a esta interconexión entre variables morfológicas y de rendimiento, y anticipando que es imposible maximizar el rendimiento necesario en cada contexto ecológico, se espera que patrones de compensación (i.e. "trade-offs") emerjan a nivel macroevolutivo entre especies con ecologías diferentes. En este trabajo exploramos la relación entre la morfología y el rendimiento funcional en lagartijas del género *Liolaemus* con distintos tipos locomotores terrestres y trepadores. Para ello, evaluamos la relación entre medidas de velocidad de desplazamiento y de fuerza de sujeción, y medidas lineales externas y medidas del área transversal de diversos músculos. Utilizando métodos comparativos filogenéticos buscamos determinar (1) si existen diferencias morfológicas entre especies terrestres y trepadoras, (2) si estas diferencias están relacionadas a las necesidades funcionales de cada contexto ecológico, (3) y si las variables morfológicas relacionadas a cada medida de rendimiento muestran evidencias de haber evolucionado hacia óptimos distintos a través del tiempo. Nuestros resultados indicaron que especies terrestres y trepadoras muestran fenotipos multivariados diferentes. Además, el eje de diferenciación morfológica entre ambos grupos estuvo significativamente relacionado a la magnitud relativa de la fuerza de sujeción. Sin embargo, no encontramos una relación entre la morfología y la velocidad de desplazamiento. Variables morfológicas relacionadas a una mayor fuerza de sujeción evidenciaron haber seguido un modelo de evolución hacia valores óptimos mayores en especies trepadoras.

Estos patrones sugieren que la diferenciación morfológica entre ambos grupos se debe principalmente a la importancia de la fuerza de sujeción para las especies trepadoras, y a la fuerte relación entre esta medida de rendimiento y la morfología. De acuerdo con estudios previos, la relación entre morfología y velocidad de desplazamiento parece ser compleja a nivel interespecífico. Esto podría deberse a que esta es solo una de las medidas de rendimiento que podrían ser relevantes para especies terrestres debido a la diversidad de sustratos que estas experimentan. Concluimos que el uso de hábitat habría tenido un fuerte impacto en la evolución morfológica de este grupo, especialmente debido a las necesidades funcionales de una ecología para trepar superficies verticales.

➤ **Palabras clave:** Anatomía, ecomorfología, macroevolución, performance.

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA DEL SISTEMA DIGESTIVO Y ESPECIFICIDAD DIETARIA EN ANUROS

MORPHOLOGICAL VARIABILITY OF THE DIGESTIVE SYSTEM AND DIETARY SPECIFICITY IN ANURANS

Miriam C. Vera[1*], Katyuscia Araujo-Vieira[2], Veit Grabe[3], Martin Kaltenpoth[3], Andrés E. Brunetti[1,3]

[1] Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical, CONICET UnaM, Misiones, Argentina.
[2] División Herpetología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" – CONICET. Buenos Aires, Argentina.
[3] Department of Insect Symbiosis, Max Planck Institute for Chemical Ecology. Jena, Alemania.
* <miriamcovera@gmail.com>

[POSTER]

La anatomía general del sistema digestivo en vertebrados es conservada. Sin embargo, en distintos grupos, existen variaciones relacionadas principalmente a especializaciones dietarias, como en los mamíferos rumiantes y mirmecófagos. Los anuros en su estadio adulto son considerados generalistas, alimentándose de artrópodos y otros invertebrados. Sin embargo, algunas especies se alimentan únicamente de hormigas y termitas (mirmecofagia), e incluso algunas de frutos (frugivoría). A pesar de esta variabilidad, pocos estudios exploran las características morfológicas asociadas a la dieta en la etapa adulta. En este trabajo analizamos la diversidad morfológica del sistema digestivo en siete especies de ranas (Hylidae: Hylinae) las cuales presentan la mayoría de las dietas descriptas en anfibios: generalista (artrópodos), especialista (mirmecofagia) y frugivoría, considerándose también los tipos de uso de hábitat (i.e., arborícola y acuático). Los estudios anatómicos se realizaron usando microtomografías computadas con contraste de yodo. Los órganos digestivos (lengua, esófago, estómago e intestinos) fueron segmentados y analizados mediante los programas Dragonfly y Slicer 3D. Adicionalmente, se efectuaron disecciones para estudiar la anatomía de la lengua. Se tomaron diferentes variables morfológicas de los órganos del sistema digestivo y de los músculos de la lengua, que fueron corregidas en función de la longitud total del cuerpo y del volumen de la cavidad corporal. Las variables fueron analizadas utilizando análisis de componentes principales (PCA), el cual mostró diferencias marcadas entre *Xenohyla truncata* (frugívora) y el resto de las especies. Esta especie presenta un intestino delgado considerablemente más corto y de menor volumen. Por el contrario, *Phyllodytes luteolus* (mirmecófaga) presenta el intestino delgado más largo. Asimismo, se observó una variabilidad interespecífica en la lengua, siendo *X. truncata* la especie con el pad lingual (i.e. superficie dorsal y adhesiva de la lengua) más corto.

Estos resultados sugieren que distintas dietas, como la frugivoría, se asocian a modificaciones morfofuncionales del sistema digestivo y de la lengua. La marcada divergencia morfológica de *X. truncata* respecto al resto podría reflejar una trayectoria evolutiva particular asociada a un nicho trófico poco común entre anuros.

➤ **Palabras clave:** Micro-ct can, intestino, lengua, frugívoro, insectívoro.

INFLUENCIA DE LA CONTAMINACIÓN LUMÍNICA SOBRE LOS CARACTERES DE AJUSTE RECÍPROCO ENTRE LOS ESFÍNGIDOS (LEPIDOPTERA: SPHINGIDAE) Y LAS PLANTAS QUE POLINIZAN

INFLUENCE OF LIGHT POLLUTION ON THE RECIPROCAL ADJUSTMENT TRAITS BETWEEN SPHINGIDS (LEPIDOPTERA: SPHINGIDAE) AND THE PLANTS THEY POLLINATE

Corina Vissio*, Andrea A. Cocucci, Ignacio Lynch Ianniello, Valeria Falczuk, Florencia Soteras

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-Universidad Nacional de Córdoba). Córdoba, Argentina.

* <cvissio@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

La contaminación lumínica es un disturbio antropogénico cada vez más extendido asociado a la urbanización. Si bien se sabe que la luz artificial puede afectar la diversidad, el comportamiento e interacciones de insectos nocturnos, se conoce poco acerca de su rol como posible agente de selección. En este sentido, en un trabajo reciente se ha demostrado que la luz artificial afecta principalmente a lepidópteros de mayor tamaño corporal, i.e. mayor longitud alar, de probóscide y de diámetro de ojo. Dado que la probóscide en particular está implicada en el ajuste recíproco con las flores de las plantas que polinizan, los cambios en el tamaño de este rasgo funcional pueden afectar el éxito de la polinización. Por lo tanto, la luz artificial podría actuar como agente de selección al influenciar el ajuste recíproco planta-polinizador. En este trabajo nos preguntamos si la contaminación lumínica está afectando el tamaño de la probóscide de esfíngidos (Lepidoptera: Sphingidae) y el largo del tubo de las flores que estos polinizan. Realizamos muestreos en cinco sitios, cada uno de ellos con ambos tratamientos (con y sin contaminación lumínica), dentro del Bosque Chaqueño Serrano de la provincia de Córdoba. Identificamos los esfíngidos capturados con trampas de luz en cada comunidad y medimos su longitud de probóscide. Además, trazamos transectas de 100 metros centradas en la trampa y recolectamos 5 flores de cada planta esfingófila encontrada. Luego medimos digitalmente el largo del tubo de las flores para registrar la variación en la longitud floral. Las longitudes florales registradas oscilaron entre 14 y 107 mm, y las de probóscide entre 11 y 134 mm. No se observaron diferencias significativas en la longitud de la probóscide ni de los tubos florales entre sitios contaminados y no contaminados lumínicamente. Sin embargo, observamos una disminución en la frecuencia de individuos con probóscides y tubos florales de entre 70 y 90 mm en sitios contaminados lumínicamente.

Por lo tanto, la contaminación lumínica no parece afectar el ajuste recíproco a nivel de toda la comunidad de esfíngidos y plantas, pero, al producir asimetrías en la distribución de tamaños, a largo plazo podría cambiar el ajuste recíproco entre algunas especies de la comunidad. Sería interesante evaluar si este patrón de cambio es producto de un proceso de selección disruptiva sobre el ajuste recíproco planta-polinizador en respuesta a la contaminación lumínica, con el fin de determinar los caracteres que incrementan la vulnerabilidad de las especies frente a este cambio ambiental.

➤ **Palabras clave:** Luz artificial durante la noche, urbanización, polinización nocturna.

Sesión libre / 3

Biología evolutiva del desarrollo y epigenética

Biologia evolutiva do desenvolvimento e epigenética

➤ DESARROLLO PREMETAMÓRFICO DE LA RANA MARSUPIAL *GASTROTHECA CHRISTIANI* (ANURA, HEMIPHRACTIDAE)

PREMETAMORPHIC DEVELOPMENT OF THE MARSUPIAL FROG *GASTROTHECA CHRISTIANI* (ANURA, HEMIPHRACTIDAE)

Paula Magali Ávila[1], Sofía Candela Nuno Brito[1], Florencia Vera Candioti[2*]

[1] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo (Universidad Nacional de Tucumán), Tucumán, Argentina.

[2] Unidad Ejecutora Lillo (UEL, CONICET–Fundación Miguel Lillo), Tucumán, Argentina.

* <florivc@gmail.com>

[POSTER]

Gastrotheca christiani es una especie de rana marsupial endémica de las Yungas de las provincias de Salta y Jujuy, al norte de Argentina. Como otras especies del género, se caracteriza por la presencia de un marsupio dorsal donde las hembras incuban sus huevos. A diferencia de formas que luego de un desarrollo inicial en el cuerpo de la madre liberan renacuajos en el agua, en este caso el desarrollo completo hasta la metamorfosis ocurre dentro del marsupio. En este trabajo describimos la morfología premetamórfica de *G. christiani* a partir de material conservado en la colección herpetológica de la Fundación Miguel Lillo, y comparamos con información disponible para otras especies del género con y sin fase larval acuática. Las observaciones muestran características distintivas de la ontogenia temprana en la familia combinadas con aspectos particulares del desarrollo completamente vivíparo. Por ejemplo, las branquias en campana (presentes en todos los hemifráctidos) envuelven íntegramente al embrión durante toda la incubación. Caracteres típicamente larvales como la cola, aletas y opérculo/espiráculo se desarrollan en menor grado. El aparato bucal retiene la configuración general de larvas de vida libre de especies relacionadas (i.e., margen papilar, vainas mandibulares, 5 pliegues labiales), pero carece de dientes labiales. Adicionalmente, áreas despigmentadas laterales al disco oral parecen ser indicio de glándulas adhesivas vestigiales en estadios avanzados. La morfología oral de *G. christiani* es similar a la descripta para *G. excubitor* y *G. orophylax*, y diferente de *G. ovifera*, *G. testudinea*, *G. cornuta* y *G. walkeri* donde las vainas mandibulares queratinizadas están ausentes. Nuestros resultados contribuyen a la discusión sobre la relación entre modos de desarrollo y morfología premetamórfica en ranas, y destacan la extraordinaria diversidad anatómica en especies con nutrición endotrófica. Los aspectos únicos de la biología reproductiva y ontogenia de esta especie, categorizada en Peligro Crítico, estimulan nuevas investigaciones y su aporte al desarrollo de estrategias de conservación.

➤ **Palabras clave:** Branquias en campana, morfología oral, renacuajos endotróficos, viviparidad.

EVOLUCIÓN PLACENTARIA Y DOBLE REPROGRAMACIÓN DEL DESARROLLO. UNA VISIÓN DESDE LA EVO-DEVO

PLACENTAL EVOLUTION AND DOUBLE DEVELOPMENTAL REPROGRAMMING: AN EVO-DEVO PERSPECTIVE

Claudio Gustavo Barbeito[1,2*], Francisco Acuña[1,2], Jimena Barbeito-Andrés[2,3], Mariana Woudwyk[1], Monica Diessler[1], Julieta Carril[1,2]

[1] Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC). Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de La Plata. Buenos Aires, Argentina.
[2] CONICET. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
[3] Unidad de Ejecución de Estudios en Neurociencias y Sistemas Complejos (ENyS, CONICET - UNAJ - Hospital El Cruce). Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina.
* <barbeitocg@gmail.com>

[ORAL]

La placenta es un órgano transitorio formado por tejidos embrionarios y parentales que, a través de intercambios fisiológicos y la modulación de la respuesta inmune materna que minimiza la posibilidad de rechazo del embrión, hace posible el desarrollo del nuevo individuo en momentos tempranos de la ontogenia. Este órgano se originó, de manera independiente, numerosas veces en los vertebrados. Su función en algunos grupos de anamniotas y reptiles se limita al intercambio gaseoso, en esos casos la nutrición prenatal ocurre a partir del vitelo acumulado en el huevo (nutrición lecitotrófica). Sin embargo, en otros clados, incluidos los mamíferos terios, la función nutricia de la placenta es fundamental y representa la forma más compleja y eficiente de nutrición matrotrófica, además de poseer funciones endocrinas e inmunológicas. Entre los amniotas la placenta se originó de manera independiente numerosas veces en Squamata y una vez en mamíferos, y siempre interviene en su formación el corion unido al saco vitelino o al alantoides. En mamíferos el surgimiento de la placenta, en el momento del origen común de los terios, se asocia con la incorporación de un gen retroviral al genoma. En el presente trabajo discutiremos los datos provenientes de las publicaciones de distintos autores y nuestras propias observaciones y análisis, moleculares, histológicos y anatómicos, realizados en placentas de numerosas especies, para contribuir a la comprensión del origen y evolución placentaria desde la visión de la Evo-Devo. La aparición de un órgano que no existía previamente en un clado, como la placenta, requiere de una reprogramación del desarrollo mediante un proceso generador de novedades evolutivas (heterotipia). En el caso de la placenta de mamíferos este proceso ocurrió tanto en el útero como en los anexos embrionarios que forman parte de la placenta. En el útero de los terios la coopción del proceso inflamatorio permitió que el embrión pueda implantarse.

En metaterios la reacción inflamatoria uterina es posimplantacional, pero en euterios ocurre independientemente de la formación de un embrión y desencadena un cambio en el endometrio conocido como reacción decidual (con la aparición de un nuevo tipo celular: las células estromales deciduales). En los anexos embrionarios/fetales, la reprogramación también incluye una coopción de la función endocrina de la membrana coriolantoidea, para regular la gestación en la madre. Esta visión del origen de la placentación como una doble reprogramación del desarrollo implica considerar a la madre y el embrión/feto como una unidad evolutiva y puede ayudarnos a comprender hechos como la gran diversidad existente entre placentas de distintos euterios y la relación entre placentación y cáncer, tan importante en euterios.

➤ **Palabras clave:** Coopción, decidua, genes retrovirales, heterotipia, membrana corioalantoidea.

MODULARIDAD DEL SISTEMA VASCULAR SECUNDARIO DE LA FAMILIA UMKOMASIACEAE (GIMNOSPERMAS FÓSILES): IMPLICANCIAS EN EL ORIGEN Y EVOLUCIÓN DEL GRUPO

MODULARITY OF THE SECONDARY VASCULAR SYSTEM OF THE UMKOMASIACEAE FAMILY (FOSSIL GYMNOSPERMS): IMPLICATIONS FOR THE ORIGIN AND EVOLUTION OF THE GROUP

Josefina Bodnar[1,2*], Eliana P Coturel[2,3], Jorge L. Espina[3], Magdalena Grosso[3], Jano N. Procopio Rodríguez[2,4]

[1] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata. Deán Funes 3350, B7602AYL Mar del Plata, Argentina.
[2] Consejo Nacional De Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
[3] División Paleobotánica, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. La Plata, Argentina.
[4] Laboratorio de Anatomía Comparada, Propagación y Conservación de Embriofitas "Dr. Elías de la Sota" (LACPE), Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina.
* <josefinabodnar@gmail.com>

[POSTER]

Las corystospermas (Familia Umkomasiaceae) constituyen un linaje extinto de plantas con semilla, que surgieron en el Pérmico y alcanzaron su diversificación durante el Triásico, llegando al Jurásico de forma relictual. Sus tallos son reconocibles por un cilindro vascular secundario disecto con ciclos adicionales de tejido vascular de posición inusual, resultado de la presencia de variantes cambiales. Dentro de la familia, se reconoce una gran complejidad y variedad en los patrones vasculares, que concuerdan con la naturaleza modular del crecimiento secundario. Esta contribución tiene como objetivo identificar módulos constituyentes del crecimiento secundario de los tallos de Umkomasiaceae que puedan explicar la evolución de la organización vascular de este linaje. Se analizó la anatomía de tallos fósiles de esta familia y también de angiospermas actuales, para inferir los procesos de desarrollo. Se distinguieron cuatro módulos, cada uno vinculado a un tipo de variante cambial: 1-fragmentación radial del xilema por radios parenquimatosos (producida por la actividad diferencial del cámbium interfascicular); 2- fragmentación tangencial del xilema por parénquima de dilatación (resultado del cámbium remanente); 3-tejidos vasculares que crecen hacia el centro del tallo (producidos por el cámbium centrípeto); 4-tejidos vasculares supernumerarios centrífugos (producidos por el cámbium sucesivo o múltiple). Cada uno de estos módulos parece haber tenido una funcionalidad diferente para estas plantas. La fragmentación radial podría relacionarse con una mayor flexibilidad a los troncos. En la fragmentación tangencial, el parénquima de dilatación es posible que haya cumplido una función como reservorio de agua durante la estación seca.

Los ciclos adicionales de floema, generados por el cámbium centrípeto, sucesivo y múltiple, podrían haber aumentado la capacidad de regeneración y al estar alejados de la corteza, cumplir un rol importante si el floema externo se deshidrataba. Estos módulos varían de forma independiente y se encontraron asociados de diferentes maneras en cada uno de los géneros de corystospermas. Dado que el origen y la evolución caulinar de las corystopermas ha sido motivo de discusión, el estudio desde una perspectiva modular permite una mejor comprensión de ambos aspectos y aporta información para armar filogenias robustas, ayudando a resolver dichas discrepancias.

➤ **Palabras clave:** Corystospermas, cámbium, tallo, desarrollo.

NETWORK ONTOGENY OF THE CHICKEN HIND LIMB

ONTOGENIA DE LA RED DEL MIEMBRO POSTERIOR DEL POLLO

Julieta Carril[1,2*], Ricardo S. De Mendoza[1,3], Claudio G. Barbeito[1,2], Claudia P. Tambussi[4]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
[2] Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[3] Departamento de Biología, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
[4] Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET, Córdoba, Argentina.
* <julyetacarril@gmail.com>

[POSTER]

How is the avian hind limb assembled from muscle, tendon, and cartilage during development? Drawing on existing anatomical descriptions of the temporal sequence and spatial pattern of the musculoskeletal system in the hind limb of the chicken *Gallus gallus* (Galliformes: Phasianidae), we examine its developmental connectivity patterns using Anatomical Network Analysis. Results indicate that networks change dynamically as the embryo grows, with nodes (skeletal elements and muscles) and connections (articulations and muscle attachments) progressively increasing. Hind limb cartilage precursors are already present and articulated when muscle precursors start to appear at stage 25 (4.5 incubation days). In general, distinct muscles arise, segregate and contact the cartilages in a proximal-to-distal, and in a dorsal-to-ventral progression. First precursors appear as a pair of dorsal and ventral muscle masses; these masses subdivide into dorsal and ventral thigh, shank and foot muscle masses; and finally, these six masses progressively segregate into individual muscles. This pattern of muscular development initially leads to a progressive simplification of the networks, which later become increasingly complex. We identified complexity based on three network parameters: high *density of connections* (abundance of connections), high *average clustering coefficient* (interdependence and integration), and low *average shortest path length* (proximity between nodes). Also, we identified burdened nodes by the parameter *connectivity degree ki* (number of connections). Nodes with high *ki* act as central anatomical parts within the system, exhibiting developmental and functional co-dependencies with other parts, which in turn constrain their variation. We found that the skeletal parts involved in the construction of the avian body plan—pelvis, tibiotarsus, and tarsometatarsus—maintain high *ki* values throughout development. Meanwhile, the muscles largely conserved in living birds and already present in ancestral dinosaurs—digital flexor/extensor system—establish early developmental connections and exhibit high *ki* values upon network completion.

The network resembles the adult configuration early in development, when all individual muscles establish connections with their skeletal elements at their origin and insertion sites. This occurs at stage 35 (8-9 days) out of a total of 46 stages (20-21 days). This study enhances our understanding of functional and evolutionary significance of the avian constructional design.

➤ **Keywords:** Anatomical network analysis, development, *Gallus*, morphogenesis, musculoskeletal system.

EL ROL DEL DESARROLLO EN LA EVOLUCIÓN DE LA MORFOLOGÍA FLORAL DEL CLADO SUDAMERICANO DE *SALVIA* SUBGEN. *CALOSPHACE* (LAMIALES: LAMIACEAE)

THE ROLE OF DEVELOPMENT IN THE EVOLUTION OF FLORAL MORPHOLOGY IN THE SOUTH AMERICAN CLADE OF *SALVIA* SUBGENUS *CALOSPHACE* (LAMIALES: LAMIACEAE)

Santiago Castillo[1*], Juliana Verónica Izquierdo[1], Itzi Fragoso-Martinez[2], Carlos Pinto[3], Rolando Uría[4], Manuel Ignacio Stefanini[1], Dana Lucia Aguilar[1], Santiago Benitez-Vieyra[1]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (UNC – CONICET). Córdoba, Argentina.
[2] Red de Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología A.C. Xalapa, Veracruz, México.
[3] Universidad Mayor Real Y Pontificia de San Francisco Xavier de Chuquisaca. Sucre, Bolivia.
[4] Salviart. Mar del Plata, Argentina.
* <scastillo@imbiv.unc.edu.ar>

[ORAL]

La selección mediada por polinizadores es uno de los principales motores de diversificación morfológica en angiospermas. Las especies que comparten un gremio de polinizadores enfrentan presiones selectivas similares y suelen exhibir conjuntos particulares de rasgos florales, conocidos como "síndromes". Las transiciones entre grupos de polinizadores son comunes, en especial de la polinización por insectos a picaflores. Sin embargo, el desarrollo floral puede restringir o favorecer la evolución hacia ciertos fenotipos adultos, por lo que las flores son sistemas ideales para estudiar la interacción entre selección natural y sesgos del desarrollo. En este contexto, caracterizamos la morfología floral de especies del clado sudamericano de *Salvia* subgen. *Calosphace*, evaluando diferencias entre las polinizadas por abejas y picaflores. Además, analizamos el desarrollo floral para determinar si hay un patrón conservado filogenéticamente o si varía según el síndrome floral. Este clado contiene aprox. 40 especies con una notoria diversidad en su morfología floral, que habitan la región central del continente (desde los Andes hasta la Mata Atlántica) y son polinizadas por abejas y/o por picaflores. Para el clado de estudio, inferimos los polinizadores principales (abejas o picaflores) de cada especie mediante revisión bibliográfica o, cuando no había datos certeros, con un análisis Random Forest basado en atributos florales. Aplicamos morfometría geométrica a pimpollos de distinto tamaño y flores adultas de 13 y 22 especies, respectivamente. Luego, realizamos análisis generalizados de Procrusto sobre las coordenadas de landmarks y semilandmarks de cada set. Para comparar las trayectorias de desarrollo de los pimpollos, se estimaron las pendientes alométricas entre el tamaño y la forma. Se encontró que las trayectorias no difieren significativamente entre las especies en su pendiente, pero sí en su ordenada al origen y en extensión.

Proyectamos la filogenia en el espacio definido por la ordenada y la extensión de las trayectorias alométricas y encontramos que las especies melitófilas poseen una forma de inicio comprimida con un desarrollo corto. Sin embargo, para las ornitófilas existe más de una trayectoria: poseer un inicio comprimido y extender el desarrollo hacia una forma elongada o tener una forma inicial elongada con un recorrido de desarrollo menor. Para comparar las flores adultas realizamos un filomorfoespacio sobre los componentes principales de las coordenadas de Procrusto. Se encontró que las especies se agrupan principalmente según su polinizador y no tanto por sus relaciones filogenéticas: las polinizadas por abejas se agrupan en un sector limitado, mientras que las especies polinizadas por picaflores abarcan un sector separado y mucho más amplio del morfoespacio. En conclusión, en el clado Sudamericano de *Salvia*, la trayectoria de desarrollo presenta pendientes alométricas conservadas, imponiendo un sesgo a la evolución de la morfología floral adulta donde la variabilidad final se explica mediante un cambio en la extensión o el punto inicial de la trayectoria.

➤ **Palabras clave:** Morfometría geométrica, trayectorias alométricas, macroevolución.

➤ COMPARATIVE AND FUNCTIONAL ANALYSIS OF NON-CODING MAMMALIAN ACCELERATED REGIONS IN THE GENE *NPAS3*

ANÁLISIS COMPARATIVO Y FUNCIONAL DE REGIONES ACELERADAS NO CODIFICANTES EN EL GEN *NPAS3*

Ignacio Leone*, Lucía Florencia Franchini

Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INGEBI-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
* <nacholeone96@gmail.com>

[POSTER]

Mammals have distinctive physiological and morphological features that distinguish them from other amniote vertebrates like reptiles or birds. The genetic bases underlying the morphological and functional evolution of mammals remain largely unknown. Identifying genes and genomic regions that could constitute the molecular basis of mammal evolution is nowadays possible thanks to the availability of countless vertebrate genomic sequences and the development of adequate bioinformatics tools. Our group had previously developed biocomputational algorithms for detecting genomic accelerated regions in the lineage leading to mammals. A genomic accelerated region is a sequence that shows conservation for many millions of years but then, in a specific lineage, accumulates nucleotide substitutions at a rate greater than the neutral evolution rate. We identified 24,007 mammalian accelerated regions (MARs), of which 3,476 are non-coding elements (ncMARs) that may have contributed to the evolution of this vertebrate group's singular phenotypic novelties. We found that the neurodevelopment gene *NPAS3* (*Neuronal PAS Domain Protein 3*) accumulates the largest amount of ncMARs (30). To uncover the function of *NPAS3*-ncMARs we are using an enhancer assay in transgenic zebrafish. We are cloning mammalian-specific as well as ortholog (bird: chicken; reptile: alligator) sequences to perform a comparative analysis. So far we have completed analysis for 2 of the 30 elements, while having already cloned almost half of the total amount. Also, using *in situ* hybridisation (ISH) assays we are performing a comparative analysis of the expression patterns of *NPAS3* in different vertebrate embryos in order to verify the hypothesis that changes in regulatory regions have modified the expression of this key gene across vertebrates, subsequently influencing the development of novel morphological features.

➤ **Keywords:** Neurodevelopment, enhancer, zebrafish, regulatory regions, phenotypic novelties.

REVEALING THE ONTOGENETIC EVENTS THAT SHAPED MORPHOLOGICAL DIVERSITY IN A CLADE OF SOUTH AMERICAN LIZARDS

REVELANDO LOS EVENTOS ONTOGENÉTICOS QUE MOLDEARON LA DIVERSIDAD MORFOLÓGICA EN UN CLADO DE LAGARTIJAS SUDAMERICANAS

Fernando Lobo*, Soledad Valdecantos, Matías Quipildor

IBIGEO. Instituto de Bio y Geociencias del NOA (CONICET-UNSa), Salta, Argentina.
* <flobo@unsa.edu.ar>

[ORAL]

Most of the morphology studied today in the genus *Phymaturus* (Squamata: Liolaemidae) responsible for their described diversity was analyzed in the present contribution during their ontogenies from early fetuses to adults (characters taken from external morphology and anatomy). For the analysis of the evolution of ontogenies, each of the sequences detected for each character was numerically coded and a matrix containing 88 characters was then constructed for 17 species of *Phymaturus* (111 fetuses) representing all clades and subclades of the genus for which embryonic material was available and 2 species of *Liolaemus* as outgroups (*L. ceii* and *L. kingii*). Integumentary characters that show ontogenetic change were those related to ornamentation, scales shape, and contact, precloacal pores (in size, number and disposition) and color patterns. Scale counts are invariant along the ontogeny of all species; the same range of counts are shared between the most immature specimen and adult ones. Color characters exhibit variation in part of those derived of melanin (like throat pattern, tail pattern etc.), carotenoid originated colors are not present in fetuses, orange, yellow and red starts later, in juvenile and at the time of sexual maturity acquisition, anyway only few changes were recorded from color in live of certain species (for which we have newborns, juvenile and adult representatives). As it is expected all body measurements change related to body size, with some differences among species (i.e. tail length increase a different rate between *palluma* and *patagonicus* groups). In a meta-tree of species studied we evaluated the proportion of different ontogenetic processes for integumentary characters occurred during *Phymaturus* evolution. Our analysis reveals that terminal additions are the most common developmental event 36.9% followed by terminal deletions (17.6%), non-terminal additions (14.4 %) and non-terminal deletions (13%). Comparisons made between scale morphology and color patterns as different systems revels differences that could be related to different modes of differentiation during their development.

Keywords: Ontogeny, integument, sequences, evolution, *Phymaturus*.

EPIGENÉTICA AMBIENTAL: METILACIÓN DIFERENCIAL ASOCIADA A LA CALIDAD DEL AGUA EN LA EFÍMERA *ANDESIOPS TORRENS* (EPHEMEROPTERA: BAETIDAE)

ENVIRONMENTAL EPIGENETICS: DIFFERENTIAL METHYLATION ASSOCIATED WITH WATER QUALITY IN THE MAYFLY *ANDESIOPS TORRENS* (EPHEMEROPTERA: BAETIDAE)

Ana María Notte[1,2*], Bouziane Moumen[3], Angéline Bertin[1,4], Nicolas Gouin[1,4,5]

[1] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, La Serena, Chile.
[2] Doctorado en Biología y Ecología Aplicada, Universidad de La Serena, La Serena, Chile.
[3] Laboratoire d'Ecologie et Biologie des Intéractions (EBI), Université de Poitiers, Poitiers, Francia.
[4] Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), La Serena, Chile.
[5] Centro de Estudios Avanzados Zonas en Áridas, La Serena, Chile.
* <anotte@userena.cl>

[ORAL]

Los ecosistemas dulceacuícolas albergan una alta biodiversidad. Sin embargo, son vulnerables al cambio climático y la contaminación de origen antropogénica. Como resultado, los organismos que los habitan están constantemente expuestos a diversos factores de estrés ambiental. Comprender cómo estos factores impactan los diferentes niveles de organización biológica es fundamental en el contexto de cambio global. En este estudio se evaluó el efecto de estrés ambiental sobre los niveles de metilación de poblaciones naturales de *Andesiops torrens* (Baetidae), un efemeróptero particularmente sensible a las variaciones ambientales, de la cuenca del Limarí, una zona agrícola en el norte de Chile. Para esto, se buscaron marcadores methylRAD diferencialmente metilados entre sitios con dos calidades de hábitat: sitios con mayor y menor impacto por las condiciones del río. Esta clasificación se basó en seis variables ambientales de relevancia biológica para esta especie, identificadas en la literatura, las cuales son el oxígeno disuelto, temperatura, proporción de agricultura aledaña, concentración de nitratos, conductividad eléctrica, y velocidad del agua. Utilizando el enfoque de máxima verosimilitud condicional ajustada por cuantiles (qCML) identificamos 81 marcadores, de los cuales 56 se localizaron dentro de genes, principalmente relacionados con procesos metabólicos y la regulación celular. Además, la asociación de estos genes con términos GO (Gene Ontology) permitió identificar 53 procesos biológicos enriquecidos en genes sobremetilados y 26 en genes submetilados. De estos, 26 procesos podrían estar potencialmente influenciados por factores ambientales como el oxígeno disuelto, la presencia de pesticidas, el aumento de la conductividad eléctrica y de los nitratos.

Nuestros análisis sugieren que la reducción de la calidad del agua puede inducir modificaciones en los niveles de metilación en *A. torrens*, y afectar la expresión de genes involucrados principalmente en el control del estrés oxidativo y la reducción energética. Esta información es importante para mejorar nuestros conocimientos sobre las respuestas epigenéticas al estrés ambiental en especies acuáticas endémicas de Chile, las cuales son poco estudiadas, y para el desarrollo de biomarcadores de estrés ambiental que podrán ser utilizados en futuros programas de monitoreo de calidad del agua en sistemas dulceacuícolas.

➤ **Palabras clave:** Estrés ambiental, metilación de ADN, MethylRAD, ecosistemas dulceacuícolas.

METALES PESADOS, ALAS INESTABLES Y OJOS APAGADOS: EL COBRE COMO ESTRESOR EVOLUTIVO EN *DROSOPHILA MELANOGASTER*

HEAVY METALS, UNSTABLE WINGS, AND DULL EYES: COPPER AS AN EVOLUTIONARY STRESSOR IN *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Jajvleydi Ayolani Ortiz Quintero[1*], Yuliana Elena Ardila Rodriguez[1], Frank Neider Bonilla Lozano[1], Claudia Viviana Granobles[1], Víctor Hugo García-Merchán[1,2]

[1] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío. Colombia.

[2] Grupo de Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Universidad del Quindío. Armenia, Quindío, Colombia.

[*] <jajvleydia.ortizq@uqvirtual.edu.co>

[ORAL]

Drosophila melanogaster (Diptera: Drosophilidae) ha sido fundamental en estudios de genética, desarrollo y toxicología ambiental. En este estudio se evaluó el efecto transgeneracional del sulfato de cobre a concentraciones subletales (31 μM y 47 μM) sobre indicadores morfológicos, reproductivos y bioquímicos a lo largo de cinco generaciones. Se utilizaron cepas silvestres mantenidas en medios de cultivo básico suplementados y de controles, con seguimiento quincenal. A nivel morfológico se trabajó con morfometría geométrica mediante ImageJ, Rstudio con el paquete *Vegan* y ANOVA. Para evaluar la posible desviación de las alas por efecto del cobre, se llevó a cabo un análisis de la asimetría fluctuante utilizando TPSDig2, MorphoJ y el paquete geomorph, aplicando ANOVA. Los análisis de pigmentos oculares se llevaron a cabo mediante cromatografía en papel y los ensayos de fertilidad mediante cruces recíprocos. Los mayores cambios estructurales se observaron bajo Cu47, con alteraciones significativamente direccionales en alas, tórax y abdomen ($F = 11.38$ en hembras y $F = 11.281$ en machos; $p = 0.0001$) y mayor dispersión intra-generacional. La pérdida acumulativa de pteridinas como sepiapterina e isoxantopterina fue más marcada en generaciones avanzadas. En fertilidad, el cruce de machos contaminados en medio con cobre redujo significativamente la descendencia en el tratamiento de Cu47, mientras que hembras contaminadas en medio control mostraron tasas más altas en tratamientos control. La asimetría fluctuante reveló inestabilidad del desarrollo alar, con efectos significativos en los tratamientos Cu31 y Cu47, la generaciones y su interacción ($p < 0.0001$), siendo crítica en la generación G4, especialmente en hembras bajo Cu47. Estos hallazgos evidencian que el cobre actúa como un factor ambiental adverso capaz de inducir pérdida de canalización fenotípica, inestabilidad del desarrollo y afectación funcional.

La reducción de pigmentos oculares y el aumento de la asimetría confirman respuestas fenotípicas sensibles y progresivas, con efectos diferenciados por sexo y generación. El modelo de *D. melanogaster* se presenta como una herramienta útil para estudiar biomarcadores tempranos de estrés ambiental por metales pesados.

➤ **Palabras clave:** Asimetría fluctuante, cromatografía, fertilidad, morfometría, pteridinas.

➤ EVOLUTIONARY HISTORY OF LIMB REGENERATION IN LISSAMPHIBIANS: NEW EVIDENCE FROM TWO PALEOZOIC STEM-GROUP SPECIES

HISTORIA EVOLUTIVA DE LA REGENERACIÓN APENDICULAR EN LISANFIBIOS: NUEVA EVIDENCIA DE DOS ESPECIES PALEOZOICAS DEL GRUPO TRONCAL

Celeste Marina Pérez Ben[1,2*], Florian Witzmann[2], Vivien Bothe[2], Nadia Fröbisch[2,3]

[1] Laboratorio de Biología Integrativa de Sistemas Evolutivos, Instituto de Genética, Ecología y Evolución de Buenos Aires, CONICET-UBA. CABA, Argentina.
[2] Museum für Naturkunde - Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science. Berlin, Germany.
[3] Humboldt-Universität zu Berlin. Berlin, Germany.
* <celeste.perez.ben@gmail.com>

[ORAL]

Unlike amniotes, salamanders and frogs (i.e. limbed lissamphibians) can fully regenerate their limbs. It has been shown that this capacity was also present in temnospondyls, the lissamphibian stem group. Based on fossil individuals showing skeletal abnormalities that are distinctive of irregular limb regeneration in living salamanders, regeneration capabilities have been inferred for *Micromelerpeton credneri*, a 300-million-year-old temnospondyl closely related to lissamphibians. However, limb regeneration has not yet been reported in any other temnospondyl. In this study, we show that limb abnormalities indicative of regeneration are also present in *Apateon pedestris* and *Sclerocephalus haeuseri*, two temnospondyl species that coexisted with *Micromelerpeton*. The evidence presented here further supports the idea that limb regeneration is ancestral to lissamphibians. In addition, since *Sclerocephalus* diverged from *Micromelerpeton*, *Apateon*, and lissamphibians at an early stage in temnospondyl evolution, the presence of limb regeneration in *Sclerocephalus* suggests that this trait was likely a widespread phenomenon in the group. In light of our findings combined with recent paleontological and neontological evidence, we revisit different hypotheses that have been proposed on why lissamphibians are the only living tetrapods with limb regeneration capabilities. On the one hand, the origin of limb regeneration predates the evolution of metamorphosis within temnospondyls, so it would not be related to it. Nor would it be linked to a large genome/cell size because temnospondyls did not have particularly large cells. Instead, the lack of limbs in the smallest known *Apateon* is consistent with the idea that limb regeneration in lissamphibians is related to their characteristic late limb development, which occurs during the free-living larval stage and, in contrast to amniotes, is independent of transient embryonic structures such as somites.

According to this hypothesis, this independence may reflect self-organizational properties of limb development that can be redeployed during regeneration. Finally, given that the preaxial polarity of limb development characteristic of salamanders has also been documented in *Micromelerpeton*, *Apateon*, and *Sclerocephalus*, the evidence of regeneration in these species supports the hypothesis of a pleiotropic link between these two features, which would be plesiomorphic for lissamphibians and would have been later decoupled in the anuran lineage.

➤ **Keywords:** Temnospondyl, *Apateon*, *Sclerocephalus*.

➤ CONSERVED EXPRESSION OF ISLET TRANSCRIPTION FACTORS IN THE PINEAL COMPLEX OF VERTEBRATES

EXPRESIÓN CONSERVADA DE LOS FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN ISLET EN EL COMPLEJO PINEAL DE LOS VERTEBRADOS

Ricardo D. Romero[1,2*], Ángeles Amette-Estrada[2], Luciano J. Avila[3], Mariana Morando[3,4], M. Cecilia Cirio[2], Flavio S.J. de Souza[1,2]

[1] Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
[2] Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBYNE-UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
[3] Grupo de Herpetología Patagónica, IPEEC-CONICET, Puerto Madryn, Argentina.
[4] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Puerto Madryn, Argentina.
* <naft.rromero@gmail.com>

[POSTER]

The pineal gland is a unique structure of the vertebrate brain, showing remarkable diversity in size, shape, and cellular composition. In some groups, it is associated with accessory organs such as the parapineal in lampreys, the frontal organ in anurans, and the parietal eye in lizards, which in many cases retain the ancestral capacity for photoreception. Despite this structural diversity, the pineal gland shares key features conserved across vertebrate evolution, most notably, the nocturnal production of melatonin and its ontogenetic origin as a dorsal evagination of prosomere 2 in the embryonic diencephalon. These shared traits suggest that the molecular mechanisms controlling pineal development and function, including the expression of developmental genes, may also be evolutionary conserved. In this study we investigate the expression patterns of Islet transcription factors and their co-expression with genes involved in melatonin synthesis and photoreception. We analyse these patterns in the pineal gland of mammals, where direct photoreception function has been lost, and in the pineal complex of amphibians and reptiles, which retain photoreceptive capabilities. Our goal is to identify conserved and divergent features of Islet factor expression that may help clarify the molecular basis underlying the functional and evolutionary diversification of the pineal complex in vertebrates. Our preliminary findings reveal that Islet expression in the pineal gland is conserved in mice, *Xenopus*, and lizards. What's more, it's also found in the parapineal structures of *Xenopus* and lizards. These preliminary findings strongly suggest that Islet transcription factors play a fundamental, evolutionarily conserved role in pineal complex development and function. This holds true regardless of whether direct photoreception is maintained or lost.

➤ **Keywords:** Epithalamus, embryogenesis, retina, vision, neurogenesis.

CONSERVED EXPRESSION OF ISLET TRANSCRIPTION FACTORS IN THE PINEAL COMPLEX OF VERTEBRATES

EXPRESIÓN CONSERVADA DE LOS FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN ISLET EN EL COMPLEJO PINEAL DE LOS VERTEBRADOS

Ricardo D. Romero[1,2*], Ángeles Amette-Estrada[2], Luciano J. Avila[3], Mariana Morando[3,4], M. Cecilia Cirio[2], Flavio S. J. de Souza[1,2]

[1] Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.
[2] Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBYNE-UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.
[3] Grupo de Herpetología Patagónica, IPEEC-CONICET, Puerto Madryn, Argentina.
[4] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Puerto Madryn, Argentina.
* <naft.rromero@gmail.com>

[POSTER]

The pineal gland is a unique structure of the vertebrate brain, showing remarkable diversity in size, shape, and cellular composition. In some groups, it is associated with accessory organs such as the parapineal in lampreys, the frontal organ in anurans, and the parietal eye in lizards, which in many cases retain the ancestral capacity for photoreception. Despite this structural diversity, the pineal gland shares key features conserved across vertebrate evolution, most notably, the nocturnal production of melatonin and its ontogenetic origin as a dorsal evagination of prosomere 2 in the embryonic diencephalon. These shared traits suggest that the molecular mechanisms controlling pineal development and function, including the expression of developmental genes, may also be evolutionary conserved. In this study we investigate the expression patterns of Islet transcription factors and their co-expression with genes involved in melatonin synthesis and photoreception. We analyse these patterns in the pineal gland of mammals, where direct photoreception function has been lost, and in the pineal complex of amphibians and reptiles, which retain photoreceptive capabilities. Our goal is to identify conserved and divergent features of Islet factor expression that may help clarify the molecular basis underlying the functional and evolutionary diversification of the pineal complex in vertebrates. Our preliminary findings reveal that Islet expression in the pineal gland is conserved in mice, Xenopus, and lizards. What's more, it's also found in the parapineal structures of Xenopus and lizards. These preliminary findings strongly suggest that Islet transcription factors play a fundamental, evolutionarily conserved role in pineal complex development and function. This holds true regardless of whether direct photoreception is maintained or lost.

Keywords: Epithalamus, embryogenesis, retina, vision, neurogenesis.

DOS MODELOS PARA ESTUDIAR LA EVOLUCIÓN DEL DESARROLLO EN INSECTOS: LA TIJERETA DE PATAS ANILLADAS *EUBORELLIA ANNULIPES* (DERMAPTERA: ANISOLABIDIDAE) Y EL ESCARABAJO ROJO DE LA HARINA *TRIBOLIUM CASTANEUM* (COLEOPTERA: TENEBRIONIDAE)

TWO MODELS FOR STUDYING DEVELOPMENTAL EVOLUTION IN INSECTS: THE RING-LEGGED EARWIG *EUBORELLIA ANNULIPES* (DERMAPTERA: ANISOLABIDIDAE) AND THE RED FLOUR BEETLE *TRIBOLIUM CASTANEUM* (COLEOPTERA: TENEBRIONIDAE)

Andres F. Sarrazin[1*], Nallely Taiba-Pizarro[1], Juan Pablo Martínez-Faúndez[1,2], Marco Mundaca-Escobar[1], Rodrigo E. Cepeda[1], Renato V. Pardo[1], Yoelvis Sulbaran-Bracho[2], Paula Irles[2]

[1] CoDe-Lab, Instituto de Química, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
[2] Laboratorio de Entomología, Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales (ICA3), Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
* <andres.sarrazin@pucv.cl>

[POSTER]

Los insectos son el grupo de animales más numeroso y diverso del planeta. A pesar de su abundancia, hasta hace relativamente poco tiempo el estudio del desarrollo de la clase Insecta, e incluso de todo el filo Arthropoda, estaba concentrado en prácticamente un solo modelo, la mosca del vinagre *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae). Sin embargo, los avances tecnológicos, diversas iniciativas internacionales y la labor de numerosos investigadores de todo el mundo han permitido ampliar el abanico de insectos y así poder realizar estudios comparados en cuanto a procesos embrionarios y postembrionarios. Los coleópteros son insectos holometábolos altamente diversos tanto en su morfología como en sus formas de desarrollo. El escarabajo *Tribolium castaneum* (Coleoptera: Tenebrionidae) se ha convertido en un modelo insecto emergente para el estudio de la evolución de los mecanismos del desarrollo en artrópodos, principalmente por compartir características en común con el resto de los insectos y contar con una variada gama de herramientas genéticas y de imagen. Por otro lado, las tijeretas son insectos hemimetábolos que presentan de forma característica pinzas en el extremo del abdomen, cuya posición filogenética de ramificación basal las hace ideales para el estudio de rasgos ancestrales en insectos. En nuestro laboratorio contamos con colonias de *Tribolium* y de la tijereta *Euborellia annulipes* (Dermaptera: Anisolabididae), abordando el estudio comparativo de la formación de patrones repetidos como los segmentos corporales y los segmentos de las antenas desde un punto de vista molecular, celular y morfogenético.

Mediante técnicas de inmunocitoquímica, hibridación *in situ* y microscopía electrónica de barrido, hemos definido períodos críticos de divisiones celulares durante la elongación corporal en el escarabajo, el que presenta diferencias importantes con otros insectos; con respecto a la segmentación de las antenas de la tijereta, hemos realizado la descripción de los tipos de órganos sensoriales presentes en el adulto, así como su patrón de distribución y cómo éste se establece durante los estadios embrionario y ninfal (postembrionario). Financiamiento: FONDECYT 1181466; VRIEA-PUCV DI 039.322/2022; FOVI230149.

➤ **Palabras clave:** Evo-devo, segmentación, antenas, holometabola, hemimetabola.

PUESTA EN VALOR DEL SISTEMA CRANEOTRIGONOMÉTRICO EN GUANCHES. ESTUDIO COMPARATIVO POBLACIONAL. ETAPA I

ENHANCEMENT OF THE CRANIOTRIGONOMETRIC SYSTEM IN GUANCHES. COMPARATIVE POPULATION STUDY. STAGE I

María Belén Serafino[1], Karina Alejandra Mayocchi[2*], Marta Graciela Mendez[1]

[1] Asignatura Antropología Biológica II. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. La Plata. Argentina.
[2] Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología. La Plata. Argentina.
* <karinamayocchi@gmail.com>

[POSTER]

En el recorrido histórico, la revisión del instrumental craneotrigonométrico destaca el valor del factor somatológico, especialmente en la identidad del grupo humano a investigar destacando la relación de los cráneos con los cambios ontogénicos y filogenéticos en la evolución de los homínidos. Las nuevas tecnologías hacen posible la descripción pormenorizada y análisis descriptivos con mayor exactitud, pero el legado cultural y acervo científico de la guarda de muchas colecciones, nos permiten encontrarnos con materiales inéditos para echar luz sobre esas poblaciones extintas y aprovechar los datos recolectados. Los guanches constituyen la población aborigen de las islas Canarias y ese término designa a grupos que comparten sus características físicas debido a la heterogeneidad entre sus habitantes. Se les atribuye filiación berebere desde el punto de vista lingüístico, arqueológico y genético de acuerdo a las semejanzas que presentan con bereberes del norte de África. Morfológicamente algunos autores los han relacionado al tipo Cromagnon por las características de su pronunciada dolicocefalia. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el sistema craneotrigonométrico en una población Guanche para analizar la posición de la pirámide facial y la morfometría craneal. Se analizaron 36 cráneos Guanches con mediciones realizadas por un solo operador técnico. Se midieron cinco variables: a) Ángulo nasobasilar con el plano de Frankfurt (HFIV), b) Ángulos del basion en la pirámide facial (HFV), entre nasobasilar y alveolobasilar, c) Ángulo de Klaatsch (Z) en relación al polígono neurocraneal, d) Longitud total diagonal vertical, e) Longitud del segmento superior diagonal. Resultados: La posición horizontal de la pirámide facial (HFIV) mostró alta homogeneidad (media 90.08°, DS 2.61). La inclinación vertical (HFV) presentó mayor dispersión y sesgo negativo (media 28.19°, DS 4.02), indicando variabilidad entre individuos. La morfometría craneal (ángulo de Klaatsch y longitudes diagonales) mostró valores con variabilidad moderada, destacando una bimodalidad en la longitud del segmento superior diagonal, posiblemente indicativa de subgrupos poblacionales.

Podemos concluir que la pirámide facial mantiene una posición estable en el plano horizontal dentro de la población Guanche, mientras que la variabilidad en el plano vertical y en las dimensiones craneales sugiere heterogeneidad morfológica. Inferimos en forma preliminar que existirían diferencias biológicas o estructurales internas dentro de la población estudiada.

➤ **Palabras clave:** Craneotrigometría, morfología craneal, pirámide nasal, homínidos.

DEVELOPMENT AND EVOLUTION OF THE AMNIOTE CHONDROCRANIUM

DESARROLLO Y EVOLUCIÓN DEL CONDROCRANEO AMNIOTA

Daniel Smith-Paredes[1*], Miccaella E. Vergara-Cereghino[1], Alain Chedotal[1,2,3]

[1] Sorbonne Université, INSERM, Institut de la Vision, Paris, France.
[2] Institut de pathologie, Groupe Hospitalaire Est, Hospices Civils de Lyon, Lyon France.
[3] University Claude Bernard Lyon 1, MeLiS, Lyon, France.
* <daniel.smith-paredes@inserm.fr>

[ORAL]

Current misunderstandings of amniote chondrocranial anatomy and evolution derive from the lack of common terminology across amniote clades, specially between mammals and reptiles, and from a lack of an easily comprehensible description of chondrocranial development. Indeed, the chondrocranium and in particular the orbitotemporal region might be the most complicated skeletal structure to study and describe. This is due to its transient nature but also to its complex development and the intricate topological relationships of its components with cranial "*soft*" anatomical structures. The orbitotemporal region of the chondrocranium develops as the anterolateral walls of the braincase separating the telencephalon and the orbits anterior to the exit of cranial nerve fifth (CN V), between the otic and nasal capsules. Its complicated and variable anatomy includes the formation of cartilage bars bordering the windows (fenestrae) that serve as the primary exit for the second to sixth cranial nerves (CN II-VI). While the orbitotemporal region displays quite remarkable variation among reptiles, the mammalian chondrocranium appears to dramatically differ from that of other amniotes. This is likely related to differences in the organization of their brain and sensory organs. We used a combination of whole-mount immunostaining, lightsheet microscopy and 3D virtual reality assisted segmentation to compare the development of the chondrocranium and associated anatomical structures in different species of amniotes. The developing cartilage, nerves, muscles and arteries were labeled using antibodies against sox9, as well as other proteins such as collagen 2, neurofilament, heavy chain myosin and smooth muscle actin. Our comparative 3D analysis of the chondrocranium revealed important, previously undocumented aspects of development shared across amniotes. We identified a number of previously undescribed architectural similarities between the building blocks of the reptilian and mammalian chondrocranium which allow us to propose relatively straightforward homologies and scenarios for their transformations during amniote evolution.

Particularly relevant is the presence of the acrochordal cartilage as an individual basic element of the chondrocranium, developing separately from parachordal elements forming the basicranial region. The identification of the acrochordal as an individual element common to all amniotes, allows for the re-assessment of the variable persistence of the pila antotica in therians, in which it was previously considered absent. Our observations illuminate the developmental and evolutionary events behind the modification of the amniote chondrocranium, in particular the formation and diversification of the primary wall of the braincase and the origins of the mammalian nasal capsule, visualizing the dynamic development of these structures in the context of the soft anatomy of developing muscles, nerves and blood vessels.

➤ **Keywords:** Braincase, cartilage, homologies, orbitotemporal region.

MODELADO DE LA RED MUSCULOESQUELÉTICA DE UN ESPÉCIMEN DE *LEPTODACTYLUS BUFONIUS* CON ANOMALÍAS NO LETALES

MODELING THE MUSCULOSKELETAL NETWORK OF A *LEPTODACTYLUS BUFONIUS* SPECIMEN WITH NON-LETHAL ABNORMALITIES

Mónica Carina Soliz[1*], Gabriela Fontanarrosa[2], Virginia Abdala[2,3]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Cátedra de Vertebrados, Facultad de Ciencias Naturales-Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina.
[2] Instituto de Biodiversidad Neotropical, Universidad Nacional de Tucumán-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
[3] Cátedra de Biología General, Facultad de Ciencias Naturales-Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <monica.c.soliz@gmail.com>

[POSTER]

La organización modular es uno de los rasgos más evidentes cuando se estudia a los organismos multipartes desde una perspectiva de sistemas. Los módulos se definen como conjuntos de partes muy relacionadas internamente vía interacciones funcionales, genéticas o del desarrollo que son relativamente independientes de otros módulos. La composición de los módulos tiende a ser constante asegurando el ajuste especie-específico a su bauplan. Sin embargo, la organización modular puede modificarse en la ontogenia y en la filogenia por adiciones y reducciones en el número de piezas constituyentes de un organismo. En este estudio modelamos y comparamos las redes musculoesqueletales de dos especímenes adultos de *Leptodacylus bufonius*: uno de referencia y uno con anomalías musculoesqueléticas no letales en ambas extremidades anteriores. El especimen anómalo presenta reducción de las piezas musculoesqueléticas y piezas supernumerarias: braquidactilia en todos los dígitos, con una fórmula falangeal reducida (X-1-1-1-1) y seis elementos carpales en lugar de cinco. Se consideraron a piezas esqueléticas como nodos, y a las articulaciones, los músculos, las unidades tendo musculares y los tendones como conexiones. Evaluamos cómo se modificaron ciertos parámetros de la red en el ejemplar anómalo respecto al ejemplar de referencia. En este último, los elementos más conectados fueron el húmero, el carpal 3-4-5 y la radioulna, mientras que en el ejemplar con anomalías, dicha centralidad recayó principalmente en el ulnare, el carpal 3-4-5 y el húmero. Aunque el húmero tiene alta centralidad, rasgo observado en estudios de redes anatómicas de miembros en otros vertebrados, la mayor centralidad es ocupada por elementos más distales en el miembro anómalo. Además, esta red también mostró una reducción neta en el número de nodos y un aumento relativo en la densidad de conexiones.

Si bien los nodos ausentes no corresponden a un único módulo, se observó una disminución en la cantidad total de módulos detectados, de lo cual inferimos una reconfiguración de la arquitectura del miembro, más que la pérdida de un módulo completo. Estos resultados sugieren que las anomalías observadas no se restringen a efectos morfológicos locales, sino que podrían estar asociadas a alteraciones más amplias en los patrones de integración durante el desarrollo.

➤ **Palabras clave:** Modularidad, redes anatómicas, braquidactilia, Anura.

EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO DURANTE LA ONTOGENIA EN SAPOS (ANURA: BUFONIDAE)

SIZE EVOLUTION DURING ONTOGENY IN TOADS (ANURA: BUFONIDAE)

Jorge Torres-López[1*], Diego Almeida-Silva[1], Martín O. Pereyra[2], Diego Baldo[3], Florencia Vera Candioti[1]

[1] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET–Fundación Miguel Lillo), Tucumán, Argentina.
[2] Estación Experimental Agropecuaria Anguil (CONICET–Agencia INTA General Acha), La Pampa, Argentina.
[3] Laboratorio de Genética Evolutiva 'Claudio Juan Bidau', Instituto de Biología Subtropical (IBS, CONICET–Universidad Nacional de Misiones) y Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (UNaM), Misiones, Argentina.
* <jorge.torres@fundacioncalima.org>

[POSTER]

El tamaño corporal varía ampliamente entre organismos y está relacionado con la distribución geográfica, ecología, filogenia, fisiología y aspectos de historia de vida. Entre los anuros, los sapos (familia Bufonidae) destacan por su distribución cosmopolita, gran variedad de estrategias reproductivas, y una morfología que combina caracteres altamente conservados con otros muy variables. Entre estos últimos sobresale el tamaño corporal adulto, con rangos de variación de más de un orden de magnitud entre las formas más pequeñas y las más grandes. En este trabajo, estudiamos los cambios de tamaño durante la ontogenia (i.e., huevos, renacuajos y adultos) e interpretamos los resultados en un contexto filogenético y ecomorfológico. Para esto, compilamos datos publicados considerando: (1) longitud de las hembras, (2) diámetro del huevo y (3) longitud del renacuajo, complementando con información sobre biología reproductiva y características ecomorfológicas larvales. Nuestros resultados destacan el rango amplio de variación en el tamaño adulto y también de huevos (hasta 7 veces de diferencia entre huevos pequeños y grandes) y larvas (10 veces de diferencia). La relación entre los cambios de tamaño varía durante las etapas de la ontogenia, con una correlación positiva entre el tamaño larval y adulto, y negativa entre éstos y el tamaño de los huevos. La diversidad de tamaños no muestra una relación fuerte con la estructura filogenética, y se advierte un efecto marcado de los sitios de oviposición, modo de desarrollo y ecomorfología larval. En general, las especies con oviposición en tierra o microcuerpos de agua y nutrición endotrófica desarrollan adultos y renacuajos pequeños a partir de huevos de gran tamaño, mientras que las formas acuáticas exotróficas alcanzan los tamaños adultos y larvales mayores y oviponen los huevos más pequeños.

Esto se revierte dentro de algunas categorías ecomorfológicas, tal que las especies endotróficas, de fitotelmata y las formas con larvas con ventosa abdominal muestran una relación positiva entre el tamaño de adultos y huevos, y las especies con larvas suctoriales invierten la relación de tamaño larval y adulto. Estos resultados semejan los obtenidos para bufónidos africanos (e.g., relación entre tamaño adulto y de los huevos variable según los modos reproductivos) y bufónidos en general (e.g., correlación positiva entre tamaño larval y adulto), y revelan patrones inéditos en el análisis de las categorías ecomorfológicas (e.g., el patrón diferencial en algunas formas de ambientes lóticos). La integración de datos de la ontogenia completa y la inclusión de aspectos de la historia de vida larval en la definición de categorías reproductivas estimulan una discusión a nivel global en la familia, abordada desde diversos marcos conceptuales tales como hipótesis de desacople adaptativo y evolución de fenotipos.

➤ **Palabras clave:** Adultos, gremios ecomorfológicos, huevos, larvas, sitio de oviposición.

CONVERGENCIA EVOLUTIVA DE LA PATELA EN TETRÁPODOS: UNA MIRADA DESDE EL DESARROLLO DE AVES

EVOLUTIONARY CONVERGENCE OF THE PATELLA IN TETRAPODS: A PERSPECTIVE FROM THE DEVELOPMENT OF BIRDS

Juan Pablo Venegas Martínez[1*], Joao F. Botelho[2], Alexander O. Vargas[1]

[1] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.Santiago, Chile.
[2] Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile.
* <venegas.m.jp@gmail.com>

[ORAL]

La patela es un hueso sesamoideo ubicado en asociación con el tendón de la articulación de la rodilla en múltiples grupos de vertebrados. El registro fósil indica que ha aparecido por lo menos seis veces de manera independiente durante la evolución de Tetrapoda, en ranas, mamíferos, lagartos y aves. Esta impresionante convergencia sugiere la existencia de mecanismos del desarrollo subyacentes que podrían estar favoreciendo la formación de un sesamoideo análogo en distintos linajes. Sin embargo, los mecanismos del desarrollo de la patela solo han sido estudiados en profundidad recientemente. Una caracterización del desarrollo de la patela en mamíferos indica que se forma como una proyección del templado cartilaginoso del fémur que consiste en progenitores coexpresando los factores de transcripción Sox9 y Scx, y que se separa debido a la actividad muscular embrionaria. Sin embargo, el mecanismo de formación de las patelas análogas de otros tetrápodos aún no es claro. En este trabajo, se detalla por primera vez los mecanismos de desarrollo de la patela del pollo doméstico (*Gallus gallus*) por medio de descripciones morfológicas, marcadores moleculares e intervenciones farmacológicas. Se destacan diferencias claves en los mecanismos de morfogénesis entre los distintos linajes en los sustratos celulares, expresión génica y sobre la influencia de estímulos mecánicos. En base a esta nueva información, se discuten las implicancias de mecanismos del desarrollo específicos al linaje en la aparición convergente de novedades evolutivas del sistema esquelético para Aves y Tetrapoda en general.

Palabras clave: Evo-Devo, sesamoideo, morfogénesis, esqueleto, anatomía comparada.

➤ DIVERSIDAD Y DESARROLLO DE LA FÓRMULA LABIAL EN RENACUAJOS

DIVERSITY AND DEVELOPMENT OF LIP FORMULA IN TADPOLES

Florencia Vera Candioti[1*], Lucas Minino[2], Pedro Henrique dos Santos Dias[3], Julián Faivovich[2], Ronald Altig[4]

[1] Unidad Ejecutora Lillo (UEL, CONICET–Fundación Miguel Lillo), Tucumán, Argentina.
[2] División Herpetología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN, CONICET), Buenos Aires, Argentina.
[3] Senckenberg Biodiversity and Climate Research Centre (SBiK-F), Frankfurt am Main, Alemania.
[4] Department of Biological Sciences (Mississippi State University), Mississippi State, USA.
* <florivc@gmail.com>

[ORAL]

Los dientes labiales queratinizados del disco oral son una novedad evolutiva de los renacuajos de anuros. Algunos estudios comparativos investigan su diversidad de forma, arreglo y aspectos funcionales, pero hasta el momento no existe una síntesis de su distribución taxonómica y relación con patrones ontogenéticos a nivel global. En este trabajo revisamos las variaciones en número de hileras de dientes labiales en renacuajos en un contexto filogenético y discutimos patrones de desarrollo posiblemente involucrados en la disparidad interespecífica. La fórmula labial 2/3, es decir una configuración con 2 hileras labiales superiores y 3 inferiores, ocurre en casi la mitad de los renacuajos de vida libre, principalmente concentrado en Notogaeanura; en Indianura 3 hileras son frecuentes en el labio inferior pero usualmente en combinación con números mayores en el superior. Mientras que la homología entre hileras individuales en la fórmula 2/3 y menores parece ser inequívoca, la diversidad de patrones de adición de hileras en el labio superior e inferior de renacuajos de diferentes clados amerita la discusión sobre la nomenclatura tradicional de fórmulas labiales y la confección de sistemas de codificación refinados para análisis filogenéticos futuros.

➤ **Palabras clave:** Dientes labiales, disco oral, homología, patrones de adición.

3D EXPLORATION OF CRANIAL AND AORTIC ARTERY DEVELOPMENT IN AMNIOTES

EXPLORACIÓN 3D DEL DESARROLLO DE LAS ARTERIAS AÓRTICAS Y CRANEALES EN AMNIOTAS

Miccaella E. Vergara-Cereghino[1*], Eimad Shotar[1, 2], Daniel Smith-Paredes[1], Alain Chedotal[1,3,4]

1 Sorbonne Université, INSERM, Institut de la Vision, 17 Rue Moreau, Paris, France.
2 Department of Interventional Neuroradiology, Pitié-Salpêtrière Hospital, Sorbonne Université, Paris, France.
3 Institut de pathologie, Groupe Hospitalaire Est, Hospices Civils de Lyon, Lyon, France.
4 University Claude Bernard Lyon 1, Lyon, France.
* <miccaella.vergara@inserm.fr>

[POSTER]

The development of pharyngeal arch arteries and cranial and spinal arteries in vertebrates exhibits remarkable morphological and temporal diversity. This reflects lineage-specific evolutionary adaptations in parallel to conservation of key events and features. In this study, we perform a comparative analysis of arterial development in embryos of mouse (*Mus musculus*), alligator (*Alligator mississippiensis*), quail (*Coturnix coturnix*), european wall lizard (*Podarcis muralis*), and corn snake (*Pantherophis guttatus*). We performed three-dimensional reconstructions obtained through virtual reality-based segmentation of lightsheet microscopy images from cleared embryos immunostained with anti-smooth muscle actin (SMA) antibodies. Our findings reveal heterogeneity in the relationship between the external carotid and subclavian arteries with respect to their origins during early developmental stages, particularly in *Alligator*. In this species, (*Alligator mississippiensis*), we also identified a fifth pharyngeal arch artery (PAA), between the fourth PAA (aortic arch artery) and the last PAA (pulmonary arch artery) — a structure which existence remains controversial in the literature. We further reconstructed the trajectory of the carotid artery entering the chondrocranium, as well as the position of the stapedial system relative to it, observing significant interspecies variation. In *Podarcis muralis*, we documented dynamic changes in the development of cranial arteries, potentially linked to functional specializations. Additionally, heterochronous maturation of medullary arteries was observed: fusion of the anterior spinal artery on the midline and desegmentation of intersegmental arteries across the different vertebrate species is described. These observations contribute to a broader understanding of the evolution of the vertebrate aortic, cranial and spinal arterial systems.

The work underscores the value of both 3D datasets and comparative embryological studies across phylogenetically diverse lineages to clarify the developmental trajectories of these vascular structures.

➤ **Keywords:** Comparative embryology, lightsheet microscopy, vertebrate vascular system, virtual reality segmentation, 3D reconstruction.

Sesión libre / 4

Biología evolutiva humana

Biologia evolutiva humana

DINÁMICA TEMPORAL DE LA DIVERSIDAD MITOCONDRIAL HUMANA EN EL SUR DE MENDOZA DURANTE EL HOLOCENO TARDÍO

TEMPORAL DYNAMICS OF HUMAN MITOCHONDRIAL DIVERSITY IN SOUTHERN MENDOZA DURING THE LATE HOLOCENE

Cinthia Carolina Abbona[1,2*], Luisi Pierre[3], Sofia Fernanda Vega Paez[1], María Abril Vidal Castillo[1], Neme Gustavo[2], Rascován Nicolás[3]

[1] Universidad de Mendoza Sede San Rafael, San Rafael, Mendoza, Argentina.
[2] IDEVEA, San Rafael, Mendoza, Argentina.
[3] Instituo Pasteur de Paris, Paris, Francia.
* <cinthia.abbona@gmail.com>

[POSTER]

El estudio de la variación mitocondrial humana a partir de muestras arqueológicas permite reconstruir procesos poblacionales de largo plazo. En este trabajo analizamos 100 mitogenomas completos de individuos arqueológicos del sur de Mendoza (Argentina), recuperados de distintos sitios y fechados entre ~2700 y 150 años antes del presente. Se caracterizó la diversidad de haplotipos mitocondriales y se analizaron tanto la distribución temporal de haplotipos como sus relaciones filogenéticas. Las secuencias fueron obtenidas por NGS y asignadas a haplogrupos y subhaplogrupos según la base de datos PhyloTree, y se agruparon en intervalos cronológicos regulares de 200 y 500 años. Los haplogrupos identificados fueron A2, B2, C1 y D1, con una gran diversidad haplotipica destacan particularmente los subhaplogrupos A2+(64), C1b, D1g5 y D4h3a2. Patrones de continuidad genética, donde ciertos haplotipos muestran persistencia prolongada. Distribuciones temporales diferenciales, con algunos linajes con mayor frecuencia en períodos más antiguos, mientras otros predominando su frecuencia hacia momentos más recientes. Y ausencia de evidencias claras para discontinuidades poblacionales bruscas o eventos de reemplazo genético completo en el intervalo analizado. Estos resultados sugieren un escenario de cierta estabilidad poblacional en el sur de Mendoza durante el Holoceno tardío, combinado con procesos graduales de diferenciación local. La persistencia de múltiples linajes mitocondriales a lo largo del tiempo apunta a una continuidad en la composición genética de estas poblaciones, posiblemente mediada por redes de intercambio y movilidad regional que mantuvieron la conectividad entre grupos. Este estudio aporta una perspectiva genética fundamental para comprender la dinámica poblacional prehispánica en el centro-oeste argentino.

Los patrones observados enfatizan la necesidad de considerar escalas temporales finas y contextos arqueológicos específicos para interpretar adecuadamente la variación genética en poblaciones antiguas.

➤ **Palabras clave:** ADN antiguo, mitogenomas completos, dinámica poblacional, Holoceno tardío, haplogrupos nativos americanos.

EL PRIMATE OBESO: UNA MIRADA DESDE LA FILOGENÓMICA Y LA MEDICINA EVOLUTIVA

THE OBESE PRIMATE: A PERSPECTIVE FROM PHYLOGENOMICS AND EVOLUTIONARY MEDICINE

Leandro Aristide

Unidad de Estudios en Neurociencias y Sistema Complejos (ENyS-CONICET) – Hospital "El Cruce" Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina.
<leandroaristi@gmail.com>

[POSTER]

La actual pandemia de obesidad en la población humana representa uno de los problemas más desafiantes de salud pública. La mayoría de las investigaciones sobre la obesidad se han centrado en humanos y modelos animales. A pesar de estos esfuerzos, no se ha alcanzado aún un entendimiento acabado de sus causas, complejas y multifactoriales. En este contexto, los primates, por su cercanía evolutiva con el humano, podrían ofrecer una perspectiva más relevante para comprender la obesidad a la luz de estudios recientes que indican que los humanos no son únicos en su predisposición a padecerla. Esto sugiere que la capacidad metabólica de acumular grasa a niveles perjudiciales para la salud (i.e. la susceptibilidad a la obesidad) podría tener raíces evolutivas profundas, por lo que identificar los factores ecológicos y genéticos subyacentes a este rasgo en los primates podría ser clave para entender mejor las causas de la epidemia de obesidad humana. A la fecha, los intentos por identificar los determinantes evolutivos de la obesidad desde un punto de vista genético se han limitado principalmente al estudio de las poblaciones humanas. En este trabajo, utilicé métodos genómicos y filogenéticos comparativos para modelar la evolución de la susceptibilidad a la obesidad en primates e identificar las posibles bases genéticas de la aparición convergente de este fenotipo. En base a datos compilados para unas 40 especies, reconstruí la evolución de la susceptibilidad a la obesidad a través de la filogenia utilizando modelos de tipo Mk. Definí esta susceptibilidad como un peso medio en cautiverio al menos 20% superior al peso medio en libertad para la especie, criterio fundamentado en la medicina evolutiva y la teoría del *mismatch*. Luego, realicé un escaneo genómico a través de uno 15 mil genes ortólogos buscando cambios en patrones de selección asociados a la presencia del fenotipo. Para esto, implementé un análisis de perfiles aminoacídicos en el programa *PELICAN*, y pruebas de tipo dN/dS utilizando el método *PH-BUSTED* en *HyPhy*. El ajuste de modelos Mk mostró que la susceptibilidad a la obesidad surgió independientemente en varias oportunidades en los primates, por ejemplo, en el origen de géneros como *Eulemur* y más antiguamente en la base de los cercopitecinos.

Por su parte, los análisis genómicos revelaron señales de selección diferencial asociadas a la presencia del fenotipo en alrededor del 8% de los genes. Notablemente, entre los 10 genes con mayor evidencia se encuentran los genes TRHR, GPCR12, MGLL y RXR, genes que en estudios en humanos y ratones han demostrado tener un rol potencial en la obesidad a través de mecanismos como la regulación del metabolismo muscular, lipídico, y del balance energético, entre otros. Estos hallazgos sugieren la existencia de una base genómica compartida entre algunas especies de primates, incluido el humano, que nos haría particularmente vulnerables a la obesidad. En investigaciones futuras profundizaré en el potencial rol como blanco terapéutico de los genes identificados, como así también en los factores ecológicos asociados a la adquisición evolutiva de la susceptibilidad a la obesidad.

➤ **Palabras clave:** Genómica comparativa, genotipo-fenotipo, obesidad, metabolismo, filogenia.

Sesión libre / 5

Biología teórica

Biologia teórica

TASA DE EVOLUCIÓN MOLECULAR Y PLEIOTROPÍA EN EL CONTEXTO MICROEVOLUTIVO: SIMULACIÓN Y BIOINFORMÁTICA EN LA EVOLUCIÓN DE LA TONINA OVERA, *CEPHALORHYNCHUS COMMERSONII* (ARTIODACTYLA: DELPHINIDAE)

MOLECULAR EVOLUTIONARY RATE AND PLEIOTROPY IN A MICROEVOLUTIONARY CONTEXT: SIMULATION AND BIOINFORMATICS IN THE EVOLUTION OF THE COMMERSON'S DOLPHIN, *CEPHALORHYNCHUS COMMERSONII* (ARTIODACTYLA: DELPHINIDAE).

Felipe Avello Duarte[1,2*], Francisca Rodríguez Opazo[1,2], Daly Noll[2,3,4], Carlos Olavarría[5,6], Rocío Loizaga[7], Amelia Viricel[8], Juliana Vianna[2,4,9], Elie Poulin[1,2], María José Pérez Álvarez[1,2,6]

[1] Laboratorio de Ecología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[2] Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
[3] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[4] Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG), Santiago, Chile.
[5] Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), La Serena, Chile.
[6] Centro de Investigación EUTROPIA, Santiago, Chile.
[7] Centro para el Estudio de Sistemas Marinos (CESIMAR-CONICET), Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[8] LEMAR (UMR 6539 UBO, CNRS, IRD, Ifremer) IUEM, Plouzané, Francia.
[9] Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
[*] <felipe.avello@ug.uchile.cl>

[ORAL]

Uno de los principios de la evolución molecular postula que las secuencias codificantes evolucionan a menor velocidad en función de su relevancia funcional. En simulaciones basadas en el modelo geométrico de Fisher se ha investigado exhaustivamente cómo la participación de un gen en múltiples funciones (pleiotropía) reduce su tasa de evolución molecular. Debido a la naturaleza del modelo, estos estudios se han enfocado en comparaciones inter-especie, donde se evalúan las sustituciones diferenciales entre los linajes. Sin embargo, el fenómeno que se manifiesta como una menor proporción de mutaciones fijadas en genes de mayor pleiotropía debería poder ser observado a nivel intrapoblacional en, por ejemplo, señales genómicas asociadas a barridos selectivos. Para poner a prueba esta predicción, el presente estudio hace uso de datos genómicos de alta cobertura y profundidad de 22 individuos de las dos subespecies de tonina overa (*Cephalorhynchus commersonii* (Artiodactyla: Delphinidae)). La historia demográfica reciente y estructura poblacional de este delfín oceánico nerítico ofrecen un escenario interesante para estudiar los efectos de la pleiotropía sobre la tasa de cambio evolutivo.

El análisis bioinformático para cuantificar la pleiotropía y para identificar perfiles de desequilibrio de ligamiento y distorsiones en la distribución de frecuencias alélicas es acompañado de simulaciones en el modelo geométrico de Fisher. Nuestros resultados indican que la pleiotropía impone restricciones detectables sobre la probabilidad de fijación de las mutaciones a escala intrapoblacional, con genes altamente pleiotrópicos mostrando menor evidencia de procesos selectivos recientes. Estos hallazgos son consistentes con las predicciones teóricas y contribuyen a comprender cómo la arquitectura funcional de los genomas influye en los patrones evolutivos moleculares.

➤ **Palabras clave:** Modelo geométrico de Fisher, barrido selectivo, biología computacional.

CONSIDERACIONES EN TORNO AL PROBLEMA DE LAS UNIDADES DE LA SELECCIÓN

CONSIDERATIONS ON THE PROBLEM OF SELECTION UNITS

Andrés Budeguer[1*], Helena Rocío Arnau[2]

[1] Facultad de Filosofía y Letras, Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Argentina.

[2] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <andresbudeguer96@gmail.com>

[ORAL]

El problema de las unidades de selección es uno de los aspectos fundamentales en la teoría de la evolución. Se plantea en términos de una pregunta básica: ¿sobre qué entidades actúa la selección natural? Este tema es relevante tanto para filósofos, que buscan clarificar conceptos biológicos, como para biólogos evolutivos, interesados en determinar el nivel en el que la selección natural tiene un mayor impacto. El objetivo de esta ponencia es explorar las diversas posturas sobre las unidades de selección natural y analizar cómo la selección actúa en distintos niveles de organización. Se busca defender una postura pluralista sobre la selección natural, subrayando la importancia de integrar el análisis filosófico con los hallazgos científicos. Se revisan las distintas teorías sobre la selección natural, incluyendo la selección sobre organismos individuales, la selección de grupos y la selección génica. También se examinan las propuestas de filósofos como Mario Bunge y Martin Mahner. Se observa que, aunque el darwinismo ortodoxo enfatiza la selección a nivel individual, algunos fenómenos, como el altruismo biológico, sugieren que la selección natural también puede actuar a nivel grupal. La teoría de la selección multinivel emerge como una alternativa viable para combinar diferentes niveles de selección. El debate sobre las unidades de selección sigue siendo un desafío empírico para la biología, ya que no está completamente resuelto en qué nivel de organización actúa predominantemente la selección natural.

Palabras clave: Evolución biológica, pluralismo, materialismo sistémico, altruismo.

➤ DANCE TOGETHER OR DIE ALONE: FEMALE PREFERENCE TIPS THE SCALES IN MALE DISPLAY COALITIONS

BAILAR JUNTOS O MORIR SOLOS: LA PREFERENCIA DE LAS HEMBRAS INCLINA LA BALANZA EN LAS COALICIONES DE LOS MACHOS

Natale Cavezzale Dias[1,2*], Gustavo de Brito Gomes[1,3], Sabrina B. L. Araújo[1,3]

[1] Biological Interactions Laboratory, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brazil.
[2] Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brazil.
[3] Departamento de Física, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brazil.
* <pnatalecd@gmail.com>

[ORAL]

The evolution of cooperation in biological systems is a widely discussed subject among evolutionary biologists, but some gaps still remain, particularly in dynamics shaped by sexual selection pressures. A particular case is cooperative display coalitions, such as those exhibited by the Swallow-Tailed Manakin (*Chiroxiphia caudata*, Passeriformes: Pipridae), where multiple males cooperate in a courtship display that benefits only a single individual. In this project, we have developed a mathematical model in which males may or may not cooperate and females select mates for reproduction, mimicking this biological system. Our model incorporates two elements of selection: the female preference and male mortality. Both can be neutral or favor either cooperators or non-cooperators. From this framework, we have evaluated local stability for discrete time mean-field equations. Our results indicate that a comparatively lower mortality rate for cooperators (*i.e.*, a higher relative fitness) can render cooperation an evolutionarily stable strategy. However, female preference can shift the system's stability towards a coexistence or even a no cooperation scenario. These findings suggest that, even when there are direct benefits to cooperation, female choice remains a critical factor in the emergence and stability of cooperative behaviors in these types of systems.

➤ **Keywords:** Animal behavior, lekking, mathematical model, sexual selection, relative fitness.

LA FALANGE ES LA FALANGE Y SU CIRCUNSTANCIA: UN ACERCAMIENTO TOPOLÓGICO AL ESTUDIO DE SERIES MERÍSTICAS

THE PHALANX IS THE PHALANX AND ITS CIRCUMSTANCE: A TOPOLOGICAL APPROACH TO THE STUDY OF MERISTIC SERIES

Gabriela Fontanarrosa[1*], Jessica Fratani[2], Daniel Andrés Dos Santos[1,3]

[1] Instituto de Biodiversidad Neotropical (CONICET-UNT), Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
[2] Cátedra de Bioestadística-Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo-Universidad Nacional de Tucumán (UNT), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[3] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-FML), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <gab.fontanarrosa@gmail.com>

[POSTER]

La organización de estructuras corporales repetidas (ej. segmentos, vértebras, dientes, etc) ha constituido históricamente un tema relevante de estudio, proporcionando aportes fundamentales al evo-devo en Bilateria. Las series merísticas, tradicionalmente empleadas para representar la repetición en sistemas morfológicos complejos, son aquí reformuladas dentro de un enfoque topológico mediante metodologías exploratorias. Nuestro caso de estudio radica en las falanges de la mano en Lepidosauria. El objetivo es deconstruir la información merística de las falanges en unidades estructurales que permitan indagar sobre las reglas organizativas subyacentes. El primer paso de la metodología empleada consiste en traducir la configuración esquelética en una fórmula falangeal (FF), la cual se convierte en una matriz binaria que representa la presencia/ausencia de falanges en cada píxel correspondiente. El acropodio (región esqueletaria de los dedos) queda representado como un sistema de coordenadas x, y. El siguiente paso se centra en cada píxel y su vecindad inmediata. Cada píxel y su submatriz vecina de 3x3 conforman *motifs* únicos basados en la presencia/ausencia de falanges en esas posiciones. Finalmente, un nuevo procedimiento de *up-sampling* reemplaza cada píxel en la matriz original por su *motif*, generando un mapa de *motifs* amplificado. Entre nuestros resultados, mostramos que la diversidad de *motifs* es menor que la diversidad de FFs; que ninguno de los *motifs* cuya posición central está ocupada por falange es indispensable para la construcción de las FF; y que aquellas FFs con muchas falanges son las que mayor variación presentan en términos de diversidad de *motifs*. En conjunto, los patrones observados muestran que la identidad y disposición de las falanges presentan una distribución no aleatoria, estando sujetas a reglas topológicas estrictas que limitan su variabilidad y, en consecuencia, sus posibilidades de ensamblaje. Al considerar a la falange como unidad estructural fundamental, la identificación del *motif* correspondiente amplifica significativamente la cantidad de información analizable.

De este modo, analizamos también las propiedades extrínsecas de cada falange, emergentes de sus relaciones topológicas. La complejidad de los *motifs* observados, ofrece una forma de amplificación de datos que permite un análisis cuantitativo novedoso de variables merísticas más allá de las FFs, contribuyendo así a una comprensión más profunda de la evolución de los sistemas de tetrápodos.

➤ **Palabras clave:** Sistemas complejos, series merísticas, procesamiento de imágenes, evolución de miembros pares.

ANÁLISIS DE COMPLEJIDAD EN QUELAS EN CANGREJOS DE AGUA DULCE

COMPLEXITY ANALYSIS OF CHELAE IN FRESHWATER CRABS

Alejo Martin Sacha Lescano[1,3*], Federico Giri[2,3], Veronica Williner[1,3]

[1] Instituto Nacional de Limnología (INALI, CONICET-UNL).
[2] Instituto de Matemática Aplicada del Litoral "Dra. Eleonor Harboure" (IMAL, CONICET-UNL).
[3] Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC, UNL). Santa Fe, Argentina.
* <alejolescano5@gmail.com>

[POSTER]

En la zona del litoral de Santa fe el cangrejo *Zilchiopsis collastinensis* es un predador activo del mejillon *Limnoperna fortunei*. Investigaciones sobre morfologías de quelas prueban que los cangrejos que se alimentan de presas de cuerpo duro deben poseer quelas derechas con mayor musculatura y espinas para poder romper sus caparazones, pero al comparar la forma de las quelas de *Z. collastinensis* con tres especies de cangrejos mediante morfometría geométrica (sin analizar contorno, solo landmarks) no se ha podido detectar que *Z. collastinenesis* tenga una morfología de quela significativamente diferente al resto. El análisis fractal es una metodología que permite comparar el contorno en cuanto a su complejidad permitiendo evaluar qué estructura es más compleja. Este enfoque se ha usado para caracterizar objetos y relacionar su complejidad con procesos ecológicos como supervivencia en fósiles de ammnoides o capacidad para procesar alimentos duros en fósiles de mamíferos. Además, características como mayor musculatura en quelas no suelen ser fáciles de observar en morfometría geométrica, y en cuanto a las espinas muchas veces el cangrejo obtenido para el estudio las perdió o se rompieron, por eso se decidió complementar con geometría fractal sobre el contorno de configuración de landmarks de las estructuras. Se usaron quelas derechas e izquierdas de 15 especímenes de 4 especies de cangrejos diferentes emparentadas filogenéticamente (*Z. collastinensis* junto con 3 especies emparentadas que no se alimentan de presas de cuerpo duro *Dilocarcinus pagei*, *Trichodactylus borellianus y Trichodactylus kensleyi*) se fotografiaron siguiendo el mismo protocolo para todos los individuos (plano focal, escala, etc.). Con el programa Tpsdig (version 2.32) se les colocaron dos configuraciones de landmarks a las estructuras, una de 10 landmarks que contenía la quela junto con el dedo inferior (inmóvil), y otra de 7 landmarks que contenía la quela junto con el dedo superior (móvil). Con el programa Morphoj (Version 1.08.02) se obtuvieron los contornos de las quelas derechas e izquierdas. Luego se procedió a analizar las imágenes del contorno de la o las configuración/es de landmarks de quelas con el plugin FracLac (versión 2015) del programa ImageJ (1.54g) aplicando el método "box counting", para obtener el parámetro de dimensión fractal que mide la complejidad de la estructura.

Una vez obtenido los valores de dimensión fractal de cada especie, se evaluaron mediante la prueba de Kruskal Wallis usando el programa R (versión 4.5.1). Los resultados de la prueba de Kruskal Wallis (α=0,5) mostraron que en los contornos de ambas configuraciones de landmarks, *Z. collastinensis* tiene mayor valor de dimensión fractal, en sus quelas derechas en ambas configuraciones, la quela izquierda de *Z. collastinensis* fue la de mayor complejidad y también en la configuración del dedo móvil. Este estudio arroja evidencias que el análisis fractal podría llegar a detectar características que mediante la morfometría geométrica tradicional no siempre se pueden detectar.

➤ **Palabras clave:** Dimensión fractal, morfometría geométrica, Frac Lac., forma, Trichodactylidae.

➤ SUBSAMPLING GMYC (*S*GMYC): A NEW ALGORITHMIC IMPLEMENTATION OF THE GENERALIZED MIXED YULE-COALESCENT MODEL

SUBMUESTREANDO GMYC (SGMYC): UNA NUEVA IMPLEMENTACIÓN ALGORÍTMICA DEL MODELO MIXTO YULE-COALESCENTE GENERALIZADO

Rafael F. de Magalhães[1], Marcus T. T. Santos[2], Arley Camargo[3*]

[1] Departamento de Ciências Naturais, Campus Dom Bosco, Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei, Minas Gerais, Brasil.

[2] Departamento de Biodiversidade e Centro de Aquicultura, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo, Brasil.

[3] Centro Universitario Regional Noreste, Sede Rivera, Universidad de la República, Rivera, Uruguay.

* <arley.camargo@gmail.com>

[ORAL]

The generalized mixed Yule-Coalescent (GMYC) model is widely used for species delimitation based on single-locus gene trees. However, it often overestimates candidate species, leading to a bottom-up over-splitting effect in delimitation analyses. To address this, we developed a new function, *s*GMYC, which wraps the *gmyc* function from the *splits* R package. This function subsamples tips from within the 'candidate' species identified using the full dataset and re-runs the GMYC model on these subsamples, reducing the occurrence of short branches that affect the accuracy of the original GMYC. It then estimates the number of delimited species using the *spec.list* function from the *splits* package. *s*GMYC allows users to define the number of subsampling replicates and the number of tips per candidate species. It can be applied to single trees or distributions of trees and supports parallel processing via the *parallel* and *doParallel* R packages. We tested *s*GMYC across various demographic parameters ($\theta = 5$ and 50, $\tau =$ 0.2 and 2), species numbers (4,8,16), sequences per species (5 vs.10), subsamples per species (1-8), and tree topologies (symmetric vs. asymmetric), using simulated datasets generated with the *ms* program. Our results show that subsampling two sequences per candidate species consistently yields the most accurate estimates. Preliminary empirical tests reduced the number of candidate species compared to other GMYC approaches.

➤ **Keywords:** Species delimitation, simulation, single-locus, R package.

➤ EL HOLOBIONTE COMO UNA PERSPECTIVA ALTERNATIVA A LA RESISTENCIA DE LOS MOSQUITOS A LOS INSECTICIDAS

THE HOLOBIONT AS AN ALTERNATIVE PERSPECTIVE ON MOSQUITO RESISTANCE TO INSECTICIDES

Verónica Andrea Plá*, Susana Gisela Lamas**

Laboratorio de Investigaciones de Ontogenia y Adaptación (LINOA). Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP). La Plata. Argentina.
* <veronica.pla@fcnym.unlp.edu.ar>
** <sglamas@fcnym.unlp.edu.ar>

[ORAL]

En este trabajo examinaremos algunas de las razones ofrecidas en la bibliografía acerca de la resistencia de los mosquitos a los insecticidas. La perspectiva *clásica* se centra en los mecanismos moleculares de resistencia; es decir, resistencia metabólica y mutaciones puntuales en genes individuales (por ejemplo, mutaciones *kdr*). En ella, la resistencia a los insecticidas se explica parcialmente; ya que se consideran sólo los cambios en los niveles genético y poblacional del huésped. Sin embargo, otros factores vinculados con procesos que se dan en diferentes niveles de organización podrían estar contribuyendo al fenotipo resistente, como las marcas epigenéticas y la microbiota. Aquí sólo profundizaremos acerca de cómo la microbiota influye en la resistencia del mosquito a los insecticidas. Para esta investigación se han realizado análisis de casos y cuadros comparativos a partir de datos secundarios de publicaciones científicas. Concluimos que para comprender de un modo cabal la resistencia de los mosquitos a los insecticidas es más adecuada la perspectiva del holobionte porque permite dar cuenta de los cambios en los niveles genético y epigenético; así como también de las interacciones entre los distintos biontes, por ejemplo, entre el huésped y la microbiota; posibilitando, de este modo, integrar diversos niveles de organización.

➤ **Palabras clave:** Microbiota, huésped, interacciones, biontes, bacterias.

A IMPORTÂNCIA DO ESPAÇO NA PERDA DE POLIMORFISMOS EM UM JOGO DE PEDRA-PAPEL-TESOURA

LA IMPORTANCIA DEL ESPACIO EN LA PÉRDIDA DE POLIMORFISMOS EN UN JUEGO DE PIEDRA-PAPEL-TIJERA

Nicole Riatto Victor*, Flávia Maria Darcie Marquitti

Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas. Campinas, São Paulo, Brasil.
* <nriattovictor@gmail.com>

[POSTER]

Os lagartos da espécie *Uta stansburiana* (Squamata: Phrynosomatidae) são polimórficos e possuem estratégias alternativas de reprodução - os machos diferem quanto à defesa de territórios e à guarda das fêmeas. Esse representa o primeiro sistema biológico descrito por um jogo de pedra-papel-tesoura, no qual a manutenção de três estratégias em uma população pode ser explicada pela superioridade de uma estratégia sobre outra de modo cíclico. Neste sistema, indivíduos machos laranjas guardam muitas fêmeas em um grande território, azuis guardam poucas fêmeas em um pequeno território e amarelos invadem territórios de seus competidores e roubam suas fêmeas, e a dominância das estratégias é dada por: laranja ganha de azul, azul ganha de amarelo e amarelo ganha de laranja. Contudo, em algumas populações naturais, houve a perda de um ou mais morfos, contrariando a manutenção das três estratégias prevista nos modelos populacionais de campo médio. Portanto, neste trabalho, propomos um novo modelo espacial baseado no escopo da Teoria de Jogos Evolutivos e temos como objetivo entender como diferentes configurações de vizinhança podem alterar a manutenção de polimorfismos em populações. Mais especificamente, utilizamos diferentes números de vizinhos para as diferentes estratégias, quebrando o pressuposto de que todos os indivíduos interagem com mesmo alcance no espaço, já que cada morfo da espécie forma territórios de tamanhos distintos. Para tal, desenvolvemos um modelo estocástico baseado em indivíduos em um *lattice* e variamos como parâmetro o número de vizinhos de cada estratégia. A partir de diferentes valores para este parâmetro, realizamos simulações computacionais de Monte Carlo e coletamos a frequência média e o desvio padrão das estratégias ao longo do tempo, bem como o posicionamento dos agentes no espaço. Como resultados preliminares, encontramos alterações nas frequências médias previstas pelo modelo de campo médio, incluindo a perda de estratégias, assim como o observado em populações naturais.

Assim, nosso trabalho indica que modelos espaciais baseados na Teoria de Jogos podem ser sensíveis a diferentes configurações de vizinhança, alterando os resultados da interação entre estratégias e permitindo a dominância, o que contradiz o esperado por modelos mais clássicos de pedra-papel-tesoura.

➤ **Palavras-chave:** Estratégias alternativas de reprodução, modelagem estocástica, teoria de jogos, *Uta stansburiana.*

Sesión libre / 6

Evolución del comportamiento

Evolução comportamental

NOISE ON STREAMS, HARLEQUIN FROGS, AND DECOUPLED PHYLOGENETIC SIGNAL IN CALL TRAITS

RUIDO EN QUEBRADAS, RANAS ARLEQUINES Y SEÑAL FILOGENÉTICA DESACOPLADA EN CARACTERÍSTICAS DEL CANTO

Sofia Arroyave-Acevedo[1*], Sebastián Duarte-Marín[1], José Luis Pérez-González[2], Luis Alberto Rueda-Solano[2], Fernando Vargas-Salinas[1]

[1] Grupo de Investigación en Evolución y Conservación (EECO), Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia.

[2] Grupo de Investigación en Biodiversidad y Ecología Aplicada (GIBEA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Magdalena, Colombia.

* <sofia.arroyavea@uqvirtual.edu.co>

[POSTER]

The role of abiotic noise in shaping the acoustic signal features of stream-associated anuran amphibians remains poorly understood. Harlequin frogs (Bufonidae: *Atelopus*) represent an ideal group for testing whether abiotic noise acts as a selective force or as a habitat filter influencing acoustic signal traits in anurans, given that all species reproduce alongside streams. To explore this research question, we compiled data on male body size, dominant frequency, call duration, and number of pulses per call for 15 *Atelopus* species with established phylogenetic relationships. We assessed the presence of phylogenetic signal in body size and the aforementioned call traits using Blomberg's K statistic. Analyses were also conducted separately for lowland (<1500 m asl) and highland species (1500 m asl), because males from these groups differ significantly in morphology within this genus. Our results revealed significant phylogenetic signal for body size and all three acoustic traits when analyzing all 15 species together. However, when analyses were restricted to subgroups, a phylogenetic signal was detected only for dominant frequency and call duration in lowland species. These preliminary findings suggest that abiotic noise in stream environments may differentially influence the acoustic traits of lowland versus highland *Atelopus* species. Further research is needed to determine whether these patterns are linked to differences in reproductive strategies—such as the potential predominance of a lek-scramble system in highland species compared to a more territorial lek system in lowland species.

Keywords: Acoustic communication, acoustic signal masking, toads, Amphibia.

A NEW ECOGEOGRAPHIC RULE IN SKY-ISLANDS? EVIDENCE OF TRADE-OFF IN TRAITS ASSOCIATED WITH FLIGHT PERFORMANCE IN AN ANDEAN BIRD

¿UNA NUEVA REGLA ECOGEOGRÁFICA EN ISLAS MONTAÑOSAS? EVIDENCIA DE COMPENSACIÓN EN RASGOS ASOCIADOS CON EL RENDIMIENTO DE VUELO EN UN AVE ANDINA

Juan Sebastian Avellaneda-Mazzo[1], Fernando Vargas-Salinas[1*], Elkin A. Tenorio[2,3]

[1] Programa de Biología, Universidad del Quindío, Grupo de Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Armenia, Colombia.
[2] Department of Biology, The Graduate Center, City University of New York, New York, USA.
[3] Department of Ornithology, American Museum of Natural History, New York, USA.
* <fvargas@uniquindio.edu.co>

[ORAL]

Flightlessness is a predictable evolutionary trend that occurs in context of low competition, low predation, and high levels of isolation. All these factors are found in oceanic islands, but also in the upper parts of mountains, where it is expected that natural selection constrained the allocation of energy resources invested in developing flight-related traits. Our aim was to test whether there is a tendency to flight loss in high-elevations populations of the Rufous-collared Sparrow (*Zonotrichia capensis*) in comparison to middle elevation populations. For this, we sampled birds across two transects spanning mid and high elevations (~1640 vs. >2800 masl) in the Colombian Andes. We found that bird populations inhabiting high elevations exhibit a minor development in traits associated with flight (e.g., pectoral muscle mass, keel length, total wing area) and a major development in a trait associated with terrestriality (tarsus length) than bird populations from middle elevations. Our results suggest a redistribution of energy resources directed towards a reduction in flight performance in birds from high elevations. These findings provide evidence of what might be an overlooked eco-geographical pattern in mountains related with locomotion modalities in birds.

Keywords: *Zonotrichia capensis*, flightlessness, Andes, Colombia, rufous-collared sparrow, evolutionary ecology.

SHOW THE COLOR AND I WILL TELL YOU WHICH FORELIMB YOU USE

MUESTRA EL COLOR Y TE DIRÉ QUÉ EXTREMIDAD DELANTERA USAS

Sara Bolaños-Hernández, Maribel Rojas-Montoya, Fernando Vargas-Salinas*

Grupo de Investigación en Evolución, Ecología y Conservación (EECO), Programa de Biología, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia.
* <fvargas@uniquindio.edu.co>

[POSTER]

Laterality in animals reflects the tendency to use structures on one side of the body more frequently and efficiently than those on the opposite side. Frogs of the Dendrobatidae family offer an opportunity to evaluate the role of predation as a selective force in determining the tendency of laterality in vertebrates, given that these frogs include aposematic and non-aposematic species, which implies contrasting predation risks among phylogenetically related species. We hypothesized that opposite tendencies in predation risk between aposematic frogs (low predation risk) and non-aposematic frogs (high predation risk) of Dendrobatidae are related to opposite tendencies in forelimb use. This is because in aposematic frogs, the left hemisphere of the brain associated with analytical behaviors and planned tasks would be dominant (reflected in right-handed individuals). On the contrary, in non-aposematic frogs, the right hemisphere of the brain regulates rapid responses to stimuli such as attacks from predators would be dominant (reflecting in left-handed individuals). We used a standardized methodology in the study of laterality in frogs. In four aposematic species (*Ameerega hahneli*, *Andinobates bombetes*, *A. fulguritus*, *Oophaga histrionica*) most individuals were right-handed. On the contrary, most individuals were left-handed in two non-aposematic species (*Allobates* sp., *Leucostethus brachistriatus*). These preliminary results support our hypothesis and encompass a novel aspect of the ecological and evolutionary relationship between predation risk, defense systems, and laterality, using dendrobatid frogs as a model system.

Keywords: Anurans, cognition, evolution, laterality, predation risk.

➤ VARIACIÓN ACÚSTICA Y MORFOLÓGICA EN AVES A LO LARGO DE UN GRADIENTE ALTITUDINAL TROPICAL

ACOUSTIC AND MORPHOLOGICAL VARIATION IN BIRDS ALONG A TROPICAL ALTITUDINAL GRADIENT

Rhayza Cortés-Romay[1*], Adriana Rico-Cernohorska[2], Flavia Montaño-Centellas[1,3]

[1] Instituto de Ecología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.
[2] Colección Boliviana de Fauna, Instituto de Ecología, Carrera de Biología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.
[3] Department of Biological Sciences, Louisiana State University, Baton Rouge, LA USA.
* <rhayzacortes@gmail.com>

[ORAL]

Los gradientes altitudinales en los Andes tropicales son ideales para estudiar presiones de selección que influyen en la generación de cantos en aves. Según la Hipótesis de Adaptación Acústica, las aves ajustan sus cantos para optimizar su transmisión en distintos ambientes. Alternativamente, la Hipótesis del Subproducto propone que las diferencias en el canto surgen como consecuencia indirecta de adaptaciones morfológicas a condiciones ambientales relacionadas con la elevación. Evaluamos ambos mecanismos en tres especies (*Myothlypis luteoviridis*, *Atlapetes rufinucha* y *Silvicultrix frontalis*) en los Andes de Bolivia. Medimos experimentalmente la transmisibilidad del sonido y analizamos la estructura del canto (frecuencia máxima, mínima y pico, y ancho de banda), junto con variaciones en el tamaño del pico y la longitud del tarso a distintas elevaciones. Encontramos que la reverberación depende de la frecuencia del canto, pero no de las variables ambientales. Las frecuencias disminuyen con la temperatura (y la elevación) y aumentan con la complejidad del hábitat. Además, las tres especies mostraron picos más cortos y aplanados a mayor elevación. Nuestros resultados sugieren que la elevación influye en la evolución del canto, tanto directamente, mediante adaptaciones acústicas locales, como indirectamente, a través de modificaciones morfológicas asociadas al ambiente montano

➤ **Palabras clave:** Andes tropicales, gradientes de elevación, cantos de aves, morfología, adaptación acústica.

PRIMER REGISTRO Y DESCRIPCIÓN DEL COMPORTAMIENTO DE CORTEJO MACHO-MACHO EN LA ABEJA SOLITARIA (*ALLORSCITETICA* SP. NOVA) EN EL VALLE DE LA PAZ, BOLIVIA

FIRST RECORD AND DESCRIPTION OF MALE-MALE COURTSHIP BEHAVIOR IN THE SOLITARY BEE (*ALLORSCITETICA* SP. NOVA) IN THE LA PAZ VALLEY, BOLIVIA

Valeska De Cárdenas-Ramírez[1,2]*, Rhayza Cortes-Romay[2], Flavia Montaño-Centellas[3]

[1] Carrera de Biología, Universidad Mayor de San Andrés La Paz, Bolivia.
[2] Instituto de Ecología, Universidad Mayor de San Andrés La Paz, Bolivia.
[3] Department of Biological Sciences, Louisiana State University, Baton Rouge, LA, USA.
* <valedecasra@gmail.com>

[POSTER]

El comportamiento de cortejo es esencial para asegurar el éxito de la cópula y la reproducción. Evolutivamente, los machos de abejas solitarias —que no forman colonias, se alimentan y nidifican individualmente— buscan maximizar su éxito reproductivo copulando con tantas hembras como sea posible, ya que las hembras, en general, copulan solo una o pocas veces en la vida. Para atraer hembras, los machos de abejas solitarias presentan comportamientos de cortejo. Aunque se han reportado despliegues de cortejo entre machos, son escasas las descripciones de estos ya que generalmente se obtienen en observaciones casuales, o en laboratorio. Nuestro trabajo documenta por primera vez el comportamiento de cortejo entre dos machos de *Allorscitetica* sp. *nova*, en la ciudad de La Paz, Bolivia. Se registró en video una interacción entre dos machos donde uno intenta copular con el otro, desplegando un comportamiento de cortejo. Luego de la interacción, ambos individuos —de una potencial nueva especie en proceso de descripción— fueron colectados y sexados. Este hallazgo muestra la importancia de ampliar los estudios sobre comportamiento reproductivo en abejas solitarias considerando, interacciones entre individuos del mismo sexo y las potenciales consecuencias en fitness para los machos que invierten energía en despliegues de cortejo que no terminan en una copula efectiva.

Palabras clave: Cortejo, abejas solitarias, comportamiento homosexual, zona urbana, comportamiento animal.

EFFECT OF EARLY-SOCIAL EXPOSURE TO COMPETITOR QUALITY ON MALE GUPPIES (*POECILIA RETICULATA;* CYPRINODONTIFORMES: POECILIIDAE) REPRODUCTIVE TRAITS

EFECTO DE LA EXPOSICIÓN SOCIAL TEMPRANA A LA CALIDAD DE LOS COMPETIDORES SOBRE LOS RASGOS REPRODUCTIVOS DE LOS GUPPIES MACHOS (*POECILIA RETICULATA*; CYPRINODONTIFORMES: POECILIIDAE)

Diego Moura-Campos*, Megan L. Head

Australian National University, Research School of Biology, Division of Ecology and Evolution, Acton, 2601, Australian Capital Territory, Australia
* <diego.moura.campos@gmail.com>

[ORAL]

Developmental plasticity allows animals to switch their resource allocation depending on the type of environment they experience, for example, if resources are scarce or competition is high. Obtaining reliable cues about environmental conditions is important since animals experience specific developmental windows during early ontogeny that may not be reversible later in life. One way individuals can obtain information during development is through cues from other conspecifics. Socially cued anticipatory plasticity (SCAP) allows juveniles to match their adult phenotype based on the social environment they expect to encounter. By doing so, animals can not only obtain information about environment quality, but also prepare for future intraspecific competition, for example, access to mates. The Trinidadian guppy (*Poecilia reticulata*) is a good model to study the effects of social cues during development since male guppies have plastic age/size at maturity and several condition-dependent reproductive traits that could be influenced by the competitive environment during ontogeny. For example, male guppies can switch between mating strategies when interacting with females, i.e., they can choose between an energetically costly display or attempt a sneak copulation. Alongside that, males invest in a carotenoid-based orange colouration on their bodies as an indicator of mate quality, which is the primary trait used during female choice. Here we tested the effects of competitor quality exposure during development on male guppy age and size at maturity (Socially cued anticipatory plasticity). For that, we paired guppy fry with males that presented high (>15%) or low (< 5%) expression of orange colouration on their bodies, i.e. high or low quality as sexual competitors. One month after maturity, we also observed male-female interactions to test if males would switch between reproductive strategies (*i.e.*, display or sneak copulation) depending on their social interactions during early-life.

We found that exposure to higher or lower quality males during development did not have an effect on time to and size at maturity. We also found no effects of competitor quality during development on mating strategies during early reproductive life. We discuss our results in light of long-term effects on other sexual traits, such as sperm production and ornament colouration, and possible trade-off among traits. Fish are particularly sensitive to environmental changes during early-development, but very few studies investigate the long-term effects of early-life social conditions.

➤ **Keywords:** Sexual selection, development, Poeciliidae, reproductive strategies, sperm competition.

RESPUESTAS QUÍMICAS INDUCIDAS POR SEÑALES VIBRACIONALES DE HERBIVORÍA EN *SOLANUM LYCOPERSICUM* (SOLANALES: SOLANACEAE) Y SU EFECTO EN LA ATRACCIÓN DEL PARASITOIDE *EUCREMASTUS* SP. (HYMENOPTERA: EULOPHIDAE)

CHEMICAL RESPONSES INDUCED BY VIBRATIONAL HERBIVORY SIGNALS IN *SOLANUM LYCOPERSICUM* (SOLANALES: SOLANACEAE) AND THEIR EFFECT ON THE ATTRACTION OF THE PARASITOID *EUCREMASTUS* SP. (HYMENOPTERA: EULOPHIDAE)

Carlos F. Pinto[1], Camila Juanez Delgadillo[1]*, Ilich Figueroa[2], Deborah Mayta[2]

[1] Universidad San Francisco Xavier de Chuquisaca, Dirección de Investigación Ciencia y Tecnología (DICYT), Sucre, Bolivia.

[2] Universidad Mayor de San Simón, Departamento de Fitotecnia, Laboratorio de Entomología, Cochabamba, Bolivia.

* <juanezdelgadillocamila@gmail.com>

[ORAL]

Históricamente las plantas han sido consideradas como organismos casi sésiles y/o con baja capacidad de percibir o responder activamente a estímulos de su entorno. No obstante, investigaciones recientes han desafiado esta visión, demostrando que las plantas poseen mecanismos sensoriales complejos capaces de detectar estímulos de diversa naturaleza (Ej. físicos, químicos, mecánicos). Frente al ataque de herbívoros, muchas especies vegetales activan respuestas defensivas mediante la emisión de HIPVs (Herbivore-Induced Plant Volatiles), los cuales participan en la atracción de enemigos naturales del atacante. Recientemente, el uso de señales vibracionales ha demostrado que las plantas perciben y responden a vibraciones ecológicamente significativas (Ej., herbivoría). En este estudio se exploró la respuesta defensiva de *Solanum lycopersicum* frente a tres tratamientos: 1. herbivoría real por *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae), 2. exposición a señales vibracionales simuladas mediante grabaciones de alimentación larval, y 3. un grupo control. A partir de estos tratamientos se realizaron bioensayos de preferencia en un olfatómetro tipo "Y" para evaluar la atracción del parasitoide *Eucremastus sp* hacia plantas sometidas a cada tratamiento. En paralelo se replicaron tratamientos similares para caracterizar los HIPVs emitidos en cada caso, la recolección de volátiles se llevó a cabo mediante la técnica de "headspace dinámico" y posteriormente se realizó el análisis químico mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC-MS).

Los bioensayos de preferencia en el olfatómetro mostraron que el parasitoide *Eucremastus sp* presentó una atracción significativamente mayor hacia las plantas sometidas a herbivoría real por *Tuta absoluta* (76%), o expuestas a señales vibracionales (playback) (62%), respecto a plantas del grupo control. Los análisis químicos revelaron que las plantas con daño por herbivoría y aquellas sometidas a playbacks de herbivoría modificaron significativamente el perfil de compuestos volátiles emitidos respecto a plantas del grupo control, lo cual sugiere una activación sensorial similar en los primeros dos tratamientos. Estos hallazgos respaldan la hipótesis de una percepción vibracional adaptativa en plantas, sugiriendo la evolución de mecanismos sensoriales complejos en relación a las señales acústicas relacionadas con herbivoría.

➤ **Palabras clave:** Volátiles inducidos, comportamiento, respuesta adaptativa, interacciones tritróficas.

DESDE LO PUNTUAL A LO GENERAL, DIFERENCIAS SEXUALES COMO AGENTES PROMOTORES DE LA PERSONALIDAD ANIMAL EN SQUAMATA

FROM THE SPECIFIC TO THE GENERAL, SEXUAL DIFFERENCES AS AGENTS PROMOTING ANIMAL PERSONALITY IN SQUAMATA

Mario Ruiz-Monachesi*, Juan José Martínez

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biogeografía, INECOA- Instituto de Ecorregiones Andinas-CONICET- UNJu, Jujuy, Argentina.

* <marioruizmonachesi@conicet.gov.ar>

[ORAL]

La personalidad animal puede definirse como la consistencia individual en las respuestas comportamentales de los individuos a través de diferentes situaciones y tiempo (repetibilidad—"*REP*."). Un asunto clave de este enfoque es entender los mecanismos evolutivos que la promueven. Las interacciones entre sexos y la selección sexual actúan sobre la variabilidad individual promoviendo la evolución de la personalidad animal en las poblaciones y, eventualmente, a nivel específico. Asumiendo un link entre patrones y procesos empleamos dos enfoques, uno intraespecífico y otro interespecífico y nos preguntamos si ¿existe una correspondencia entre los patrones de personalidad a microescala y los procesos evolutivos a macro escala? Para el primer enfoque, en 49 individuos de *Liolaemus ornatus* (H = 25, M= 24) cuantificamos diferentes rasgos dimórficos (coloración, tamaño corporal —sesgado hacia los machos—, largo, ancho y alto de la cabeza, largo del tronco, antebrazo, tibia y pie). Cada individuo, en una pista de madera graduada, realizó dos pruebas de locomoción (en diferentes días) las cuales fueron filmadas. De los videos se extrajeron diferentes variables: aceleración, fuerza, latencia y velocidad durante la carrera. Posteriormente, se calculó la *REP*. de estas variables y se exploró por una asociación con las variables morfológicas. A nivel interespecífico se analizaron 77 estudios sobre personalidad animal en Squamata hasta el 2025. Se extrajeron 633 datos de *REP*. para 40 especies y para cada una de ellas se codificaron los siguientes caracteres sexuales: "dicromatismo sexual" (ausencia, presencia), "dimorfismo en el tamaño corporal" (ausencia, presencia), "principal sexo dimórfico" (hembras, iguales, machos). Se realizaron meta análisis filogenéticos a fin de observar si la *REP.* varía entre los estados de los caracteres sexuales. Finalmente se calculó la tasa de cambio evolutivos dentro los grupos. A nivel intraespecífico los machos de *L. ornatus* mostraron *REP* en casi todas las variables de locomoción. Mientras que las hembras sólo en la fuerza. En machos hubo una asociación negativa entre la consistencia individual comportamental (velocidad y aceleración) y el fenotipo (longitud del tronco, altura de la cabeza, color).

El metaanálisis indicó que cuando el dimorfismo corporal es sesgado hacia un sexo, la *REP* es mayor en ese sexo. Mientras que la *REP* no fue significativa y con tasa de cambio evolutivo más rápida en ausencia de dimorfismo. El patrón de personalidad observado a nivel intraespecífico parece tener correspondencia a nivel macroevolutivo y las diferencias sexuales morfológicas parecen favorecer la personalidad animal en Squamata.

➤ **Palabras clave:** Comportamiento, microevolución, macroevolución, meta-análisis, reptiles.

PROPOSTA DE ARCABOUÇO TEÓRICO PARA TESTE DA HIPÓTESE DO CÉREBRO SOCIAL EM CETACEA

PROPUESTA DE UN MARCO TEÓRICO PARA PROBAR LA HIPÓTESIS DEL CEREBRO SOCIAL EN CETÁCEOS

Mariana Santos Melo*, Mariana Freitas Nery

Universidade Estadual de Campinas, Cidade Universitária Zeferino Vaz - Barão Geraldo, Campinas - São Paulo, Brasil.
* <m243223@dac.unicamp.br>

[POSTER]

A hipótese do cérebro social prevê que a capacidade cognitiva dos vertebrados foi selecionada por complexos sistemas sociais. As premissas desenhadas por essa hipótese são que (1) animais com maior capacidade cognitiva devem viver em sociedades mais complexas e que (2) os laços sociais atuam como força evolutiva, com aumento de aptidão para aqueles indivíduos que conseguem navegar pela rede social. Contudo, há discussões sobre a quantificação tanto da complexidade cognitiva, quanto da complexidade social. Uma das formas de se avaliar a complexidade cognitiva é quantificar quanto tecido cerebral extra é mantido em uma espécie, considerando seu tamanho corporal, geralmente referido como tamanho relativo do cérebro (RBS). O aumento de indivíduos na rede social é um limitante da complexidade social, mas o número de indivíduos que interagem, o tempo de interação, a existência de papéis sociais bem definidos e a transmissão de cultura são fatores que devem ser levados em consideração. Golfinhos e baleias, membros da ordem Cetacea, são animais que apresentam grande variedade em comportamentos sociais, com espécies extremamente solitárias a espécies que vivem em sistemas hierárquicos com a formação de coalizões de machos e famílias matrilineares capazes de transmissão de cultura. Aliado à observação de que, seguido dos humanos, golfinhos da família Delphinidae estão entre os vertebrados com maior tamanho relativo do cérebro, os cetáceos parecem atender às premissas da hipótese do cérebro social. Para avaliar a aplicação dessa hipótese em Cetacea, modelos PGLS e testes de comparação múltipla de médias foram realizados a fim de testar diferentes métricas de complexidade cognitiva, social e a relação entre elas. Observamos duas trajetórias evolutivas diferentes para a evolução do tamanho de cérebro e corpo em Cetacea: cérebros proporcionalmente menores em baleias de barbatana devido ao aumento do peso corporal e cérebros proporcionalmente maiores em golfinhos devido à diminuição do peso corporal e manutenção/acréscimo do peso cerebral. O tamanho relativo do cérebro de golfinhos da família Delphinidae é significativamente maior do que de outros golfinhos, além de possuírem um maior tamanho de grupo social e mais exibições sociais do que outros cetáceos.

O arcabouço final proposto por nós oferece uma única métrica para o cálculo de complexidade cognitiva, aliado a duas outras métricas de complexidade social, que se correlacionam com o tamanho relativo de cérebro de golfinhos e apontam positivamente para o uso de Cetacea com modelo da hipótese do cérebro social.

➤ **Palavras-chave:** Odontoceti, Mysticeti, evolução cerebral.

Sesión libre / 7

Filogeografía y biogeografía evolutiva

Filogeografia e biogeografia evolutiva

DESENTRAÑANDO LA HISTORIA EVOLUTIVA DE LA ESPECIE *ORESTIAS AGASSII* (CYPRINODONTIFORMES: CYPRINODONTIDAE): UN ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO CONSIDERANDO TODO SU RANGO DE DISTRIBUCIÓN

UNRAVELING THE EVOLUTIONARY HISTORY OF THE SPECIES *ORESTIAS AGASSII* (CYPRINODONTIFORMES: CYPRINODONTIDAE): A PHYLOGEOGRAPHIC STUDY CONSIDERING ITS ENTIRE DISTRIBUTION RANGE

Viviana Araya Enero[1*], Aldemar Acevedo[1,2], Soraya Barrera[3], Edmundo Moreno[4], Jack Rodríguez[1,5], Marco A. Méndez[1,3,5]

[1] Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile.
[2] Instituto de Ciencias Naturales (ICN), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
[3] Museo Nacional de Historia Natural, Colección Boliviana de Fauna. La Paz, Bolivia.
[4] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú.
[5] Museo de Biodiversidad del Perú (MUBI), Cusco, Perú.
* <viviana.araya@ug.uchile.cl>

[ORAL]

El género *Orestias* comprende 46 especies endémicas del Altiplano y sistemas interandinos de gran altitud en Perú, Bolivia y Chile. Investigaciones previas se han centrado principalmente en análisis morfológicos. Sin embargo, los límites poco claros de las especies y las prácticas taxonómicas inconsistentes han complicado la determinación de las especies. *Orestias agassii* Valenciennes, 1846 es la especie que muestra la distribución más amplia del género, encontrándose en distintas cuencas hidrográficas de Chile, Bolivia y Perú. Por lo tanto, es posible que los individuos identificados como *O. agassii* podrían corresponder a más de una especie. En este estudio realizamos un análisis sistemático y filogeográfico en toda la distribución de *O. agassii*, determinando patrones de estructuración y diversidad genética mediante el uso de marcadores mitocondriales D-loop y Cytb. Nuestros resultados nos permiten sugerir que la distribución actual de *Orestias agassii* no corresponde a una sola especie, revelando un claro patrón de diferenciación entre la cuenca amazónica (Cusco, Perú) y las demás cuencas incluidas en el estudio. En su lugar, proponemos las siguientes especies/linajes candidatos: el primero incluye las poblaciones de Chile, Bolivia y Perú (excluyendo Cusco) que corresponde a *O. agassii*; el segundo designa tres especies o linajes para la cuenca amazónica.

Palabras clave: Altiplano, peces, marcadores mitocondriales.

➤ RÍOS COMO BARRERAS Y ESPECIACIÓN EN ROEDORES SUBTERRÁNEOS DEL GÉNERO *CTENOMYS*: UN ESTUDIO FILOGENÓMICO EN EL NORTE DE LA PATAGONIA, ARGENTINA

RIVERS AS BARRIERS AND SPECIATION IN SUBTERRANEAN RODENTS OF THE GENUS *CTENOMYS*: A PHYLOGENOMIC STUDY IN NORTHERN PATAGONIA, ARGENTINA

Ailin Austrich[1], Matías S. Mora[1*], Ivanna H. Tomasco[2], Fernando Mapelli[3], Santiago Ceballos[4], Marcelo J. Kittlein[1]

[1] Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras, (IIMyC, CONICET-UNMdP), Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
[2] Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. Montevideo, Uruguay.
[3] División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", CONICET, Buenos Aires, Argentina.
[4] Universidad Nacional de Tierra del Fuego (ICPA-UNTDF), Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC-CONICET), Argentina.
* <msmora@mdp.edu.ar>

[ORAL]

Los roedores subterráneos del género *Ctenomys* (tuco-tucos) son endémicos de Sudamérica y han experimentado una radiación relativamente reciente, alcanzando en la actualidad 67 especies reconocidas que se originaron entre 2 y 4 millones de años. Las relaciones filogenéticas entre especies han sido históricamente difíciles de resolver, aunque recientemente aproximaciones genómicas usando RADseq han confirmado la presencia de grupos filogenéticos propuestos inicialmente con datos mitocondriales y las relaciones entre éstos. Sin embargo, aún persisten incertidumbres sobre las relaciones filogenéticas entre especies del grupo *magellanicus* en la Patagonia Norte de Argentina. A partir de estudios con genes mitocondriales, hipotetizamos que los principales ríos de la región han influido en la diversificación del grupo. Usamos secuenciación masiva con RADseq en más de 100 muestras, generando miles de SNPs (hasta 1200 loci ampliamente compartidos), alineados contra el genoma de *Ctenomys sociabilis*. Nuestros datos con SNPs apoyan la hipótesis filogenética previamente propuesta a partir de datos mitocondriales, además de arrojar luz sobre las relaciones filogenéticas entre las especies dentro del grupo *magellanicus*. La filogenia con SNPs respalda fuertemente la identidad de *C. bidaui* (al sur del Río Negro), *C. chechehet* (entre los ríos Negro y Colorado), y *C. pulcer* (entre Punta Alta y el arroyo Sauce Grande). En particular, *C. chechehet*, miembro del grupo *magellanicus*, está filogenéticamente próxima a *C. pulcer* y más distante de *C. bidaui*. Los ríos Colorado y Negro, que atraviesan la región, habrían actuado como fronteras naturales delimitando la distribución de estas especies.

Por ello, proponemos que estos ríos han funcionado como barreras geográficas que limitaron la dispersión y contribuyeron significativamente a la diversificación del género *Ctenomys* en el norte de la Patagonia extraandina.

➤ **Palabras clave:** Filogenómica, SNPs, Tuco-tucos, biogeografía, diversificación.

RECUERDOS QUE SE DERRITEN: EFECTOS DESACOPLADOS DEL HIELO Y EL CLIMA DURANTE EL CUATERNARIO MOLDEAN LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES ANDINAS DE *CALCEOLARIA* (CALCEOLARIACEAE)

MELTING MEMORIES: DECOUPLED EFFECTS OF ICE AND CLIMATE DURING THE QUATERNARY SHAPE GENETIC DIVERSITY IN ANDEAN *CALCEOLARIA* SPECIES (CALCEOLARIACEAE)

Matías C Baranzelli[1,2*], Andrea Cosacov[1,2], Alicia N Sérsic[1]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET). Córdoba, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
* <mbaranzelli@imbiv.unc.edu.ar>

[ORAL]

La influencia de las glaciaciones cuaternarias sobre la diversidad genética y los procesos demográficos en especies terrestres ha sido ampliamente estudiada en todo el mundo, revelando patrones y procesos idiosincráticos en ambos hemisferios. Sin embargo, a nivel global, son escasos los estudios que abordan el papel relativo del volumen de hielo y el cambio en el clima durante este periodo sobre los patrones genéticos espaciales y la localización de refugios, y aún menos, aquellos que exploran los mecanismos mediante los cuales el hielo pudo haber moldeado la diversidad genética intraespecífica. Aunque su rol como barrera es claro, el hielo también pudo haber generado nichos microclimáticos o corredores biológicos, en particular para flora adaptada al frío y la humedad, como ocurre en los bosques andino-patagónicos. Para investigar los efectos relativos del volumen de hielo y del clima, realizamos un estudio filogeográfico comparativo en tres especies patagónicas del género *Calceolaria*, adecuadas para este análisis por estar adaptadas a condiciones frías y húmedas en regiones altoandinas y de alta latitud, con amplia distribución en los bosques andino-patagónicos, aunque restringidas históricamente a áreas de máxima extensión glacial. Analizamos la estructuración genética y la localización de refugios en relación con las fluctuaciones del hielo y los cambios climáticos durante tres momentos clave del último ciclo glacial. Nuestros resultados muestran un efecto espaciotemporal desacoplado del clima y del hielo sobre los patrones genéticos de las especies. Mientras que durante el Último Máximo Glacial el clima determinó los patrones genéticos intraespecíficos generales, el volumen de hielo actuó principalmente como generador de micrositios y estructurador de corredores que definieron la localización de refugios, revelando al hielo como un factor promotor más que erosivo de la biodiversidad.

Palabras clave: Glaciares, Patagonia, Pleistoceno, refugios, último máximo glaciar.

PATRONES GEOGRÁFICOS Y FACTORES CLIMÁTICOS QUE DETERMINAN LOS PATRONES DE DIVERSIDAD FILOGENÉTICA ESPACIAL DE LOS HELECHOS EN LAS MONTAÑAS DEL CENTRO DE ARGENTINA

GEOGRAPHIC PATTERNS AND CLIMATIC FACTORS THAT DETERMINE THE SPATIAL PHYLOGENETIC DIVERSITY PATTERNS OF FERNS IN THE MOUNTAINS OF CENTRAL ARGENTINA

Matias C. Baranzelli[1,2*], Rita E. Morero[1], Ana M. Cingolani[1], Daihana S. Argibay[1], Melisa. A. Giorgis[1,2]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV-CONICET). Córdoba, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
* <mbaranzelli@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

Los ecosistemas de montaña, con su diversidad de microhábitats y marcados gradientes altitudinales, ofrecen un contexto ideal para estudiar la distribución de las plantas y los procesos ecológicos y evolutivos que impulsan su diversificación. Debido a su linaje antiguo y características de historia de vida, los helechos se distribuyen principalmente en ambientes montañosos y funcionan como indicadores valiosos de estos patrones. En este estudio analizamos la filogenia espacial de helechos en las montañas del centro de Argentina para entender cómo los factores geográficos y climáticos influyen en la riqueza y diversidad evolutiva. Compilamos un conjunto de datos con 61 especies nativas de helechos y construimos un árbol filogenético calibrado en el tiempo basado en ADN cloroplastidial para todas las especies y plastomas completos para algunas especies de los principales grupos. Luego analizamos la distribución espacial de la riqueza de especies (SR), y las métricas de diversidad filogenética de Faith (PD) y la variabilidad filogenética de las especies (PSV) en relación con variables geográficas y climáticas. La SR y la PD alcanzaron sus valores máximos en altitudes medias a elevadas, mientras que la PSV fue alta tanto en zonas bajas como en medias-altas, lo que sugiere la acción de factores subyacentes distintos. La PD se asoció negativamente con la temperatura media anual y presentó una relación unimodal con la latitud. La PSV también siguió un patrón unimodal con la latitud y se relacionó positivamente con la altitud. Nuestros resultados indican que las áreas vinculadas a los Andes concentran alta diversidad y variabilidad filogenética, lo que las identifica como puntos calientes de evolución. Además, los patrones particulares del noreste sugieren la presencia de especies con historias evolutivas singulares, poniendo en evidencia desajustes espaciales entre riqueza y unicidad evolutiva.

Palabras clave: Diversidad evolutiva, gradiente altitudinal, montañas de Córdoba, taxones evolutivamente distantes, Pteridofitas.

➤ HIGH GENE FLOW IN TURTLE-ASSOCIATED AMPHIPODS REVEALS HOST-MEDIATED DISPERSAL

EL ALTO FLUJO GENÉTICO EN ANFÍPODOS ASOCIADOS A TORTUGAS REVELA UNA DISPERSIÓN MEDIADA POR EL HUÉSPED

Flávia de Oliveira Bezerra[1*], Tammy Iwasa Arai[1], Camilla Alves Santos[2], Camila Miguel[3], Sónia Cristina da Silva Andrade[1]

[1] Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazil.
[2] Tree of Life, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Cambridgeshire. UK.
[3] Projeto *Chelonia mydas* - Instituto Marcos Daniel, Espírito Santo, Brazil.
* <flaoliver@ib.usp.br>

[ORAL]

Epibiosis is an interspecific association in which one organism lives on the surface of another. One of the key advantages of this interaction is that epibionts may gain enhanced dispersal capabilities—particularly when their hosts are highly migratory, such as sea turtles. These marine vertebrates host diverse epibiotic communities, among which amphipod crustaceans are among the most abundant. For amphipods, which undergo direct development, living on a mobile host may represent an important adaptive strategy to overcome dispersal constraints. To investigate the role of sea turtles in shaping the genetic structure of their epibionts, we analyzed mitochondrial (Cytb) and nuclear (ITS-1) markers in the only three amphipod species known to be obligate commensals of sea turtles: *Podocerus chelonophilus*, *Hyachelia tortugae*, and *Hyachelia lowryi*. Our dataset comprises samples from 33 sea turtles—loggerhead (*Caretta caretta*), green (*Chelonia mydas*), and hawksbill (*Eretmochelys imbricata*)—collected from six locations along the Brazilian coast, spanning from Bahia to São Paulo. We detected high genetic diversity across species, with ITS-1 average $\Theta\pi$ values of 41.4 for *P. chelonophilus* and 20.9 for *H. tortugae*, and Cytb average $\Theta\pi$ values of 3.11 for *P. chelonophilus*, 24.25 for *H. lowryi*, and 31 for *H. tortugae*. *P. chelonophilus* showed low population structure, with no significant genetic differentiation across host species or sampling sites (Cytb and ITS-1 F_{ST} = 0; $p > 0.05$). In contrast, *H. lowryi* presented moderate structure (Cytb F_{ST} = 0.26; $p < 0.05$), and *H. tortugae* exhibited more pronounced differentiation (Cytb F_{ST} = 0.24; ITS-1 F_{ST} = 0.46; both $p < 0.05$). These patterns indicate substantial gene flow among geographic regions for all amphipod taxa, as well as across host species in the case of *H. tortugae*, suggesting a close alignment between the life histories of epibionts and their turtle hosts. Ultimately, our findings highlight epibiosis as a powerful—and often overlooked—mechanism driving dispersal and connectivity in the marine environment.

➤ **Keywords:** Epibiosis, population genetics, gene flow, phylogeography.

DIFERENCIACIÓN PROFUNDA ENTRE POBLACIONES PATAGÓNICAS DE *DIUCA DIUCA* (PASSERIFORMES: THRAUPIDAE)

DEEP DIFFERENTIATION BETWEEN PATAGONIAN POPULATIONS OF *DIUCA DIUCA* (PASSERIFORMES: THRAUPIDAE)

Elvira Canio[1*], Marisol Domínguez[2], Agustín I. Casale[3], Larissa Arantes[4], Pablo A. Fracas[3], Camila Mazzoni[4], Bettina Mahler[5], Ralph Tiedemann[2], Pablo L. Tubaro[3], Darío A. Lijtmaer[3], Pablo D. Lavinia[1]

[1] Laboratorio de Investigación y Conservación de la Biodiversidad (InCoBIO), Univ. Nacional de Río Negro (UNRN-CONICET), Viedma, Río Negro, Argentina.
[2] Unit of Evolutionary Biology/Systematic Zoology, Univ. of Potsdam, Alemania.
[3] División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN–CONICET). CABA, Argentina.
[4] Berlin Center for Genomics in Biodiversity Research (BeGenDiv). Berlín, Alemania.
[5] Laboratorio de Ecología y Comportamiento Animal (LEyCA), Universidad de Buenos Aires (FCEN-UBA). CABA, Argentina.
* <elviracanio8@gmail.com>

[ORAL]

La Diuca (*Diuca diuca*) es un ave paseriforme endémica del Cono Sur de Sudamérica que habita principalmente ambientes áridos y semiáridos desde el sur de Bolivia hasta la Patagonia. El objetivo fue estudiar la historia evolutiva de *D. diuca*, con foco en la Patagonia, a través de un enfoque integral combinando evidencia genética y fenotípica. Generamos datos genéticos (ADN mitocondrial) y genómicos (RADseq), y se complementó con el análisis de la variación en morfología, coloración y canto. El muestreo consistió de ~60 ejemplares para los análisis genéticos/genómicos y ~120 ejemplares para los fenotípicos. Encontramos tres linajes mitocondriales, con una separación basal de aproximadamente 1,5 millones de años. El linaje "Oeste", que se corresponde mayormente con la subespecie nominal *D. d. diuca*, nucleó a individuos de Chile y de la región andina y precordillerana del oeste de Río Negro y Chubut. La divergencia promedio entre el linaje "Oeste" y los otros dos linajes, "Este" y "Norte", fue de 3,35 %. Los linajes "Este" y "Norte" se recuperaron como hermanos con una divergencia promedio de 1,26%. El linaje "Este" nucleó ejemplares provenientes de ambientes áridos de Neuquén, Mendoza, centro y este de Río Negro y sur de Buenos Aires, y se corresponde con la subespecie *D. d. minor*. En cambio, el linaje "Norte", agrupó a ejemplares de Bolivia y Tucumán, coincidentes con la subespecie *D. d. crassirostris*. Los análisis genómicos basados en ~12.000 sitios polimórficos (SNPs) recuperaron a los grupos "Este" y "Oeste" sin señales de flujo génico entre ambos. Las variables fenotípicas apoyan esta diferenciación, siendo notorio el tamaño significativamente mayor de los ejemplares del linaje "Oeste" respecto a los del "Este".

La posición filogenética de *D. diuca* dentro de un clado de tráupidos distribuidos mayormente en la región de los Andes del norte, sugiere un origen septentrional de la especie y posterior expansión hacia el sudeste. Esto, en conjunto con la mayor cercanía observada entre los linajes "Este" y "Norte", apoyan un escenario evolutivo donde los linajes de *D. diuca* habrían divergido previamente y colonizado la Patagonia desde el norte a través de dos rutas diferentes y sin reanudar el flujo génico. El linaje "Oeste" habría descendido por los Andes, mientras que el "Este" lo habría hecho siguiendo la diagonal árida (Monte-Espinal-Estepa). Estos resultados contrastan con lo evidenciado para muchas otras especies cuyos linajes patagónicos habrían surgido *in situ* en la Patagonia, probablemente como consecuencia del impacto de las glaciaciones del Pleistoceno en la región. La inclusión en el futuro de ejemplares del linaje "Norte" en los análisis genómicos y fenotípicos será clave para clarificar la relación entre éste y el linaje "Este" y para confirmar el escenario evolutivo aquí propuesto.

➤ **Palabras clave:** ADN mitocondrial, diversificación, genómica, Patagonia, aves.

DIVERSIFICACIÓN MORFOLÓGICA Y DIVERSIDAD CLIMÁTICA EN *NIEREMBERGIA LINARIIFOLIA* (SOLANALES: SOLANACEAE)

MORPHOLOGICAL DIVERSIFICATION AND CLIMATIC DIVERSITY IN *NIEREMBERGIA LINARIIFOLIA* (SOLANALES: SOLANACEAE)

María Soledad Chiabrando*, Alicia N. Sérsic, Andrea A. Cocucci, María Cristina Acosta

Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) CONICET-Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba.
* <mschiabrando@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

El género *Nierembergia* Ruiz et Pav. es casi exclusivo de Sudamérica donde crecen 20 de sus 21 especies. *Nierembergia linariifolia* Graham, la especie de mayor distribución dentro del género, se extiende desde el sur de Brasil hasta la Patagonia en Argentina y habita tanto regiones montañosas como llanuras. Se han descrito cuatro variedades según sus caracteres morfológicos (var. *linariifolia*, var. *glabriuscula*, var. *pampeana* y var. *pinifolioides*), algunas de las cuales están asociadas a distintos sistemas orográficos y ciertas ecorregiones. Así, *N. linariifolia* y sus variedades, constituyen un sistema propicio para explorar el papel de los procesos geológicos y climáticos en la diversificación reciente. El objetivo del presente trabajo es indagar sobre los requerimientos climáticos de cada una de las variedades para inferir cómo los cambios climáticos pleistocénicos habrían influido en su distribución geográfica. Este conocimiento permitiría interpretar si algunos de estos eventos climáticos habrían propiciado los procesos de diversificación morfológica ocurridos en *N. linariifolia*. Para ello, se obtuvieron en total 90 puntos de presencia de todas las variedades y los valores de las variables bioclimáticas para cada punto. Se analizaron los requerimientos climáticos de mayor importancia para cada variedad. Además, se realizaron análisis de modelado de nicho ecológico de la especie y de cada variedad en el presente y se proyectaron a períodos glaciarios (LGM) e interglaciarios (LIG). Se observaron diferencias entre los requerimientos climáticos de cada una de ellas y una respuesta diferencial de las distintas variedades a los cambios climáticos ocurridos, por lo que la variación morfológica observada podría estar asociada a adaptaciones locales a condiciones climáticas geográficamente cambiantes.

Palabras clave: Especiación, variabilidad intraespecífica, variación climática, modelos de distribución espacial, Pleistoceno.

➤ *JATROPHA EXCISA* (MALPIGHIALES: EUPHORBIACEAE) EN EL CHACO: FILOGEOGRAFÍA Y LÍMITES ESPECÍFICOS

JATROPHA EXCISA (MALPIGHIALES: EUPHORBIACEAE) IN THE CHACO: PHYLOGEOGRAPHY AND SPECIFIC BOUNDARIES

Franco E. Chiarini[1,2*], Raúl González Ittig[3,4]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET-UNC). Córdoba, Argentina.
[2] Cátedra de Morfología Vegetal, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. Córdoba, Argentina.
[3] Instituto de Diversidad y Ecología Animal (CONICET-UNC), Córdoba, Argentina.
[4] Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, FCEFyN, UNC, Córdoba, Argentina.
* <chiarini@imbiv.unc.edu.ar>

[POSTER]

Jatropha excisa Griseb. es una planta distribuida en la provincia fitogeográfica del Chaco (centro y norte de Argentina, sur de Bolivia y oeste de Paraguay), cuyos límites específicos son dudosos ya que se superponen con el de otras especies. En este estudio nos propusimos investigar: (1) si *J. excisa* abarca más de una especie, con base en la variación genética; (2) su diversificación filogenética espaciotemporal y la estructura geográfica de sus poblaciones; y (3) su status nativo vs introducido en el Chaco. Utilizando la región trnL-trnF del cloroplasto y la región nuclear ITS, se construyeron redes de haplotipos, junto con un análisis espacial de la varianza molecular para identificar grupos poblacionales. Los resultados mostraron 12 haplotipos de ADN nuclear, asignados a cuatro haplogrupos. El cpDNA arrojó 29 haplotipos distintos que no coincidieron con los nucleares y no mostraron estructura geográfica. El análisis filogenético calibrado identificó cuatro clados principales que divergieron entre 1,8 y 8,1 millones de años atrás, lo que sugiere al menos dos especies, *J. excisa* y *J. thyrsantha*. Los análisis demográficos (distribución de mismatch y Bayesian Skyline Plot) indicaron que *J. excisa* experimenta una lenta expansión desde hace 150 mil años, deduciéndose que su rango actual es nativo.

➤ **Palabras clave:** *Jatropha*, filogenia, estructura poblacional, diversidad genética.

UNRAVELING INTRASPECIFIC DIVERGENCE IN *HANCORNIA SPECIOSA* GOMES (APOCYNACEAE): INSIGHTS FROM LEAF TRAITS AND ECOLOGICAL NICHE MODELS

DESENTRAÑANDO LA DIVERGENCIA INTRAESPECÍFICA EN *HANCORNIA SPECIOSA* GOMES (APOCYNACEAE): PERSPECTIVAS A PARTIR DE RASGOS FOLIARES Y MODELOS DE NICHO ECOLÓGICO

Gabriela Corrêa Morais[1*], Ana Flávia Francisconi[1], Lázaro José Chaves[2], Rita Maria Devós Ganga[2], Rafael Tassinari Resende[2,3], Giancarlo Conde Xavier Oliveira[1], Maria Imaculada Zucchi[1,4,5**]

[1] University of São Paulo, "Luiz de Queiroz" Superior College of Agriculture, Genetics Department, Piracicaba, São Paulo, Brazil.
[2] Federal University of Goiás, School of Agronomy, Plant Breeding Sector, Goiânia, Goiás, Brazil.
[3] University of Brasília, Forest Engineering Department, Brasília, Federal District, Brazil.
[4] Secretariat of Agriculture and Food Supply of São Paulo State, São Paulo, Brazil.
[5] State University of Campinas, Biology Institute, Campinas, São Paulo, Brazil.
* <gabrielacm@usp.com>
**<mizucchi@sp.gov.br>

[POSTER]

Hancornia speciosa Gomes (Apocynaceae), commonly known as *mangabeira* or *mangaba* tree, is a Brazilian plant genetic resource with significant food, pharmacological, ecological, and rubber production potential. Despite its importance, the taxonomic boundaries of its botanical varieties remain unresolved, limiting our understanding of the evolutionary processes underlying its diversity. This study aims to investigate the delimitation of four traditionally recognized varieties – *H. speciosa* var. *cuyabensis*, *H. speciosa* var. *gardneri*, *H. speciosa* var. *pubescens*, and *H. speciosa* var. *speciosa* – using an integrative framework combining leaf morphology and morphometrics, Ecological Niche Modeling (ENM), and niche overlap analyses. Leaf samples were obtained from the *H. speciosa* Germplasm Collection at the Federal University of Goiás (Goiânia, Goiás, Brazil), ensuring uniform environmental conditions. ENM was performed using georeferenced occurrence data retrieved from scientific literature and bioclimatic variables from the WorldClim database. Morphological and morphometric analyses revealed distinct leaf functional traits in *H. speciosa* var. *speciosa*, including leaf length, leaf width, leaf radius, leaf diameter, petiole length, and leaf shape. Moreover, ecological niche models indicated a tendency toward ecological isolation of this variety relative to the others. Niche overlap metrics and similarity tests supported this pattern of differentiation. Our findings suggest that selective pressures may be promoting incipient divergence within *H. speciosa*. Based on current results, we propose the existence of at least two main groups within the species: one comprising *H. speciosa* var. *speciosa*, and another grouping the remaining three varieties.

This ongoing study contributes to our understanding of evolutionary differentiation in *H. speciosa* and underscores the value of integrative approaches, combining morphological, ecological, and, in future work, genomic data, for resolving taxonomic uncertainty and elucidating plant evolution in Neotropical taxa.

➤ **Keywords:** Neotropical tree, botanical varieties, intraspecific variation, ecological isolation.

DIVERGENCIA GENÉTICA DE *TETRAGONISCA FIEBRIGI* (HYMENOPTERA: APIDAE) DE TUCUMÁN, ARGENTINA

GENETIC DIVERGENCE OF *TETRAGONISCA FIEBRIGI* (HYMENOPTERA: APIDAE) FROM TUCUMÁN, ARGENTINA

Luna Espasadin*, Juan Cruz González, Carlos Molineri

Instituto de Biodiversidad Neotropical (IBN), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.

* <luniespasadin@gmail.com>

[POSTER]

Se investigó la divergencia genética de dos individuos de *Tetragonisca fiebrigi* de la provincia de Tucumán, Argentina, comparando dos secuencias del gen COI (Citocromo Oxidasa I) con 25 registros disponibles en BOLDSystems (The Barcode of Life Data Systems) y GenBank de otras provincias del Noroeste Argentino (NOA) y de los países Brasil, Perú, Ecuador, Bolivia y Costa Rica. El ADN se extrajo de dos individuos de *T. fiebrigi*, uno recolectado en el Dpto. Lules y otro en el Dpto. Yerba Buena (Tucumán). El proceso de extracción de ADN se basó en el protocolo "*Salting-out*". La región del gen mitocondrial COI se amplificó mediante PCR con los cebadores LCO1490 y HCO2198, y se envió a secuenciar a Macrogen. La divergencia entre las secuencias se midió calculando la distancia genética con el modelo Kimura 2 parámetros. La relación filogenética se infirió con el método de Máxima Verosimilitud empleando el modelo General Time Reversible. Los dos individuos de *T. fiebrigi* de Tucumán comparten un único haplotipo, el mismo que presentó un individuo de Santiago del Estero. Las distancias mínimas adicionales correspondieron a individuos de Formosa y Misiones (0.05% K2P), mientras los individuos de Bolivia, Brasil, Perú, Ecuador y Costa Rica presentaron divergencias de 1.7%, 1.6%, 1.3% y 1.6% K2P, respectivamente. El árbol filogenético confirmó la afinidad entre los individuos de Tucumán, Santiago del Estero, Formosa y Misiones, y la diferenciación marcada con los especímenes de Brasil, Perú, Ecuador y Costa Rica. Estos resultados sugieren patrones de dispersión y conectividad genética para *T. fiebrigi* de Tucumán hacia la llanura chaqueña y la probable existencia de barreras históricas que limitaron el flujo génico hacia el norte, resaltando la importancia de estudios genéticos locales para comprender la variabilidad de esta especie en Sudamérica.

Palabras clave: ANSA, COI, Meliponini, polinización, variabilidad genética.

BIOGEOGRAFÍA DE INTERACCIONES MUTUALISTAS ENTRE PLANTAS Y ANIMALES

BIOGEOGRAPHY OF MUTUALISTIC INTERACTIONS BETWEEN PLANTS AND ANIMALS

Norberto Pedro Giannini[1,2*]

[1] Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <norbertogiannini@csnat.unt.edu.ar>

[ORAL]

Plantas que producen flores y frutos consumidos por animales que dispersan gametos (polen) o propágulos (semillas) componen mutualismos fundamentales para la mayoría de las angiospermas y numerosos animales terrestres. Se cree que estos interactores evolucionan de forma difusa entre muchas especies, y que las interacciones pueden ser muy antiguas. Se propone aquí una forma de estudiar la historia biogeográfica de interacciones planta-animal, es decir, determinar en qué área geográfica y tiempo geológico se establecieron las interacciones mutualistas observadas en el presente, ejemplificado aquí con frugivoría en ensambles de especies de plantas y animales. Se parte de datos de dieta, determinando las plantas consumidas por cada frugívoro. Se ubican los interactores, planta y animal, en sus respectivas filogenias datadas, determinando la historia biogeográfica de cada uno, reconstruyendo sus áreas ancestrales con métodos geográficamente explícitos, que no usan áreas predefinidas sino distribuciones observadas. Paralelamente, se mapea la dieta en la filogenia de frugívoros, a fin de determinar la antigüedad de la interacción; se toma esta edad y la distribución geográfica inferida en ese ancestro animal, y se compara con la distribución geográfica inferida de las plantas ancestrales en el nodo o rama en esa edad. Si existe superposición geográfica, es decir intersección no vacía entre los conjuntos de celdas del frugívoro y de la planta ancestrales a esa edad geológica, queda establecido el tiempo y área ancestral de la interacción, es decir, su origen biogeográfico. Ello, verificando adicionalmente que la planta ancestral se reconstruya con el tipo de fruto adecuado (i.e., fruto carnoso, etc.). Si no se establece superposición geográfica en el tiempo geológico pasado, es indicación de que la interacción es más reciente y debe trazarse hacia edades más jóvenes hasta encontrar congruencia espaciotemporal. Eventualmente, la falta de esta congruencia implica caminos menos simples para iniciar la interacción que llega a observarse en el presente, necesitando postular interactores desconocidos o requiriendo saltos a interactores nuevos. Aquí la interacción se debe a ajuste ecológico (*ecological fittin)* en el cual los interactores no evolucionaron juntos, como es el caso de interacciones entre especies introducidas o invasivas.

Se discuten puntos contenciosos, un posible estadístico, y un método de perturbación para analizarlo.

➤ **Palabras clave:** Interacciones planta-animal, distribuciones explícitas, reconstrucción filogenética, superposición geográfica, congruencia geo-temporal.

TENDENCIAS MORFOLÓGICAS COMO "CARGAS" GEOGRÁFICAS

MORPHOLOGICAL TRENDS AS GEOGRAPHICAL "LOADS"

Norberto Pedro Giannini[1,2*]

[1] Unidad Ejecutora Lillo, CONICET-Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <norbertogiannini@csnat.unt.edu.ar>

[ORAL]

La variación morfológica de un linaje puede expresarse en un espacio multivariado donde las especies adquieren una posición (coordenada) a lo largo de ejes que representan variación en un espacio abstracto, por ejemplo mediante Análisis de Componentes Principales. Pero lo general que esa variación contiene (e.g., tendencias morfofuncionales, de tamaño, alometría) podría trasladarse al espacio geográfico real para analizar su expresión en él. Utilizando una grilla sobre el espacio geográfico donde habitan las especies estudiadas, se determina la presencia de especies en las celdas usando datos explícitos de distribución. Para cada celda, se "trasladan" las posiciones en ejes multivariados de interés (e.g., PC1 y 2) de las especies ocupantes y se determina la "carga" geográfica de la celda como la suma de las coordenadas descentradas en el eje de esas especies. Esta operación (traslado) va del espacio morfológico al geográfico. El patrón general de las tendencias morfológicas en el espacio geográfico puede relacionarse con la variación ambiental mediante modelos lineales espacialmente explícitos. Pero la suma simple de esta "carga" puede ponderarse con pesos para celda y para especie. El peso de celdas puede tomar varias formas, una de ellas es la de distancias patrísticas entre las especies que ocurren en la celda, ya para evidenciar, o para remover, el efecto de estas relaciones filogenéticas. Por su parte, el peso de especies puede modificar la contribución a la celda de la coordenada de la especie por cualquier factor propio de ella o de su población (biomasa, abundancia, etc.). Si la variación se observa en un plano multivariado, o en un subespacio multidimensional, la suma de las distancias morfológicas entre las especies que se hallan en una celda geográfica representa una medida de disparidad morfológica expresada en esa celda; más general, esta medida es la disparidad morfológica trasladada al espacio geográfico.

Palabras clave: Morfoespacio, análisis de componentes principales, mapeo, modelos lineales, disparidad.

ESTADO DEL CONOCIMIENTO DE LA FAUNA EN TURBERAS DE *SPHAGNUM* (BRYOPHYTA: SPHAGNACEAE): DIVERSIDAD, ECOLOGÍA Y DESAFÍOS EN CHILE

STATE OF KNOWLEDGE OF THE FAUNA IN *SPHAGNUM* BOGS (BRYOPHYTA: SPHAGNACEAE): DIVERSITY, ECOLOGY AND CHALLENGES IN CHILE

Nelson Herrera-Rodríguez[1,2*], Patricia Arancibia-Ávila[1,2], Nicolás Reyes-Quinteros[2]

[1] Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile.
[2] Laboratorio de Ecofisiología y Microalgas, Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile.
[*] <nelson.herrera2401@alumnos.ubiobio.cl>

[POSTER]

Las turberas son ecosistemas estratégicos que almacenan cerca de un tercio del carbono del suelo mundial, con un rol esencial en la regulación climática y la conservación de la biodiversidad. Se plantea que la fauna asociada a las turberas dominadas por *Sphagnum* en las macrozonas sur y austral está subestimada debido a la limitada cantidad de estudios dedicados a su identificación y descripción. Esta revisión analiza el estado del conocimiento de la fauna asociada a turberas esfagnosas, a través de una búsqueda bibliográfica sistemática en *Web of Science*. Se emplearon palabras tales como *peatland*, *turberas de Sphagnum*, *fauna*, *ecology*, *Chile* y *taxonomy of animals*, y se consideraron publicaciones pertinentes a Chile y Argentina. Los resultados evidencian una significativa falta de estudios de la fauna asociada a estos ecosistemas en el hemisferio sur con respecto a los estudios realizados en el hemisferio norte. Este vacío limita nuestra capacidad para comprender los roles funcionales de estas especies, así como su evolución, que incluyen invertebrados de antiguo linaje. Se sugiere investigaciones zoológicas exhaustivas que aborden la taxonomía, sistemática, ecología funcional y distribución de la fauna asociada a turberas, especialmente en regiones con estudios poco representativos de las macrozonas sur y austral de Chile.

Palabras clave: Taxonomía, invertebrados de antiguo linaje, ecología.

LA SELECCIÓN ACTUANDO SOBRE UNA ÚNICA REGIÓN GENÓMICA PROMUEVE LA DIFERENCIACIÓN EN EL PLUMAJE DEL CHINGOLO (*ZONOTRICHIA CAPENSIS*) (PASSERIFORMES: PASSERELLIDAE)

SELECTION ACTING ON A SINGLE GENOMIC REGION PROMOTES PLUMAGE DIFFERENTIATION IN THE CAPERCAILLIE (*ZONOTRICHIA CAPENSIS*) (PASSERIFORMES: PASSERELLIDAE)

Pablo D. Lavinia[1,2*], Leonardo Campagna[3,4], Martín Carboni[5], Ana S. Barreira[5], Stephen C. Lougheed[6], Pablo L. Tubaro[5], Darío A. Lijtmaer[5]

[1] Universidad Nacional de Río Negro. Laboratorio de Investigación y Conservación de la Biodiversidad (UNRN–InCoBIO). Sede Atlántica, Viedma, Río Negro, Argentina.
[2] Universidad Nacional de Río Negro. CIT Río Negro (UNRN–CONICET). Sede Atlántica, Viedma, Río Negro, Argentina.
[3] Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, Cornell University. Ithaca, New York, United States of America.
[4] Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University. Ithaca, New York, United States of America.
[5] División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia". Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[6] Department of Biology, Queen's University. Kingston, Ontario, Canada.
* <pablo.lavinia@conicet.gov.ar>

[ORAL]

El chingolo (*Zonotrichia capensis*) posee variación fenotípica a lo largo de su distribución. En particular, la subespecie patagónica *Z. c. australis* es notoriamente diferente de todas las otras subespecies por carecer de las características franjas negras de la corona que distinguen a la especie, evidenciando una cabeza gris uniforme y un plumaje más pálido en general. En este estudio secuenciamos los genomas completos de 18 ejemplares (nueve *Z. c. australis* y nueve representantes de otras subespecies del norte de Argentina) para explorar las bases genómicas de estas diferencias en la coloración e investigar cómo podrían haber evolucionado. Detectamos un único pico de divergencia de ~465 mil pares de bases en el cromosoma 5 que contrastó con un fondo de baja diferenciación genómica global entre los dos fenotipos. Esta región de alta divergencia contiene al gen ST5, el cual regula RAB9A, un gen necesario para la biogénesis de los melanosomas y la producción de pigmentación melánica en mamíferos. Esto convierte a ST5 en un gen candidato para explicar el polimorfismo del plumaje melánico dentro de *Z. capensis*. Esta isla de diferenciación genómica habría surgido como resultado de la selección actuando en poblaciones aisladas o en contra del flujo génico en poblaciones en contacto.

El ADN mitocondrial indicó que *Z. c. australis* divergió de las otras subespecies hace aproximadamente 400 mil años, sugiriendo un posible rol de las glaciaciones del Pleistoceno. Por último, las diferencias fenotípicas son consistentes con la regla de Gloger, la cual predice ejemplares con colores más claros en regiones con climas fríos y secos como los de la Patagonia.

➤ **Palabras clave:** Ciclos glaciales, coloración, DENND2B/ST5, regla de Gloger, subespecies.

➤ VISITORS WITHOUT PASSPORTS: A SYNTHESIS OF INVASION ROUTES AND PHYLOGEOGRAPHIC PATTERNS IN THE ASIAN TIGER MOSQUITO FROM SINGLE-LOCUS-LEVEL GENETIC ANALYSIS

VISITANTES SIN PASAPORTE: UNA SÍNTESIS DE LAS RUTAS DE INVASIÓN Y PATRONES FILOGEOGRÁFICOS DEL MOSQUITO TIGRE ASIÁTICO A PARTIR DE UN ANÁLISIS GENÉTICO A NIVEL DE LOCUS ÚNICO

Juan Camilo Londoño-Sanchez[1], Carol Estefani Florez-Estrada[1], Bryan Steven Valencia-Marin[1,3], Oscar Alexander Aguirre-Obando[1,2*]

[1] Escuela de investigación en Biomatemática, Universidad del Quindío. Armenia, Quindío, Colombia.
[2] Programa de Biología, Universidad del Quindío. Armenia, Quindío, Colombia.
[3] Laboratorio de Fisiologia e Morfologia de Culicidae e Chironomidae, Universidad Federal de Paraná, Brasil.
* <oscaraguirre@uniquindio.edu.co>

[ORAL]

El mosquito *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae), un vector de arbovirus relevantes en la medicina y la veterinaria, ha alcanzado una expansión global notable en las últimas cinco décadas. Este estudio examina su filogeografía, rutas de invasión e historia demográfica, desde su área nativa en Asia hacia Oceanía, Europa, América y África. Se recopilaron datos genéticos con patrones de distribución similares a la especie, analizando los genes mitocondriales *COI* (n=3896), *ND5* (n=597) y el mitogenoma (n=79). Los resultados muestran una mayor diversidad genética en su zona nativa y flujo genético entre las áreas invadidas. Todos los marcadores indican que la invasión ocurrió bajo el comportamiento de una población panmíctica, caracterizada por el apareamiento aleatorio y un alto flujo genético. Los análisis demográficos confirman que Asia es el área ancestral y revelan eventos de introducción en Europa, América y África. Este modelo de invasión, combinado con la estructura panmíctica, subraya el impacto de las actividades humanas, como el comercio global, en el flujo genético del mosquito, destacando la relación entre el aumento del comercio internacional y la propagación de especies de importancia médica y veterinaria.

➤ **Palabras clave:** *Aedes albopictus*, comercio marítimo, flujo genético, genética de poblaciones, historia demográfica.

➤ HUELLAS GENÉTICAS DE *COLOBANTHUS QUITENSIS* (CARYOPHYLLALES: CARYOPHYLLACEAE): UNA PLANTA EXTREMA EN MÉXICO, SUDAMÉRICA Y LA ANTÁRTIDA

GENETIC FINGERPRINTS OF *COLOBANTHUS QUITENSIS* (CARYOPHYLLALES: CARYOPHYLLACEAE): AN EXTREME PLANT IN MEXICO, SOUTH AMERICA AND ANTARCTICA

Monserrat Lozada Mellado[1,2]*, Victor W. Steinmann[2], Etelvina Gándara[1]

[1] Laboratorio de Diversidad y Evolución Fúngica y Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

[2] Instituto de Ecología, A.C., Centro Regional del Bajío, Michoacán, México.

* <monse11mlm@gmail.com>

[POSTER]

Colobanthus quitensis es una especie preferente de hábitats húmedos y fríos en una altitud desde el nivel de mar hasta los 4200 msnm. Es una de las dos especies de angiospermas nativas de la Antártida; se distribuye en Sudamérica, la Antártida y se ha registrado en tres volcanes del centro de México. Este estudio analiza la dinámica genética de dos poblaciones mexicanas presentes en la vegetación de las zonas alpinas, mediante el uso de marcadores moleculares del cloroplasto (*rpl32-trnL*) y del núcleo (ITS), comparándolas con poblaciones de Sudamérica y la Antártida (separadas por un mínimo de 3000 km aprox.) previamente estudiadas. Los análisis filogenéticos y de demografía histórica como AMOVA y pruebas de neutralidad revelaron bajos niveles de diversidad genética en México, con haplotipos únicos en cada población, lo que indica un aislamiento significativo. Este patrón podría explicarse por el flujo genético limitado, la reciente orogenia de los volcanes de la Faja Volcánica Transmexicana y/o una reciente colonización. Se sugiere que la colonización de los volcanes mexicanos ocurrió por dispersión a larga distancia desde los Altos Andes, ya que los haplotipos mexicanos están estrechamente relacionados con los de esa región. Este estudio aporta información clave acerca de las conexiones entre Sudamérica y Norteamérica para la especie vegetal y subraya a los ecosistemas alpinos como reservorios de información evolutiva.

➤ **Palabras clave:** Diversidad genética, estructura genética, Faja Volcánica Transmexicana, Perla Antártica.

EVOLUCIÓN Y BIOGEOGRAFÍA DE LOS BOSQUES SECOS SUDAMERICANOS: UN ESTUDIO CON AVES DE ÁREAS ABIERTAS

EVOLUTION AND BIOGEOGRAPHY OF SOUTH AMERICAN DRY FORESTS: A STUDY WITH OPEN-AREA BIRDS

Martínez-Gómez, Silvia C.[1*], Luciano N. Naka[2], Santiago Claramunt[3], Martín Carbon[4], Layse Albuquerque da Silva[5], Gustavo S. Cabanne[1]

[1] División de Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"-MACN, Buenos Aires, Argentina.
[2] Laboratorio de Ecología y Evolución de Aves, Departamento de Zoologia, Universidade Federal do Pernambuco, Recife, Brasil.
[3] Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Toronto, Toronto, Ontario, Canadá.
[4] Instituto de Investigaciones Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata (CONICET-UNMdP), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
[5] Escola de Ciências da Saúde e da Vida, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul -PUCRS, Porto Alegre, Brazil.
* <scmartinezgo@gmail.com>

[ORAL]

Los bosques secos y sabanas tropicales y subtropicales de Sudamérica se distribuyen en grandes biomas como la Caatinga, el Cerrado y el Chaco, otras regiones menos extensas como los valles secos interandinos, el Caribe, e incluso se relacionan con algunos ambientes dentro de la selva Amazónica (sabanas y matorrales en islas fluviales). Aunque actualmente estas áreas están aisladas y son biológicamente distintas, el hecho de que compartan linajes y especies – p. ej., entre el Cerrado, los bosques caribeños y sabanas amazónicas – sugiere una historia común, no del todo esclarecida. Entre diversas hipótesis sobre la evolución de estos ecosistemas, destaca el Arco Pleistocénico, que propone que los biomas secos se expandieron y conectaron durante máximos glaciares del Pleistoceno, lo que predice divergencias recientes y baja estructuración genética. Una propuesta alternativa plantea conexiones y divergencias más antiguas, prediciendo una alta estructuración entre regiones y diversificación previa al Pleistoceno. Nuestro objetivo fue poner a prueba estas hipótesis sobre la evolución e interacción entre los bosques secos y sabanas sudamericanas mediante un enfoque filogenómico y fenotípico con las aves calandritas (género *Stigmatura*), y a su vez evaluar la existencia de linajes evolutivos independientes en el grupo. Analizamos secuencias genómicas de Elementos Ultra Conservados (UCEs, 43 muestras, 4090 loci totales), siete caracteres morfométricos (126 individuos) y seis caracteres de coloración (126 individuos) de todas las especies (2 a 4, según la referencia) y sus subespecies.

Nuestros resultados muestran una marcada estructura genética entre cinco linajes de calandritas y respaldan una ruta ancestral de conexión entre el Chaco, la Caatinga y matorrales fluviales amazónicos a través del bajo río Amazonas, además de evidencia de contacto secundario entre la cuenca alta del Amazonas y la del río Paraná. Aunque los datos morfométricos y de coloración permiten reconocer diferentes linajes, no reflejan niveles de divergencia congruentes con la estructura genética, sugiriendo la influencia de factores ambientales sobre el fenotipo. En conjunto, los resultados sugieren que la divergencia entre ecosistemas no fue reciente y, en contraste con la taxonomía actual, apoyan la existencia de cinco linajes independientes (especies) en *Stigmatura*, en lugar de entre dos y cuatro como propone la literatura.

➤ **Palabras clave:** Filogenómica, Stigmatura, coloración, morfometría, Amazonia.

FILOGENIA DEL GÉNERO *HISTIOTUS* (CHIROPTERA: VESPERTILLIONIDAE) Y VARIABILIDAD GENÉTICA DE LAS ESPECIES ARGENTINAS BASADAS EN EL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO B

PHYLOGENY OF THE GENUS *HISTIOTUS* (CHIROPTERA: VESPERTILLIONIDAE) AND GENETIC VARIABILITY OF THE ARGENTINE SPECIES BASED ON THE MITOCHONDRIAL GENE CYTOCHROME B

Ingrith Y. Mejía-Fontecha[1*], Agustin Debole[1], Mariano S. Sánchez[2], Marcelo Gamboa[3,4], Maria Victoria Vadell [3], Isabel Gómez Villafañe[4], Antonella Argoitia[5], Analia Gimenez[6], Francisca C. Almeida[1,4]

[1] Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.
[2] Instituto de Biología Subtropical, Nodo Posadas, CONICET, Misiones, Argentina.
[3] Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMeT)- ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", CONICET. Puerto Iguazú, Misiones, Argentina.
[4] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires, Argentina.
[5] Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia (MACN), Buenos Aires, Argentina.
[6] Centro de Investigación Esquel de Montaña y Estepa Patagónica (CIEMEP, CONICET-UNPSJB).
* <mejia.fontecha@gmail.com>

[POSTER]

Los murciélagos del género *Histiotus* tienen una amplia distribución en Sudamérica. Para Argentina se listan cinco especies que ocupan una gran variedad de ambientes. Aunque el conocimiento sobre el género haya avanzado en las últimas décadas, aún existen vacíos de conocimiento debido a la similitud morfológica entre algunas de las especies, escasez de muestreo en gran parte de su distribución y baja representatividad en análisis filogenéticos. El objetivo de este trabajo es aportar información sobre la diversidad genética y relaciones filogenéticas de las especies de *Histiotus* que habitan en Argentina. Para ello realizamos la amplificación y la secuenciación del gen mitocondrial citocromo b, en 11 individuos identificados morfológicamente como *H. laephotis*, *H. velatus*, *H. macrotus*, *H. magellanicus*, *H. montanus* e *H. sp.*, provenientes de cuatro provincias del país. El conjunto de datos obtenidos fue complementado con secuencias disponibles en GenBank, para análisis filogenéticos, de variabilidad genética y construcción de redes de haplotipos. Nuestros resultados revelan una baja diversidad genética intraespecífica y posible expansión poblacional. Las especies presentes en Argentina pertenecen a al menos tres clados diferentes. Uno de estos clados corresponde a individuos identificados como *H. magellanicus* e incluye individuos de Chile y Argentina provincias de Chubut y Tierra del Fuego. Los otros dos clados se encuentran agrupados con las demás especies neotropicales de *Histiotus* (excepto *H. colombiae*). Un individuo de Tucumán identificado morfológicamente como *H. laephotis* fue agrupado en un clado junto a muestras de H. macrotus y H. velatus.

Además, se destaca un clado agrupando un individuo de *Histiotus* sp. de Catamarca, *H.* aff. *velatus* de Misiones y un individuo de Paraguay; y otro clado con individuos de Chile y Argentina que podrían corresponder a *H. macrotus* o *H. montanus*. Nuestros resultados proporcionan la filogenia de mayor cobertura geográfica de Argentina poniendo en evidencia el escaso conocimiento y problemas taxonómicos del género *Histiotus* en el cono sur Sudamericano; además, esto evidencia la necesidad de aumentar los esfuerzos de muestreo en áreas no estudiadas abordando aspectos taxonómicos y filogenéticos con una perspectiva integrativa.

➤ **Palabras clave:** Insectívoros, sistemática, Sudamérica, Cono Sur, diversidad genética.

NI EL MONO NOCTURNO ANDINO ES COMPLETAMENTE ANDINO, NI EL MONO NOCTURNO CARIBEÑO ES COMPLETAMENTE CARIBEÑO: FILOGEOGRAFÍA DE LOS MONOS NOCTURNOS (*AOTUS*) DEL NORTE EN COLOMBIA

NEITHER THE ANDEAN NIGHT MONKEY IS COMPLETELY ANDEAN, NOR THE CARIBBEAN NIGHT MONKEY IS COMPLETELY CARIBBEAN: PHYLOGEOGRAPHY OF NORTHERN NIGHT MONKEYS (*AOTUS*) IN COLOMBIA

Sebastián O. Montilla[1,2,*], Héctor E. Ramírez-Chaves[3,4], Anthony Di Fiore[5], Andrés Link[1,2]

[1] Laboratorio de Ecología de Bosques Tropicales y Primatología (LEBTYP), Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes. Bogotá, Colombia.
[2] Fundación Proyecto Primates. Bogotá D.C., Colombia.
[3] Natural History Laboratory, Integrative Zoological Biodiversity Discovery, Centro de Museo, Museo de Historia Natural, Universidad de Caldas. Manizales, Caldas, Colombia.
[4] Grupo de Investigación en Genética, Biodiversidad y Manejo de Ecosistemas (GEBIOME), Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas. Manizales, Caldas, Colombia.
[5] Primate Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Anthropology, The University of Texas at Austin. Austin, Texas, Estados Unidos.
* <juansomontilla94@gmail.com>

[POSTER]

Las relaciones evolutivas y la distribución de los monos nocturnos (*Aotus*) carecen de consenso, aunque se cuenta con hipótesis basadas en diferente tipo de evidencia. Los monos nocturnos del norte de Sudamérica se distribuyen en una región con fuertes barreras geográficas, donde los límites de distribución se han establecido arbitrariamente por la altitud. Así, se ha propuesto que el mono nocturno andino (*Aotus lemurinus*) habita los Andes en elevaciones superiores a los 1000 m, donde presenta una distribución alopátrica respecto a otras especies transandinas, las cuales habitan zonas bajas. Con el objetivo de describir las relaciones filogeográficas de los monos nocturnos, se colectaron muestras de individuos de 93 localidades al norte de Suramérica. A partir de estas muestras se extrajo ADN y se secuenciaron tres marcadores mitocondriales (D-loop, COI y 16S). Con las secuencias obtenidas se construyeron redes de haplotipos y se realizó una reconstrucción filogenética. Los análisis establecen una división entre las secuencias cisandinas asignadas a dos especies (*A. brumbacki* y *A. vociferans*) y las transandinas asignadas a tres (*A. lemurinus*, *A. griseimembra* y *A.* zonalis). Los tres genes agrupan en clados diferentes a las secuencias transandinas del oriente y occidente del río Magdalena, en su porción alta y media. Sin embargo, secuencias del oriente del río Magdalena en su parte baja se encuentran relacionadas con las del occidente.

La división de las especies interandinas *A. lemurinus* y *A. griseimembra* en clados diferentes separados por el río Magdalena cuestiona las hipótesis actuales de distribución basada en altitud.

➤ **Palabras clave:** Río Magdalena, mitocondrial, Trasandino, Cisandino.

DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE ROEDORES ANDINOS: PATRONES LATITUDINALES Y ALTITUDINALES

PHYLOGENETIC DIVERSITY OF ANDEAN RODENTS: LATITUDINAL AND ALTITUDINAL PATTERNS

Novillo Agustina[1*], Vicenzi Nadia[2], Ramiro Ovejero[1], Luciana Cristobal[1], Ojeda Ricardo[2]

[1] Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Tucumán, Argentina.
[2] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), Mendoza, Argentina.
* <agusnov7@gmail.com>

[POSTER]

Comprender cómo se distribuye la diversidad filogenética a lo largo de gradientes ambientales es clave para revelar los procesos eco-evolutivos que estructuran la biodiversidad. Según la hipótesis de conservadurismo de nicho, las especies tienden a conservar sus rasgos ecológicos a lo largo del tiempo, lo que implica que especies emparentadas ocupan nichos similares. Esta hipótesis permite inferir el rol de filtros ambientales y competencia en la estructuración de ensambles. En ambientes extremos, como altas elevaciones o latitudes australes, predominan los filtros ambientales, lo que genera agrupamiento filogenético. En cambio, en ambientes más estables y diversos, como los trópicos o altitudes medias, la competencia favorece una mayor dispersión. Este estudio analiza los patrones latitudinales y altitudinales de diversidad filogenética en comunidades de roedores a lo largo de los Andes (10°N-55°S). Se utilizaron rangos geográficos de 432 especies (13 familias) obtenidos de la *Mammal Diversity Database*. Se evaluaron dos métricas filogenéticas: Diversidad Filogenética (PD) y Distancia Media Pareada (MPD), usando una filogenia calibrada (*Time Tree of Life*). A partir de tamaños de efecto estandarizados (SES-PD y SES-MPD), se evaluó si las comunidades presentan agrupamiento o dispersión respecto de expectativas aleatorias, y cómo varían con la latitud y altitud. Los análisis se realizaron en R (paquetes *ape* y *picante*). Nuestros resultados muestran que la PD alcanza valores más altos en latitudes tropicales (10°-20°S), disminuyendo hacia el sur. La MPD disminuye con la latitud hasta los 40° y luego registra un aumento hasta los 55°. Los patrones altitudinales son igualmente reveladores: la PD muestra un pico entre 2000-3000 m s.n.m., antes de disminuir en elevaciones mayores, mientras que la MPD aumenta con la altitud. Esta relación sugiere que los filtros ambientales son más estrictos a mayor elevación, seleccionando especies con características similares y, por consiguiente, filogenéticamente cercanas. Los análisis de SES-PD y SES-MPD confirman estas tendencias, mostrando agrupamiento filogenético en ambientes extremos (altas latitudes y altitudes) y dispersión en zonas tropicales.

Estos hallazgos apoyan la hipótesis de conservación del nicho tropical y destacan cómo los gradientes andinos actúan como laboratorios naturales para estudiar los procesos que moldean la biodiversidad. La transición gradual entre ensambles agrupados y dispersos a lo largo de estos gradientes subraya la importancia de considerar tanto factores históricos como ecológicos para entender los patrones de diversidad en regiones montañosas.

➤ **Palabras clave:** Diversidad filogenética, Andes, roedores, conservación de nicho, biogeografía, SES-PD, SES-MPD.

GENÓMICA DE HORMIGAS PATAGÓNICAS REVELA LA EXISTENCIA DE NUEVAS ESPECIES CONECTADAS POR HIBRIDACIÓN RECIENTE E HISTÓRICA

GENOMICS OF PATAGONIAN ANTS REVEALS THE EXISTENCE OF NEW SPECIES CONNECTED BY RECENT AND HISTORICAL HYBRIDIZATION

Melisa Olave[1,2,3*], Pablo Pessacq[4,5], Jérémy Gauthier[6], Julia Bilat[7], Fabiana Cuezzo[8], Danielle Anjos-Santos[4,5], Marcelo Gómez Pereda[4], Mariana Morando[9,5], Luciano J. Avila[9], Nadir Alvarez[6]

[1] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, CONICET, Mendoza, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[3] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Reino Unido.
[4] Centro de Investigación Esquel de Montaña y Estepa Patagónica (CIEMEP, UNPSJB, CONICET), Esquel, Chubut, Argentina.
[5] Universidad Nacional de la Patagonia "San Juan Bosco", Chubut, Argentina.
[6] Natureum, Museo Estatal de Ciencias Naturales del Cantón de Vaud, Lausana, Suiza.
[7] Museo de Historia Natural de Ginebra, Ginebra, Suiza.
[8] Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán. San Miguel de Tucumán. Argentina.
[9] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, CONICET, Puerto Madryn, Argentina.
* <molave@mendoza-conicet.gob.ar>

[ORAL]

Las hormigas se encuentran entre los insectos eusociales más exitosos. Actualmente existen 14.329 especies descriptas en todo el mundo, distribuidas en prácticamente todos los ecosistemas terrestres, cumpliendo una gran variedad de funciones ecológicas fundamentales. Dominan la biomasa en distintos biomas y ejercen una influencia significativa sobre la dinámica de los ecosistemas mediante actividades como la depredación, la dispersión de semillas y la bioturbación, además de ser especies invasoras ampliamente distribuidas a nivel global. A pesar de su importancia, los estudios genéticos en hormigas, especialmente en regiones poco exploradas como la Patagonia, siguen siendo escasos o inexistentes. Las hormigas del género *Dorymyrmex* (Formicidae: Dolichoderinae), con 87 especies descriptas, son comunes en ambientes áridos y semiáridos de América, incluida la Patagonia. Este estudio presenta el primer estudio enfocado en datos genómicos para hormigas patagónicas, con un muestreo amplio que abarca 450.000 km^2. Combinando inferencias filogenómicas, delimitación de especies y análisis genómicos poblacionales, nuestros resultados revelan una parafilia previamente desconocida entre especies de *Dorymyrmex* e identifican al menos cinco especies nuevas. Los hallazgos destacan eventos de hibridación tanto recientes como históricos, y aportan información clave sobre las dinámicas de diversificación influenciadas por la historia geológica y climática única de la Patagonia.

Esta investigación subraya la necesidad de más estudios genómicos para comprender los complejos procesos evolutivos, especialmente en regiones poco estudiadas.

➤ **Palabras clave:** Fomicidae, filogeografía, filogenómica, delimitación de especies, flujo génico.

DIVERSIFICAÇÃO E BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA DE *DOLICHOTHELE* (ARANEAE: THERAPHOSIDAE), UM GÊNERO DE CARANGUEJEIRAS NEOTROPICAIS

DIVERSIFICACIÓN Y BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA DE *DOLICHOTHELE* (ARANEAE: THERAPHOSIDAE), UN GÉNERO DE TARÁNTULAS NEOTROPICALES

Lucas Oliveira Mello*[1], Millke Jasmine Arminini Morales[2], Wendy Yohana Arroyo-Pérez[3], José Paulo Leite Guadanucci[2], Rafael Lima-Vergílio[1], Vera Nisaka Solferini[1]

[1] Universidade Estadual de Campinas, Laboratório de Diversidade Genética, Campinas, São Paulo, Brazil.
[2] Universidade Estadual Paulista, Departamento de Biodiversidade, Rio Claro São Paulo, Brazil.
[3] Universidad de Sucre, Grupo de Investigación en Zoologia y Ecologia, Sincelejo, Departamento de Sucre, Colombia.
* <lucasmellounicamp@gmail.com>

[POSTER]

A região Neotropical é a mais biodiversa do mundo, e diversas hipóteses foram propostas para explicar esse padrão. Entre elas, destacam-se as hipóteses de refúgios climáticos durante o Pleistoceno e mudanças geomorfológicas durante o Mioceno, como a reorganização do Planalto Central Brasileiro. O gênero de caranguejeiras *Dolichothele* Mello-Leitão 1923 compreende nove espécies que ocorrem em domínios abertos e florestas úmidas da América do Sul. Compreender as relações entre essas espécies permitiria testar hipóteses biogeográficas relacionadas à região Neotropical. Para contribuir com a compreensão da evolução de linhagens sul-americanas, utilizamos dados genômicos (GBS) para propor novas hipóteses filogenéticas para o gênero, delimitar espécies por meio de análises demográficas e de estruturação genética, e explorar sua história biogeográfica por meio de reconstrução de área ancestral. Foram propostas duas novas hipóteses filogenéticas bem suportadas e duas novas espécies, uma da Chapada dos Veadeiros e outra do norte da Mata Atlântica. O gênero se originou em um ambiente de Cerrado + Caatinga, com dois períodos principais de rápida diversificação: um no Mioceno Inferior (~19 Ma), relacionado à divisão das principais linhagens em diferentes domínios (Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica), e outro no Mioceno Médio (~9 Ma), relacionado à diversificação dentro das linhagens, possivelmente influenciada por reconfigurações do Planalto Central Brasileiro e por barreiras geológicas na Mata Atlântica. Este estudo destaca a importância do uso de dados genômicos na pesquisa com caranguejeiras e a necessidade de estudos de diversificação com espécies não-modelo, levantando novas questões sobre a diversificação das caranguejeiras Neotropicais.

Palavras-chave: Aranhas, delimitação de espécies, filogenômica, GBS, sistemática.

BARRERAS AL FLUJO GÉNICO Y DIFERENCIACIÓN GENÓMICA EN ESPECIES CRÍPTICAS DEL GÉNERO *OLIGORYZOMYS* (RODENTIA, CRICTEDIAE)

BARRIERS TO GENE FLOW AND GENOMIC DIFFERENTIATION IN CRYPTIC SPECIES OF THE GENUS *OLIGORYZOMYS* (RODENTIA, CRICTEDIAE)

Natalia Ortiz, Marina B. Chiappero, Raul E. González Ittig*

Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA), CONICET-UNC, Córdoba, Argentina.
* <raul.gonzalezittig@unc.edu.ar>

[POSTER]

Los complejos de especies crípticas representan escenarios ideales para explorar la influencia de factores ambientales en la estructura genética y los procesos de especiación. El complejo *Oligoryzomys flavescens*, incluye varias formas morfológica y genéticamente similares, entre ellas *O. flavescens* sensu stricto, *O. fornesi* y *O. occidentalis*. En este trabajo, exploramos patrones de divergencia genómica entre estas especies a partir de datos de RAD-seq obtenidos en zonas de simpatría y alopatría. Se realizó un ensamblado de novo y se identificaron variantes tipo SNP con Stacks. Los análisis de estructura genética (PCA, UPGMA, F_{ST}) mostraron baja diferenciación entre *O. flavescens* y *O. fornesi* ($F_{ST} \approx 0{,}013$), mientras que *O. occidentalis* presentó mayor diferenciación genética ($F_{ST} > 0{,}35$ respecto a las otras especies). Además, el análisis de loci sujetos a selección, detectados con OutFLANK y BayeScan, detectaron 10 SNPs como "outliers". El análisis de redundancia (RDA) identificó una asociación entre variantes genéticas y variables ambientales como la elevación y la estacionalidad térmica. Estos factores explicaron una proporción significativa de la variación genética, junto con la distancia geográfica y la presencia de zonas de simpatría. Los resultados sugieren una historia evolutiva de aislamiento con flujo génico restringido, principalmente en zonas de simpatría, particularmente entre *O. flavescens* y *O. fornesi*. La mayor diferenciación de *O. occidentalis*, junto con los patrones ambientales detectados, apuntan a la existencia de barreras al intercambio genético posiblemente asociadas a gradientes ecológicos. Este sistema representa un modelo valioso para el estudio de la especiación incipiente en roedores sudamericanos.

Palabras clave: RAD-seq, especiación, roedores sudamericanos, ecología evolutiva.

CLIMA, GEOGRAFÍA Y SUPERVIVENCIA: LA HISTORIA BIOGEOGRÁFICA DE LAS ARAÑAS *PHILISCA* (ARANEAE: ANYPHAENIDAE) EN PATAGONIA

CLIMATE, GEOGRAPHY AND SURVIVAL: THE BIOGEOGRAPHIC HISTORY OF *PHILISCA* SPIDERS (ARANEAE: ANYPHAENIDAE) IN PATAGONIA

María P. Pacheco[1,2*], Nicolás Lois[1,2], Santiago Velazco[3,4], Santiago Ceballos[5], Luis Piacentini[6], Martín Ramírez[1,6], Sara Ceccarelli[7], Eduardo M. Soto[1,2]

[1] Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina.
[2] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (UBA–CONICET), CABA, Argentina.
[3] Department of Geography, San Diego State University (SDSU), California, USA.
[4] Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), Misiones, Argentina.
[5] Centro Austral de Investigaciones Científicas del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Tierra del Fuego, Argentina.
[6] División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Dr. Bernardino Rivadavia" (CONICET), CABA, Argentina.
[7] Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Tijuana, Baja California, México.
* <piapacheco262@gmail.com>

[ORAL]

Los ciclos glaciares del Pleistoceno modificaron drásticamente la geografía y biodiversidad de la Patagonia. Aunque se han identificado refugios glaciares para vertebrados y plantas vasculares en esta región, su papel en la persistencia de invertebrados sigue poco explorado. En particular, las arañas del género *Philisca*, con su capacidad de dispersión por aire (*ballooning*) y una distribución restringida al bosque Valdiviano, representan un modelo ideal para estudiar estos procesos en artrópodos endémicos. Este estudio integra modelado de distribución de especies y genómica para: (1) reconstruir los rangos paleogeográficos de *P. atrata* y *P. accentifera* durante el UMG y UIG, y (2) evaluar señales genómicas de aislamiento en refugios glaciares. Registros de ocurrencia (colecciones museológicas y muestreos) se combinaron con variables climáticas (CHELSA 2.0) para modelar distribuciones actuales mediante el ensamble de diferentes algoritmos. Dichos modelos fueron proyectados a capas ambientales de los períodos en análisis (PaleoClim). Para el análisis genómico, se extrajo ADN de individuos colectados y de material de la colección de tejidos ultraconservados del Museo Argentino de Ciencias Naturales "Dr. Bernardino Rivadavia". Se construyeron dos bibliotecas genómicas mediante RAD-Seq, las cuales fueron secuenciadas utilizando la plataforma Illumina NovaSeq X. Los modelos mostraron que las distribuciones de las especies de *Philisca* durante el UIG fueron similares a sus distribuciones actuales, aunque ligeramente más amplias.

A su vez, se observaron contracciones severas durante el UMG, con áreas de alta idoneidad coincidentes con refugios glaciares previamente identificados. Los análisis genéticos evidenciaron patrones diferenciados entre las especies estudiadas, con variabilidad en la estructura poblacional que reflejaría respuestas contrastantes a los procesos históricos de aislamiento. Los refugios glaciares no solo sustentaron la supervivencia de estas especies de *Philisca* sino que moldearon su diversificación genómica. La resiliencia de estas arañas resalta el rol del bosque Valdiviano como corredor biogeográfico durante estos eventos de cambio climático, con implicancias para la conservación de invertebrados patagónicos ante el cambio global.

➤ **Palabras clave:** Modelado de distribuciones, genómica, refugios climáticos.

UNRAVELING EARLY DIVERGENCE IN THE *LIOLAEMUS FITZINGERII* GROUP (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE) ACROSS OVERLAPPING GENOMIC CLINES

DESCIFRANDO LA DIVERGENCIA TEMPRANA EN EL GRUPO *LIOLAEMUS FITZINGERII* (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE) A LO LARGO DE CLINAS GENÓMICAS SUPERPUESTAS

Mónica I. Páez-Vacas[1*], Kevin I. Sánchez[1], Luciano J. Avila[1], Melisa Olave[3,4,5], Mariana Morando[1,2]

[1] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IPEEC-CONICET), Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[2] Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Puerto Madryn, Argentina.
[3] Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Mendoza, Argentina.
[4] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[5] Tree of Life Programme, Wellcome Sanger Institute, Reino Unido.
* <monicapaezv@gmail.com>

[ORAL]

Understanding the ecological and evolutionary mechanisms driving early divergence remains a relatively unexplored frontier, particularly in the southern regions of South America. Hybridization, now recognized as a widespread phenomenon across many taxa, offers a powerful lens through which to examine diversification processes, especially when replicated hybrid zones serve as “natural experiments” across the landscape. In this study, we investigate how hybridization influences phenotypic and genomic diversification within the *Liolaemus fitzingerii* group, a lizard lineage distributed across two overlapping hybrid zones: North–Central and Central–South across the ecotonal transition between the Patagonian Steppe and the Monte Desert in Argentina. We apply an integrative approach combining population genomics using ddRAD, phenotype–genotype–environment modeling, and landscape genetic tools to explore repeated genomic clines and their ecological correlates. Genomic analyses reveal three main genetic clusters (North, Central, and South) with negligible differentiation among northern populations and increasing divergence with a clinal pattern along both hybrid zones and towards the South. Incorporating outlier loci identified by PCAdapt reduced inter-population separation in multivariate space, suggesting selection on shared genetic variants. Analyses using *gghybrid* confirmed clinal genomic variation, with southern populations showing greater differentiation and outlier loci exhibiting distinctive patterns of variation that will require further exploration. We also identified temperature seasonality as the primary environmental factor associated with genomic variation (isolation-by-environment, IBE hypotheses), followed by geographic distance (isolation-by-distance, IBD hypothesis).

Preliminary phenotypic data indicate relatively uniform body size across most populations, although hybrids from the Central–South cline are significantly larger than those from other regions. By examining replicated hybrid zones in an ecological and evolutionary framework, this research advances our understanding of how hybridization and environmental variation interact to shape early divergence in natural systems.

➤ **Keywords:** Cline analyses, hybrid zones, *Liolaemus fitzingerii* group, landscape genomics, genotype-environment associations.

POTENTIAL GLOBAL DISTRIBUTION AND NICHE CONSERVATISM OF THE DENGUE MOSQUITO AND TIGER MOSQUITO BASED ON GENETIC INFORMATION

DISTRIBUCIÓN GLOBAL POTENCIAL Y CONSERVADURISMO DE NICHO DEL MOSQUITO DEL DENGUE Y DEL MOSQUITO TIGRE BASADOS EN INFORMACIÓN GENÉTICA

Sebastian Pinzón-Uribe[1,2], Estefanía Mejía-Jurado[1], Kevin J. López-Molina[1], Oscar Alexander Aguirre-Obando[1,2*]

[1] Escuela de Investigación en Biomatemática, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia.

[2] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia.

* <oscaraguirre@uniquindio.edu.co>

[ORAL]

Aedes (Stegomyia) aegypti (Linnaeus, 1762) (Diptera: Culicidae), of African origin, and *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse, 1894) (Diptera: Culicidae), of Asian origin, are medically important mosquitoes whose global geographic distribution and niche conservatism were analyzed in this study using georeferenced genetic data. For this purpose, georeferenced records with genetic support were obtained from GenBank and BOLDSystems, which were curated in R. Bioclimatic variables from WorldClim were used to model the distribution with MaxEnt. Model performance was evaluated with the ntbox package, and niche conservatism was assessed with ecological metrics from ecospat. Comparisons were made between native and invaded ranges at the continental scale. Current estimates indicate good predictive performance for *A. aegypti* (AUC = 0.93) and *A. albopictus* (AUC = 0.77). *A. aegypti* showed high environmental suitability in tropical and subtropical areas, while *A. albopictus* exhibited a broader range, including temperate regions. Future projections suggest moderate changes. Niche metrics revealed expansion of *A. aegypti's* climatic niche in several invaded regions, likely due to its urban adaptation and prolonged invasion history. In contrast, *A. albopictus* appears to maintain its native climatic niche despite rapid geographic expansion, possibly due to its broader thermal tolerance. Incorporating genetic data enhances model reliability by reducing taxonomic misidentifications, although such data remain spatially and numerically limited. Additionally, the choice of environmental variables can significantly influence both distribution models and niche comparisons.

Keywords: *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, niche modeling, niche overlap, *Stegomyia aegypti*, *Stegomyia albopictus*.

ESTRUCTURA POBLACIONAL DE LA TONINA OVERA *CEPHALORHYNCHUS COMMERSONII* (ARTIODACTYLA: DELPHINIDAE) ENTRE SUDAMÉRICA E ISLAS KERGUELEN A PARTIR DE GENOMAS COMPLETOS

POPULATION STRUCTURE OF THE COMMERSON'S DOLPHIN *CEPHALORHYNCHUS COMMERSONII* (ARTIODACTYLA: DELPHINIDAE) BETWEEN SOUTH AMERICA AND THE KERGUELEN ISLANDS FROM COMPLETE GENOMES

Francisca Rodríguez Opazo[1,2*], Felipe Avello Duarte[1,2], Daly Noll[2,3,4], Carlos Olavarría[5,6], Rocío Loizaga[7], Amelia Viricel[8], Juliana Vianna[2,4,9], Elie Poulin[1,2], María José Pérez Álvarez[1,2,6]

[1] Laboratorio de Ecología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[2] Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
[3] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[4] Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG), Santiago, Chile.
[5] Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), La Serena, Chile.
[6] Centro de Investigación EUTROPIA, Santiago, Chile.
[7] Centro para el Estudio de Sistemas Marinos (CESIMAR-CONICET), Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[8] LEMAR (UMR 6539 UBO, CNRS, IRD, Ifremer) IUEM, Plouzané, Francia.
[9] Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
* <fca.michelle@gmail.com>

[ORAL]

La tonina overa (*Cephalorhynchus commersonii*) se divide en dos subespecies con distribución disyunta en el hemisferio sur: *C. c. commersonii*, presente en las costas del sur de Sudamérica (Chile, Argentina, e Islas Malvinas), y *C. c. kerguelensis*, restringida a las costas de las islas subantárticas Kerguelen, ubicadas a 8.500 km de Sudamérica, en el sur del océano Índico. A pesar de que puede realizar desplazamientos excepcionales, esta especie presenta hábitos costeros y se distribuye en aguas templadas a frías y de poca profundidad. El objetivo de este trabajo es evaluar la estructura poblacional y caracterizar la diversidad genética de la tonina overa incluyendo tres áreas de su distribución: Chile, Argentina e islas Kerguelen. Para ello, se secuenciaron genomas completos de 19 individuos (Chile: 6, Argentina: 7, Kerguelen: 6) y se conservaron 380.184 SNPs no ligados de alta calidad. Se identificó el sexo de los individuos para cada una de las localidades: Argentina (4H y 3M), Chile (4H y 2M) e IK (3H y 3M). Se detectaron dos poblaciones que se corresponden con las subespecies y su distribución ($FST=0{,}053$ $p<0{,}0001$; $K=2$).

Los valores de riqueza alélica y riqueza de alelos privados fueron mayores en Sudamérica (1,76 y 0,17, respectivamente) que en islas Kerguelen (1,71 y 0,12, respectivamente) concordante con lo propuesto previamente para los individuos de islas Kerguelen, que presentan una población más pequeña, aislada y con menor diversidad genética. Este estudio, aún en curso, representa la primera evaluación de estructura poblacional en esta especie mediante herramientas genómicas, y destaca la importancia de la colaboración internacional en el estudio de especies marinas con distribución transfronteriza.

➤ **Palabras clave:** *Cephalorhynchus,* distribución disyunta, genómica de poblaciones.

ENTRE LA FIDELIDAD Y LA MIGRACIÓN: EL TIBURÓN BLANCO EN EL PACÍFICO ORIENTAL

BETWEEN FIDELITY AND MIGRATION: THE GREAT WHITE SHARK IN THE EASTERN PACIFIC

Nancy C. Saavedra-Sotelo[1,2,*], Erick C. Oñate-González[3]

[1] Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa, Mazatlán, Sinaloa, México.
[2] Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación, Ciudad de México, México.
[3] Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.
* <saavedranan@gmail.com>

[ORAL]

El tiburón blanco (*Carcharodon carcharias*) es un depredador altamente migratorio, sin embargo presenta fidelidad a sitios específicos de agregación, lo que influye en su dinámica poblacional. Estudios de marcaje satelital y acústico en el Pacífico nororiental (PNO) han revelado que los patrones de migración varían según el estadio ontogenético. Los adultos tienden a permanecer en regiones insulares, realizando migraciones estacionales hacia zonas de alimentación y reproducción. El objetivo de este estudio fue evaluar los patrones de estructura genética poblacional y el uso de hábitat del tiburón blanco en el PNO, con el fin de comprender aspectos clave de su dinámica poblacional. Utilizando marcadores moleculares mitocondriales se observó que los tiburones blanco del PNO presentan una marcada filopatría femenina, la cual se refleja en una estructura genética mitocondrial entre dos principales zonas de agregación: California (EUA) e Isla Guadalupe (México). Así mismo, marcadores moleculares nucleares revelaron patrones de fidelidad masculina, sugiriendo una leve estructura genética. Análisis de parentesco evidenciaron conectividad entre juveniles en zonas costeras de la península de Baja California, lo cual podría enmascarar patrones de estructura genética en estas áreas. Con base en los registros de presencia de neonatos y juveniles, se evaluaron los tres criterios de Heupel para determinar áreas de crianza. Los resultados indican que las costas de Baja California constituyen una extensión de la zona de crianza del tiburón blanco, abarcando desde el suroeste de EE.UU. hasta Bahía Sebastián Vizcaíno. Estos hallazgos resaltan la complejidad de la estructura genética del tiburón blanco en esta región y la importancia de conservar hábitats clave.

Palabras clave: Tiburón blanco, conectividad genética, áreas de crianza, filopatría, Pacífico oriental.

MODELAGEM DA DISTRIBUIÇÃO DE *DRYADELLA LILLIPUTIANA* (ASPARAGALES: ORCHIDACEAE) NA MATA ATLÂNTICA

MODELIZACIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN DE *DRYADELLA LILLIPUTIANA* (ASPARAGALES: ORCHIDACEAE) EN LA MATA ATLÂNTICA

Raiana Santiago da Costa[1*], Leticia Caroline Chaves[1], Izadora Moraes da Silva[1], Anna Victoria Silvério Righetto Mauad[1], Daniela Cristina Imig[2], Weverton Trindade[3], Yan Rafael Gillet Santa Brígida[4], Viviane Silva Pereira[1]

[1] Laboratório de Sistemática e Ecologia Molecular de Plantas, Universidade Federal do Paraná, Centro Politécnico, Curitiba, Parana, Brasil.
[2] Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Biologia Vegetal), Instituto de Biociências UNESP, Rio Claro, Brasil.
[3] Programa de Pós-Graduação em Botânica, Laboratório de Ecologia Vegetal, Universidade Federal do Paraná.
[4] Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade, UFRPE.
* <raianada@ufpr.br>

[POSTER]

Dryadella lilliputiana (Cogn.)Luer é uma espécie rara, endêmica da Floresta Atlântica (FA) e em situação de vulnerabilidade. Por se tratar de uma micro orquídea epífita, seus requisitos microclimáticos para sobrevivência são bastante restritos. Portanto está sujeita a ameaças por mudanças climáticas acentuadas e perda de habitat. A Floresta Atlântica (FA), é um dos *hotspots* de biodiversidade mais importante da região neotropical, mas está ameaçada. Devido à degradação ambiental de origem antrópica, cerca de 71,6% de sua vegetação nativa foi perdida. Com a floresta restante fragmentada, isso pode afetar a adaptação de espécies endêmicas, contribuindo para sua extinção. Neste trabalho, utilizamos modelos de nicho ecológico para estimar locais adequados para permanência da espécie, e quais condições ambientais favorecem sua sobrevivência, com base nas suas ocorrências conhecidas e variáveis ambientais e antropização. Utilizando dados de expedições próprias e de databases, totalizam-se 48 pontos de ocorrência a princípio. A área de calibração do modelo foi definida por meio de simulações de dispersão, colonização e extinção de populações nos últimos 130 mil anos por meio do pacote Grinnell. Os modelos de nicho ecológico foram ajustados utilizando o pacote kuenm2, todas as análises foram feitas no software R 4.4.2. Os dados bioclimáticos, com resolução de 5 minutos de arco, foram sumarizados em eixos de PCA, a fim de reduzir a colinearidade entre as variáveis. Os modelos menos complexos (Delta AIC <2), com baixas taxas de omissão (significa aceitação de < 15% da ocorrência real da espécie não prevista corretamente pelo modelo), com valores *partial* ROC (avalia desempenho do modelo de 0 a 1, considerando apenas as áreas onde a espécie

realmente ocorre) significativos e com curvas de respostas unimodais foram selecionados. Utilizamos mapas de uso e cobertura da terra no Brasil para evidenciar o impacto da ação humana no nicho modelo. As variáveis mais relevantes para o modelo foram precipitação e temperatura. Os locais mais adequados para a espécie são as áreas de morro no limite entre Santa Catarina e Paraná, Serra do Mar e aos arredores das terras indígenas Marrecas e Ivaí, enquanto grande parte de São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo apresentam baixa adequabilidade. Das áreas climaticamente adequadas para ocorrência da espécie, em apenas 23% encontram-se Áreas de recuperação, Formação Florestal, Conservação, Floresta Plantada e Área de Proteção Ambiental. A distribuição da espécie depende dos fatores climáticos mais instáveis recentemente, e da presença de remanescentes vegetacionais. A fragmentação devido às atividades antrópicas contribuíram para sua retração e evidencia um descompasso entre áreas climaticamente adequadas e a cobertura vegetal atual, comprometendo o potencial de ocorrência real da espécie.

➤ **Palavras-chave:** Espécie endêmica, mudanças climáticas, MaxNet, kuenm2, modelagem de nicho ecológico.

PADRÕES DE PRECIPITAÇÃO E ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA DE UMA ESPÉCIE DE AMPLA DISTRIBUIÇÃO, A TARÂNTULA *ISCHNOTHELE ANNULATA*

RÉGIMEN PLUVIOMÉTRICO Y ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA DE UNA ESPECIE AMPLIAMENTE DISTRIBUIDA, LA TARÁNTULA *ISCHNOTHELE ANNULATA*

Gabriel Gonçalves da Silva*[1], Millke Jasmine Arminini Morales[1,2], Lucas de Oliveira Mello[1], Vera Nisaka Solferini[1]

[1] Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Universidade Estadual de Campinas, UNICAMP. Campinas, São Paulo, Brasil.

[2] Departamento de Biodiversidade, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", UNESP. Rio Claro, São Paulo, Brasil.

* <g249321@dac.unicamp.br>

[POSTER]

A região Neotropical, do sul do México ao norte da Argentina, é reconhecida por sua grande riqueza de espécies e por duas florestas úmidas, a Amazônia e a Mata Atlântica. Entre elas encontra-se a diagonal de formações abertas (DFA), uma extensa região que apresenta grande heterogeneidade ambiental. Ao longo da DFA brasileira, são descritos três biomas: Caatinga, Cerrado e Pantanal. *Ischnothele annulata* (Araneae: Mygalomorphae) é uma espécie de tarântula amplamente distribuída nesses biomas. Análises filogeográficas nesta espécie indicaram grupos genéticos geograficamente estruturados. Neste estudo, a partir de dados genômicos, testamos a hipótese de que características ambientais influenciam a estrutura genética das populações de *I. annulata* usando métodos de Genética da Paisagem, que integra padrões genéticos espaciais a dados ambientais. Testamos a influência do isolamento por distância (IBD) e do isolamento por ambiente (IBE) implementando a modelagem de dissimilaridade generalizada (GDM), que permite analisar padrões de rotatividade na composição biológica. Ajustamos o GDM associando variáveis bioclimáticas e de altitude aos dados genéticos e geográficos da espécie e testamos três modelos: modelo completo com IBD e IBE, apenas IBD e apenas IBE. A hipótese de isolamento por ambiente (IBE) foi a mais plausível, com destaque para a variável de precipitação no trimestre mais quente (BIO18). A precipitação nos biomas da DFA brasileira inicia-se em períodos diferentes, formando um gradiente temporal e espacial de precipitação, sendo o período chuvoso importante para reprodução de *I. annulata* e um possível fator subjacente à estruturação genética da espécie.

Esses resultados contribuem para o estudo dos processos de diversificação na DFA brasileira, permitindo também novas inferências sobre o papel das características ambientais no fluxo gênico dos organismos.

➤ **Palavras-chave:** Genética da paisagem, isolamento por ambiente, isolamento por distância, variáveis bioclimáticas, modelagem de dissimilaridade generalizada.

FATORES AMBIENTAIS QUE INFLUENCIAM A DIVERSIFICAÇÃO NA CAATINGA

FACTORES AMBIENTALES QUE INFLUYEN EN LA DIVERSIFICACIÓN EN LA CAATINGA

Vera N. Solferini*, Lucas O. Mello, Rafael Lima-Vergilio, Stephanny S. Nobre

Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia. Campinas, São Paulo, Brasil.
* <veras@unicamp.br>

[POSTER]

A Caatinga é o maior núcleo de floresta tropical sazonalmente seca do mundo, com alta biodiversidade e endemismo. Esse bioma é composto por oito ecorregiões que apresentam fitofisionomias distintas. Algumas espécies já estudadas da Caatinga apresentaram uma estruturação geográfica da variabilidade genética de acordo com essas ecorregiões, levando a hipóteses sobre as diferenças ambientais que poderiam contribuir para este padrão. No entanto, a delimitação das ecorregiões da Caatinga é complexa e algumas questões quanto às suas características ambientais se mantém em aberto. Com o objetivo de subsidiar hipóteses filogeográficas em estudos nesse bioma, utilizamos técnicas de modelagem de nicho ecológico para identificar as características de clima e solo que melhor definem e diferenciam suas ecorregiões. Para isso, geramos entre 60 e 80 pontos em cada ecorregião no QGIS. Para cada ponto foram resgatadas informações climáticas (WorldClim) e de solo (SoilsGrid) que foram usadas para os modelos de nicho ambiental. As variáveis mais relevantes para os modelos foram selecionadas usando uma análise de componentes principais (PCA). Os mapas de distribuição das ecorregiões foram gerados com uma resolução espacial de 5” e os algoritmos BIOCLIM, Maxent, GLM, SVM e RandomForest foram usados para construir os modelos com as variáveis ambientais atuais. O desempenho de cada modelo foi avaliado utilizando a Área Sob a Curva (AUC) e a True Skill Statistic (TSS). Os valores de TSS e AUC variam de -1 a 1. Os resultados indicaram que em quatro ecorregiões as mesmas variáveis relacionadas ao solo são determinantes para sua caracterização: teor de matéria orgânica (BDOD), carbono orgânico (OCD) e argila. Destas quatro ecorregiões, o Planalto de Borborema é uma formação cristalina, com altitude média de 200 m, podendo chegar a mais de 1000m e as outras ecorregiões são formações sedimentares: o Complexo Ibiapaba-Araripe (altitude 600-950 m), o Complexo Chapada Diamantina (altitude 200-1800m) e o Raso da Catarina (altitude 350-700m).

Nossos dados indicam que as variáveis climáticas são semelhantes entre as ecorregiões e, portanto, devem ter pouca influência na estruturação genética de espécies da Caatinga. Características do solo parecem ser as mais importantes e devem ser incluídas nas análises.

➤ **Palavras-chave:** Modelagem de nicho ecológico, ecorregiões, clima, solo.

➤ DETECCIÓN DE DOS GRUPOS GENÉTICOS EN EL DECÁPODO *PETROLISTHES VIOLACEUS* (DECAPODA: PORCELLANIDAE) ENTRE LOS 20,4°S Y 41,8°S DE LA COSTA CHILENA

DETECTION OF TWO GENETIC GROUPS IN THE DECAPOD *PETROLISTHES VIOLACEUS* (DECAPODA: PORCELLANIDAE) BETWEEN 20.4°S AND 41.8°S OFF THE CHILEAN COAST

Juan Soto-Hernández[1*], Noemí Rojas-Hernández[1], Caren Vega-Retter[1], David Veliz[1,2]

[1] Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

[2] Centro de Ecología y Manejo Sustentable (ESMOI), Coquimbo, Chile.

* <juan.a.soto.h.@gmail.com>

[ORAL]

La caracterización de la diversidad genética, flujo génico y conectividad es esencial para comprender la ecología de especies marinas y orientar el establecimiento de áreas marinas protegidas. A pesar de la heterogeneidad ambiental de la costa chilena, algunas especies bentónicas exhiben homogeneidad genética. Entre ellas se destaca *Petrolisthes violaceus* (Decapoda: Porcellanidae), decápodo que pese a su corto desarrollo larval (25 días), no presenta estructuración genética según estudios previos con COI. Este estudio evaluó la diversidad genética y estructura poblacional de *P. violaceus* entre Iquique (20,4°S) y Ancud (41,8°S) utilizando SNPs neutros, abarcando 2.400 km y muestreando 30 individuos en 8 localidades. A partir de tejido muscular se realizó secuenciación masiva de SNPs mediante DArTseq, seleccionando 4.030 loci neutros tras el filtrado. Las localidades presentaron valores similares de diversidad genética, pero los análisis de estructura genética (F_{st}, PCoA y STRUCTURE) mostraron dos poblaciones, una norte (Iquique–Viña del Mar) y una sur (Valdivia–Ancud), mientras que la localidad de Tomé mostró una mezcla de ambos grupos genéticos. Se encontró correlación entre la distancia geográfica y la distancia genética evidenciando aislamiento por distancia en la especie. Los resultados indican la existencia de un quiebre en el flujo génico para la especie alrededor de los 37°S, correspondiente a la zona de Concepción, una zona de alta heterogeneidad ambiental. Para otros invertebrados marinos también se han descrito interrupciones al flujo génico en zonas que no siempre corresponden a los principales quiebres biogeográficos descritos para la costa chilena. Finalmente, los resultados evidencian la importancia del marcador molecular utilizado para estudiar la estructura genética de las poblaciones.

➤ **Palabras clave:** Flujo génico, estructura poblacional, SNPs neutros, DArTseq.

➤ COLONIZACIÓN DE LOS ANDES ORIENTALES COLOMBIANOS: RECONSTRUCCIÓN BIOGEOGRÁFICA Y PATRONES DE ESPECIACIÓN DEL GÉNERO *PRISTIMANTIS* (ANURA: CRAUGASTORIDAE)

COLONIZATION OF THE EASTERN COLOMBIAN ANDES: BIOGEOGRAPHIC RECONSTRUCTION AND SPECIATION PATTERNS OF THE GENUS *PRISTIMANTIS* (ANURA: CRAUGASTORIDAE)

Angie Tovar-Ortiz*

Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.
* <am.tovar11@uniandes.edu.co>

[ORAL]

Los Andes del Norte albergan una de las mayores diversidades de anfibios a nivel mundial, pero los procesos evolutivos y biogeográficos que han dado forma a esta diversidad aún no se comprenden completamente. Investigamos la filogenia molecular, los tiempos de divergencia y la reconstrucción del área ancestral de las ranas del género *Pristimantis* (Craugastoridae) en la Cordillera Oriental de Colombia. Utilizando seis fragmentos moleculares (12S, 16S, COI, CYTB, RAG1 y TYR), reconstruimos una filogenia calibrada en el tiempo para 273 especies, lo que representa el 41,7 % de la diversidad reconocida del género. Nuestros resultados revelan que las especies de *Pristimantis* de la Cordillera Oriental no forman un grupo monofilético, sino que derivan de, al menos, seis eventos de colonización independientes ocurridos a lo largo del Neógeno. Estas colonizaciones fueron seguidas por una extensa diversificación in situ, estrechamente relacionada con fases de elevación acelerada de los Andes y cambios climáticos posteriores. Los patrones de divergencia sugieren que la diversificación de las especies fue moldeada por una combinación de aislamiento alopátrico, conectividad intermitente durante las oscilaciones climáticas del Pleistoceno y especiación parapátrica a lo largo de gradientes altitudinales. Las reconstrucciones de estados ancestrales indican además que tanto el conservadurismo de nicho como la divergencia ecológica contribuyeron a la estructura altitudinal observada entre los clados. Estos hallazgos destacan a la Cordillera Oriental como un mosaico evolutivo dinámico, donde fuerzas geológicas, climáticas y ecológicas habrían promovido conjuntamente la diversificación, ofreciendo nuevas perspectivas sobre los procesos que impulsan la especiación en ranas tropicales de montaña.

➤ **Palabras clave:** *Pristimantis*, áreas ancestrales, elevación, alopátria, parapátria.

¿AFECTA EL QUIEBRE BIOGEOGRÁFICO OCEÁNICO PRESENTE EN LA CORDILLERA DE NAZCA-DESVENTURADA EN LA ESTRUCTURA GENÉTICO-POBLACIONAL DEL CIRRÍPEDO *POECILASMA CRASSA* (SCALPELLOMORPHA: POECILASMATIDAE)?

DOES THE OCEANIC BIOGEOGRAPHICAL BREAK PRESENT IN THE NAZCA-DESVENTURADA MOUNTAIN RANGE AFFECT THE GENETIC-POPULATION STRUCTURE OF THE BARNACLE *POECILASMA CRASSA* (SCALPELLOMORPHA: POECILASMATIDAE)?

Branco Tubin[1,2*], María de los Ángeles Gallardo[2], David Veliz[1,2]

[1] Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
[2] Centro de Ecología y Manejo Sustentable de Islas Oceánicas (ESMOI), Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Chile.
* <branco.tubin@ug.uchile.cl>

[ORAL]

La fauna asociada a montes submarinos del Océano Pacífico Suroriental representa un sistema único para estudiar procesos evolutivos y estructuración genética en ambientes profundos. En este contexto, *Poecilasma crassa*, un cirrípedo epibionte que habita sobre otros crustáceos de aguas profundas, ha sido reportado en múltiples expediciones en la región. Con el objetivo de analizar su estructura genético-poblacional a través de tres zonas biogeográficas (Islas Desventuradas, Salas & Gómez-Nazca, Salas & Gómez Ridge), analizamos la variabilidad de miles de loci SNP obtenidos mediante tecnología de secuenciación masiva (DArT-seq) en 91 individuos. Además, se secuenció el gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COI) en un subconjunto de 21 individuos para identificar grupos genéticos y su relación filogenética con congéneres. Los análisis de estructura poblacional con SNP (PCoA, STRUCTURE, Fst), las redes de haplotipos y árboles filogenéticos con COI revelaron tres grupos genéticos altamente diferenciados, uno distribuido en las tres zonas biogeográficas y dos grupos restringidos geográficamente. La concordancia entre marcadores sugiere una diferenciación histórica más que reciente, y las diferencias encontradas entre los grupos son similares a las diferencias que hay entre especies congéneres y *P. crassa*. Estos hallazgos también sugieren la existencia de linajes divergentes que podrían representar especies crípticas, lo que plantea la necesidad de una revisión morfológica exhaustiva para clarificar su estatus taxonómico. Además, resaltan la importancia de considerar la diversidad genética en estrategias de conservación para ecosistemas oceánicos vulnerables. Financiamiento: ANID ANILLO ATE 220044.

Palabras clave: Montes submarinos, SNPs, COI, crustáceo, Pacífico sureste.

GENÓMICA POBLACIONAL DE *CEREUS CALCIRUPICOLA* (CARYOPHYLLALES: CACTACEAE): ESTRUCTURA FINA Y BAJO AISLAMIENTO EN AFLORAMIENTOS CALIZOS

POPULATION GENOMICS OF *CEREUS CALCIRUPICOLA* (CARYOPHYLLALES: CACTACEAE): FINE STRUCTURE AND LOW ISOLATION IN LIMESTONE OUTCROPS

Maria Ursini Alves-de-Lima[1], Juliana Palmeira Garcia[2], Fernando Faria Franco[2], Vera Nisaka Solferini[1]*

[1] Laboratório de Diversidade Genética, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil.

[2] Laboratório de Diversidade Genética e Evolução, Departamento de Biologia, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, São Paulo, Brasil.

* <veras@unicamp.br>

[POSTER]

Cereus calcirupicola Ritter (Cereae, Cactaceae) es un cactus de porte arbóreo, endémico de afloramientos de caliza en el centro-este de Brasil. Estos afloramientos conforman un litobióma, caracterizado por una composición florística específica, relacionada con la roca caliza y diferente de la flora circundante. Debido a la distribución naturalmente fragmentada y espaciada de estos afloramientos, hipotetizamos que las poblaciones de *C. calcirupicola* presentarían baja conectividad y una estructura genética espacialmente distribuida. Nuestro objetivo fue poner a prueba esta hipótesis, con un enfoque de genómica poblacional. Como objetivo secundario, evaluamos la aplicabilidad del panel de marcadores ortólogos Cactaceae591 a nivel poblacional y microevolutivo. Para ello, realizamos una expedición de muestreo que incluyó 21 poblaciones representativas de la distribución geográfica de la especie. Tras la extracción y secuenciación de ADN, creamos un conjunto de datos de SNPs, una práctica inusual en *target sequencing*, pero que permitió aplicar múltiples análisis utilizados en estudios de microevolución. Realizamos análisis de estructuración poblacional utilizando enfoques bayesianos y multivariados (TESS3R, STRUCTURE, sNMF y DAPC). Realizamos AMOVA para seleccionar la estructura más adecuada, estimamos parámetros de diversidad genética y aplicamos pruebas de aislamiento por distancia. Entre los resultados obtenidos se reporta un valor de Fst de 0,17 (nivel de especie), además de diversos parámetros de diversidad a nivel de individuo, población y especie. Todos los análisis produjeron estructuras con organización espacial, aunque variaron en la cantidad y composición de los grupos formados. Seleccionamos la estructura de $k = 4$ del análisis sNMF como la más representativa, en base a criterios estadísticos de AMOVA y su adecuación al modelo biológico. Se observó un alto grado de compartición de alelos entre las localidades, lo que sugiere una sorprendente conexión poblacional para una especie restringida a cerros.

Los datos también revelaron una estructura más fina entre los afloramientos, con mayor diversidad tanto dentro de estos sitios como entre ellos. Concluimos que *C. calcirupicola* presenta un alto grado de compartición de alelos, ya sea por flujo génico o por polimorfismo ancestral, y que la estructura más representativa es aquella en la que cada afloramiento constituye una población. Por último, los resultados indican que el panel Cactaceae591 recupera variabilidad suficiente para estudios poblacionales en Cactaceae.

➤ **Palabras clave:** Diversidad genética, marcadores SNP, filogeografía, agrupamiento genético.

FILOGEOGRAFÍA COMPARATIVA DE ESPECIES ACUÁTICAS DEL ALTIPLANO CHILENO: UNA APROXIMACIÓN INTEGRATIVA EN UN BIOMA AMENAZADO

COMPARATIVE PHYLOGEOGRAPHY OF AQUATIC SPECIES FROM THE CHILEAN ALTIPLANO: AN INTEGRATIVE APPROACH IN A THREATENED BIOME

Moisés A. Valladares[1,2,3]*, Pamela Morales[4,5], Camilo Valdivieso[5], Marco A. Méndez[6,7,8], R. Eduardo Palma[3,9]

[1] Proyecto Anillo de Investigación en Insectos Plaga y Cambio Climático (PIC[2]), Santiago, Chile.
[2] Programa de Genética Humana, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[3] Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
[4] Proyecto 1000 Genomas Chile, Santiago, Chile.
[5] Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG), Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[6] Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[7] Centro Internacional Cabo de Hornos (CHIC), Parque Etnobotánico Omora, Universidad de Magallanes, Puerto Williams, Chile.
[8] Laboratorio Natural Desierto de Atacama (LANDATA), Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[9] Universidad de O'Higgins, Rancagua, Chile.
* <moises.valladares@uchile.cl>

[ORAL]

El Altiplano andino es un ambiente extremo de altura que ha sido moldeado por una compleja historia geológica y climática reciente. Estudios previos sugieren que la diversificación de los taxa en esta región estuvo influenciada por factores extrínsecos, como los sucesivos cambios ambientales Plio-Pleistocénicos, y factores intrínsecos, relacionados con sus propiedades biológicas. En particular, los organismos acuáticos han experimentado sucesivos ciclos de conectividad y fragmentación de sus ambientes durante las oscilaciones climáticas del Pleistoceno (OCP). Estos ciclos podrían haber promovido eventos de co-divergencia en comunidades de especies, un proceso conocido como *species-pump*. En este estudio, se contrastó esta hipótesis en especies acuáticas del Altiplano Chileno, utilizando datos genómicos (SNPs) de gasterópodos, anfípodos y peces de los salares de Ascotán y Carcote (Antofagasta). Las vertientes de estos salares, que han experimentado ciclos de conectividad y fragmentación, ofrecen un modelo micro-geográfico ideal para evaluar la influencia de las OCP en la evolución de la comunidad de especies. Los resultados revelaron que, aunque cada grupo presenta un patrón de estructuración poblacional idiosincrático, existe congruencia local entre taxa que presentan rasgos similares.

Además, la historia demográfica de todos los organismos muestra una clara asociación con las OCP, subrayando la influencia del contexto ambiental histórico en la evolución de estas especies.

➤ **Palabras clave:** Demografía histórica, divergencia sincrónica, hipótesis *species-pump*, oscilaciones climáticas del Pleistoceno (OCP).

DESCIFRANDO EL ROL DEL AMBIENTE Y LA COMPETENCIA EN LOS PATRONES DE DIVERSIDAD DE REPTILES DESDE UN ENFOQUE FILOGENÉTICO Y FUNCIONAL

DECIPHERING THE ROLE OF ENVIRONMENT AND COMPETITION IN REPTILE DIVERSITY PATTERNS FROM A PHYLOGENETIC AND FUNCTIONAL PERSPECTIVE

Nadia Vicenzi[1,2*], Agustina Novillo[3], Jaiber J. Solano-Iguarán[4], Leonardo D. Bacigalupe[5]

[1] Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA-CONICET), Mendoza, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
[3] Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Tucumán, Argentina.
[4] Departamento de Salud Hidrobiológica, Instituto de Fomento Pesquero, Puerto Montt, Chile.
[5] Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
* <navicenzi@gmail.com>

[POSTER]

Los patrones espaciales de diversidad funcional y filogenética en una comunidad ofrecen información clave sobre los procesos de ensamble involucrados en su conformación. Según la hipótesis de dominancia del estrés (HDE), en entornos extremos, el ambiente actúa como un filtro sobre la diversidad, favoreciendo el establecimiento y persistencia de ciertos fenotipos. Por otra parte, en ambientes benignos, se predice que la competencia interespecífica adquiere un rol clave en los patrones de diversidad, promoviendo la coexistencia de rasgos y fenotipos diferentes. Para evaluar esta hipótesis, estimamos la diversidad filogenética y funcional de reptiles en Chile, considerando la distribución, las relaciones filogenéticas y los rasgos funcionales de 125 especies. Para inferir los procesos de ensamble involucrados a lo largo del gradiente latitudinal, en la región de estudio proyectamos una grilla de 0.05°x0.05° y estimamos los efectos estandarizados de las métricas de riqueza y divergencia filogenética (SES.PD, SES.MPD, SES.MNTD) utilizando una filogenia calibrada (Time Tree of Life) y funcional (SES.FRic, SES.FMPD, SES.FMNTD) utilizando una matriz de rasgos generada con datos obtenidos de la literatura. Los cálculos se realizaron utilizando el entorno R (paquetes ape, picante, ade4, fd). Nuestros resultados respaldan la HDE: el ambiente cumple un rol clave generando patrones de agrupamiento de diversidad funcional y filogenética de reptiles en ambientes extremos (e.g. zonas hiperáridas y frías), mientras que la competencia estructura ensambles con sobredispersión funcional y filogenética en ambientes más benignos, como la región mediterránea y los bosques valdivianos.

Además, la falta de solapamiento espacial entre dimensiones sugiere que la heterogeneidad ambiental local, la historia biogeográfica y las radiaciones adaptativas también moldean las comunidades a lo largo del gradiente. Por otra parte, nuestro estudio reveló que la diversidad filogenética es un pobre proxy de la diversidad funcional, lo que refuerza que, mientras los rasgos capturan procesos ecológicos a escala local, las relaciones filogenéticas reflejan procesos históricos regionales. De esta manera, nuestros resultados enfatizan la importancia de integrar la historia evolutiva y los rasgos ecológicos para comprender la composición y estructura comunitaria actuales. Financiamiento: FONDECYT Posdoctorado N°3230018 a Nadia Vicenzi.

➤ **Palabras clave:** Biodiversidad, distribución, ensambles, filogenia, gradiente latitudinal.

REVISITING THE MULTISPECIES COALESCENT MODEL FIT WITH AN EXAMPLE FROM A PHYLOGENY OF THE *LIOLAEMUS WIEGMANNII* SPECIES GROUP (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE)

RECONSIDERANDO EL AJUSTE AL COALESCENTE DE MÚLTIPLES ESPECIES CON UNA FILOGENIA DEL GRUPO DE *LIOLAEMUS WIEGMANNII* (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE) COMO EJEMPLO

Joaquín Villamil[1*], Mariana Morando[2], Luciano J Avila[2], Flávia M. Lanna[3], Emanuel M. Fonseca[4], Jack W. Sites Jr.[5], Arley Camargo[1]

[1] Laboratorio de Biogeografía y Evolución, CENUR Noreste, Universidad de la República. Rivera, Uruguay.
[2] Instituto Patagónico para el Estudio de los Ecosistemas Continentales (IPEEC, CENPAT-CONICET). Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[3] Department of Evolution, Ecology and Organismal Biology, The Ohio State University, Columbus, Ohio, USA.
[4] Department of Molecular and Cellular Biology, University of Arizona, Tucson, Arizona, USA.
[5] Department of Biology, Austin Peay State University, Clarksville, USA.
* <joakorep@gmail.com>

[ORAL]

Departures from the Multispecies Coalescent (MSC) assumptions could cause artefactual topologies and node height estimates, and therefore, trees inferred without MSC model fit testing could potentially misrepresent an accurate approximation of the evolutionary history of a group. The current implementation of MSC model testing for non-genomic level molecular markers cannot process trees estimated from BEAST 2, limiting its application for large datasets of sequence-based markers. Here we recode functions of the R package P2C2M to assess model fit to the MSC and apply this new implementation, which we named P2C2M2, to test the MSC model in a 16-loci dataset of 42 lizard species focused on the *Liolaemus wiegmannii* group. We found strong evidence of model departures in several loci, possibly due to historical gene flow, which could also be causing an unexpected position of the *L. wiegmannii* group within the *L. montanus* section of *Eulaemus*, when hybridization is not accounted for. The *L. anomalus* group is inferred as the closest to the *L. wiegmannii* group when gene flow is incorporated via a Multispecies Network Coalescent model, and a reticulation, suggesting historical gene flow between the *L. wiegmannii* and *L. montanus* groups is inferred, which has not been previously reported. We argue that there are at least three sources of discrepancy between the literature and the node ages estimated in our study: the use of strict molecular clocks without statistical justification, misplaced fossil calibrations, and the estimation of coalescent times instead of species divergence times.

We encouraged systematists to routinely test the fit of the MSC model when estimating species trees using sequence-based markers, and to follow a phylogenetic network approach when both this test is significant and when historical gene flow is considered a plausible source of the departure from the MSC model.

➤ **Keywords:** Posterior predictive checks, *Liolaemus* evolution, model adequacy.

MODELADO DE DISTRIBUCIÓN DE LA ESPECIE CACTÓFILA *DROSOPHILA ANTONIETAE* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE) CONSIDERANDO SUS HOSPEDADORES

DISTRIBUTION MODELING OF THE CACTUS SPECIES *DROSOPHILA ANTONIETAE* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE) CONSIDERING ITS HOSTS

Rodrigo G. Villarreal[1,2*], María P. Pacheco[1,2], Ignacio M. Soto[1,2], Eduardo M. Soto[1,2]

[1] Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

[2] Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (UBA–CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* <rgv@ege.fcen.uba.ar>

[POSTER]

El sistema Cactus-Levadura-*Drosophila* constituye un ejemplo de evolución mediada por cambios adaptativos asociadas al uso de recursos. En este sistema se generan redes de interacciones ecológicas complejas, en donde las especies de drosofilidos utilizan los tejidos de cactáceas en descomposición como recurso de alimentación y cría. En Sudamérica, el complejo de especies que presenta este tipo de sistema es el *cluster D. buzzatii*. En este trabajo analizamos la distribución de *D. antonietae*, una de las especies del *cluster buzzatii*, mediante el modelado de su distribución potencial considerando sus principales cactus hospedadores (*Cereus hildmannianus* y *Opuntia monacantha*). Haciendo uso de bases de datos de biodiversidad de acceso libre (e.g., GBIF, *TaxoDros*), bibliografía y datos georreferenciados de campañas de colecta realizadas por el grupo, se obtuvo información de presencias geolocalizadas para esta especie de *Drosophila*. La misma fue depurada de datos espurios (duplicaciones, errores de coordenadas, etc.). Utilizando 12 variables bioclimáticas descargadas de CHELSA 2.0 y tomando como referencia la distribución de las cactáceas *C. hildmannianus* y *O. monacantha* para definir el área de calibración, se generaron varios modelos a partir de diferentes algoritmos que fueron posteriormente ensamblados. El mejor ensamble obtenido fue transferido al área de calibración y analizado. Como resultado, la proyección refleja una distribución consistente con estudios previos, en donde las regiones de idoneidad máxima se encuentran principalmente ubicadas en el Bosque Atlántico y en parte del bioma del Cerrado. En los extremos norte y este de la sabana uruguaya también se registran zonas de alta calidad, las cuales limitan con las regiones más australes y orientales del Bosque Atlántico. Por otro lado, se observa que las localidades de menor idoneidad corresponden a las ecorregiones de Chaco Húmedo, Espinal y la Pampa Húmeda.

El uso de datos novedosos de presencia para *D. antonietae* y la inclusión de las distribuciones de las cactáceas asociadas, favorece la generación de modelos capaces de describir mejor sus características e interacciones del sistema. A su vez, aporta información muy valiosa a tener en cuenta, para futuros estudios, a la hora de reconstruir parte de su historia evolutiva a lo largo de la región.

➤ **Palabras clave:** Modelado de hábitat, *Drosophila* cactófila, biogeografía ecológica.

Sesión libre / 8

Macroevolución y paleontología

Macroevolução e paleontologia

PATRONES MACROEVOLUTIVOS DE LA MORFOLOGÍA APENDICULAR Y SU RELACIÓN CON ASPECTOS DEL DESARROLLO: COMPARACIÓN ENTRE ANUROS Y MAMÍFEROS

MACROEVOLUTIONARY PATTERNS OF APPENDICULAR MORPHOLOGY AND ITS RELATIONSHIP TO DEVELOPMENTAL ASPECTS: COMPARISON BETWEEN ANURANS AND MAMMALS

Almendra D. Albarracin Banquero*, Eduardo M. Soto, Celeste M. Pérez Ben

Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires – CONICET, FCEN, UBA. Ciudad Universitaria., CABA, Argentina.
* <almendraalbarracin@gmail.com>

[POSTER]

Se ha propuesto que la acumulación de perturbaciones durante el desarrollo puede derivar en una mayor variación morfológica de las estructuras que se forman tardíamente en comparación a aquellas de desarrollo más temprano. Teniendo esto en cuenta, un estudio ha investigado si este fenómeno pudo haber sesgado la evolución de los tamaños relativos de los huesos del miembro anterior en mamíferos. Tanto en amniotas como en anuros, los elementos esqueléticos del quiridio se forman siguiendo una secuencia próximo-distal. En consistencia con la hipótesis propuesta y la secuencia de desarrollo apendicular, dicho trabajó encontró que los huesos distales (falanges y metacarpos) presentan mayor disparidad y tasas evolutivas más altas que aquellos más proximales (húmero y radio). Notablemente, un segundo trabajo también obtuvo un aumento de estos parámetros en dirección próximo-distal en anuros. Sin embargo, aunque el estudio en mamíferos y aquel en anuros recuperaron patrones similares, las metodologías aplicadas en los mismos difieren significativamente, por lo que los resultados no son estrictamente comparables. Teniendo esto en cuenta, en este trabajo aplicamos la metodología previamente utilizada en mamíferos al set de datos original del estudio en anuros para poner a prueba si los huesos apendiculares de los anuros presentan los mismos patrones próximo-distales de disparidad y tasas evolutivas observados en mamíferos, como es esperable dado que la secuencia del desarrollo del quiridio es el mismo en ambos grupos. A partir de un set de *landmarks* 3D de 236 especies de anuros, calculamos distancias entre pares de *landmarks* para obtener largos y anchos del húmero, radio-ulna, fémur, tibiofíbula y tarsales proximales. La disparidad morfológica se calculó como los valores del determinante y la traza de las matrices de varianza-covarianza de cada hueso. Por otro lado, calculamos el ajuste de tres modelos evolutivos: Movimiento Browniano (BM), Ornstein-Uhlenbeck (OU) y radiación temprana (RT).

Obtuvimos que, al igual que en mamíferos, la evolución morfológica de todos los huesos apendiculares estudiados en anuros se ajustan mejor a un modelo de OU. Asimismo, las tasas de evolución aumentan desde proximal a distal en ambos miembros. Sin embargo, en anuros se recuperó un gradiente próximo-distal de disparidad inverso al de mamíferos: tanto en el miembro anterior como en el posterior, los elementos proximales presentan mayor disparidad que los distales. Estos resultados muestran que en los tetrápodos no hay un patrón de disparidad conservado entre los huesos apendiculares. Por otro lado, si bien no se puede descartar que la secuencia en que se forman los huesos del quiridio afecte la capacidad de generar variación y facilitar la diversificación funcional apendicular en anuros, otros factores parecen haber influido en su evolución morfológica, lo cual es consistente con estudios previos que recuperan que la morfología apendicular se correlaciona con los distintos microhábitats y hábitos locomotores presentes en estos anfibios.

➤ **Palabras clave:** Quiridio, restricciones del desarrollo, variación morfológica.

THE ORIGIN AND DIVERSIFICATION OF THE STOMACH MORPHOTYPES OF BIRDS

EL ORIGEN Y LA DIVERSIFICACIÓN DE LOS MORFOTIPOS ESTOMACALES DE LAS AVES

Nancy Arias[1], Julieta Carril[2,3*], Ricardo S. De Mendoza[2,4], María C. Netri[1], Claudio G. Barbeito[2,3]

[1] Cátedra de Enfermedades de Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[2] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
[3] Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada (LHYEDEC), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina.
[4] Departamento de Biología, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
* <julyetacarril@gmail.com>

[POSTER]

The stomach of living birds (Neornithes) consists of two distinct chambers: the proventriculus, primarily serving for mucus secretion, and the ventriculus or gizzard, primarily functioning as the site for mechanical processing. Despite sharing a common stomach morphology, birds exhibit notable variations that have traditionally been associated with their diverse dietary ecology. These differences make them an ideal model for studying the origin and diversification of the stomach morphology and its association with the diet. Based on available information and our own observations, we built data matrices of 144 species representing the entire phylogeny of birds. Species were classified based on their stomach morphotypes (A-D according to combinations of morphological characters) and based on their dietary ecology (*i.e.*, vertebrate, invertebrate, plant+seed, omnivore, fruit+nectar). Characters were mapped onto a time-calibrated phylogeny and ancestral character states were reconstructed using Maximum Likelihood via the R package phytools. Results showed that: (1) the ancestor of Neornithes had a stomach of morphotype A, which is maintained in 56% of the species analyzed and throughout the entire phylogeny; (2) stomach morphotype B arises multiple times (in Caprimulgiformes, Apodiformes, Cuculiformes, Falconiformes, Accipitriformes, and in the clade including Strigiformes + Bucerotiformes + Coraciiformes + Piciformes), morphotype C arises twice (in Trochilidae, and in the clade including Suliformes + Pelecaniformes), and morphotype D arises three times (en Musophagiformes, Procellariiformes, and in the nectarivorous Psittacidae); (3) the ancestor of Neornithes would have fed mainly on invertebrates, a dietary ecology that is maintained in 36% of the species and throughout the phylogeny, and the remaining diet categories arise multiple times during evolution; and (4)

the evolutionary trajectory of stomach morphotypes does not align with the evolutionary trajectory of dietary ecology, suggesting that factors beyond diet may have played a significant role in shaping stomach morphology across birds.

➤ **Keywords:** Ancestral state reconstruction, Aves, diet, digestive system, morphology.

A NEW PHYLOGENY OF TOXODONTIDAE (NOTOUNGULATA, MAMMALIA) INTEGRATING MORPHOGEOMETRIC AND DISCRETE CHARACTERS

UNA NUEVA FILOGENIA DE TOXODONTIDAE (NOTOUNGULATA, MAMMALIA) QUE INTEGRA CARACTERES MORFOGEOMÉTRICOS Y DISCRETOS

Matías A. Armella[1,2,3]*, Facundo Deforel[4]

[1] Instituto Superior de Correlación Geológica (INSUGEO), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca. San Fernando del Valle de Catamarca, Catamarca, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán. Tucumán, Argentina.
[4] Unidad Ejecutora Lillo (UEL), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
* <m.armella@conicet.gov.ar>

[ORAL]

Toxodontidae includes medium- to large-sized, rhino-like herbivorous mammals belonging to Notoungulata, an order within the South American native ungulates. This clade is defined by specialized dental traits (e.g., euhypsodont incisor tusks, hypsodont molars) and diversified markedly during the Neogene. While five subfamilies were historically recognized, recent studies and new specimens support only Toxodontinae as monophyletic. In this contribution, we performed new cladistic analyses incorporating morphogeometric data (landmark characters and centroid sizes) as an alternative to traditional morphological coding (i.e., discrete characters). The sample (n = 49) includes holotypes and referred specimens for each taxonomic entity. Only adult specimens were considered. When multiple specimens were available for a given taxon, we used the consensus configuration obtained by means of Generalized Procrustes Analyses. Data matrix consisted in 40 discrete characters, 33 landmark configurations, and 17 centroid size variables (unidimensional continuous characters) for 37 terminals. Tree searches consisted of 20 Wagner trees (RAS) followed by 20 TBR replications. Jackknife supports were calculated using FAR (36% probability of deletion or duplication). We obtained a single most parsimonious tree, where notohippids and leontiniids are paraphyletic with respect to Toxodontidae. Within the latter, *Adinotherium*, *Proadinotherium*, and *Nesodon* are paraphyletic in relation to toxodontines. *Palyeidodon* and *Hyperoxotodon* are recovered as basal species of a more inclusive clade encompassing three major radiations: a clade composed of *Nonotherium* + *Xotodon* spp., another formed by *Hemixotodon* + *Posnanskytherium* spp., and a third more derived clade containing the remaining taxa. Within this latter group, *Andinotoxodon* and *Pericotoxodon* are basal relative to Hoffstetterius, *Trigodon* + *Paratrigodon*, and *Ocnerotherium*.

Finally, the remaining taxa form well-supported natural groups, basal with respect to *Ocnerotherium*, with *Toxodon*-related forms as the most derived taxa. Our results highlight the existence of new lineages, well-supported by dental, mandibular, and cranial characters. We also identify potential cases of synonymy, underscoring the need to review traditional taxonomic assignments. The application of these methodologies reduces subjectivity in character state definition and allows for a more comprehensive inclusion of available phenotypic variability.

➤ **Keywords:** Ungulates, Neogene, landmarks, toxodontids, evolution, centroid sizes.

➤ SIZE AND SEXUAL DIMORPHISM IN THE MOST PRIMITIVE BIRDS, THE PALAEOGNATHS

TAMAÑO Y DIMORFISMO SEXUAL EN EL GRUPO MÁS PRIMITIVO DE AVES, LAS PALEOGNATAS

Sara Bertelli[1,2*], Norberto P. Giannini[2,3], Pablo L. Tubaro[4], Francisca Cunha Almeida[5]

[1] Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251 (4000), Tucumán, Argentina.
[2] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET-FML), Tucumán, Argentina.
[3] Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[4] División de Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales ''Bernardino Rivadavia'', Buenos Aires, Argentina.
[5] Instituto de Ecología, Genética y Evolución, Consejo de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
* <sbertelli@lillo.org.ar>

[ORAL]

Palaeognathae is the most divergent clade of extant birds (Neornithes). It includes several Gondwanan taxa, namely the tinamous, kiwis, emus, ostriches, cassowaries, and rheas, as well as recently extinct taxa such as the moas and elephant birds. Except for the tinamous, all other species are cursorial ratites that have lost the ability to fly. The group also include fossil genera such as *Lithornis*, *Paleotis*, and *Diogenornis* from the early Eocene (~55 million years ago). In this clade, body size ranges from extremely large birds – such as the extinct elephant birds *Aepyornis maximus*, with an estimated weight of 409 kg, and *Vorombe titan*, at 800 kg – to the dwarf tinamou *Taoniscus nanus*, weighing just 45 g. In this study, we reconstructed the evolution of body size in paleognath birds, with a focus on the diverse Tinamidae, using carefully curated body size data from extant and fossil taxa. To test previous hypotheses, and evaluate macroevolutionary patterns we applied comparative phylogenetic methods to estimate ancestral body sizes under different models of phenotypic evolution, and evaluated the evolution of female-biased sexual dimorphism of tinamous which is very variable in the group. Our results suggest that the ancestor of all extant palaeognaths weighed about 3 kg, and that gigantism evolved independently up to five times. Significant size reductions were observed in the ancestors of both forest-dwelling (Tinaminae) and steppe tinamous (Tinamotidinae). Preliminary interpretations indicate that size changed together in male and female tinamous, maintaining dimorphism throughout evolutionary time.

➤ **Keywords:** Phylogeny, macroevolution, tinamous, ratites, body size.

DIVERSIFICACIÓN TAXONÓMICA Y EVOLUCIÓN DE LA MASA CORPORAL EN LOS CHINCHILLOIDEOS (RODENTIA: CAVIOMORPHA)

TAXONOMIC DIVERSIFICATION AND EVOLUTION OF BODY MASS IN CHINCHILLOIDS (RODENTIA: CAVIOMORPHA)

Myriam Boivin[1,2,3]*, Alicia Álvarez[1,2,3], Pierre-Olivier Antoine[4], Pierre-Henri Fabre[4], Laurent Marivaux[4], Fabien L. Condamine[4], Lucas Buffan[4]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[2] Grupo de Paleontología de Vertebrados, Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA), CONICET – Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy, Argentina.
[3] Instituto de Geología y Minería (IdGyM), Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy, Argentina.
[4] Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier (ISEM), Université de Montpellier, Montpellier Cedex, France.
* <mboivin@idgym.unju.edu.ar>

[POSTER]

Aunque hoy en día no constituyen un grupo taxonómico rico en especies, los Chinchilloidea presentan una sorprendente diversidad pasada que incluye a los roedores más grandes de todos los tiempos. El objetivo de este trabajo es evaluar los patrones de diversificación taxonómica y estudiar la evolución de la masa corporal en este grupo. Para ello, se construyó una matriz de 364 caracteres morfológicos (dentarios, craneales y mandibulares) y 11211 moleculares (seis exones nucleares y cinco genes mitocondriales) incluyendo 49 especies fósiles y nueve actuales, a partir de la cual se realizaron análisis filogenéticos y de dataciones (*tip-dating*) con MrBayes. Se estimó la masa corporal de las especies extintas mediante ecuaciones recientemente publicadas. Se aplicaron métodos comparativos filogenéticos utilizando BAMM y R. Los resultados sugieren un patrón de diversificación de los Chinchilloidea caracterizado por (1) tasas de especiación altas en la base del árbol que van disminuyendo progresivamente hacia los terminales y (2) tasas de extinción bajas que pueden aumentar hacia los terminales de forma leve o abrupta como en el caso de los †Eumegamyinae. Los patrones observados podrían relacionarse con la topología del árbol obtenido, puesto que se cuenta con varios *stem* Chinchilloidea y taxones antiguos con caracteres derivados (†*Borikenomys*, †*Eoviscaccia frassinetti*) que provocan la aparición de linajes fantasmas. En cuanto a la masa corporal, su tasa de evolución acelera suavemente desde la aparición del *crown group* [35 millones de años (Ma)], y luego aumenta su velocidad abruptamente cerca de 19-18 Ma con la aparición de los †Neoepiblemidae y de los grandes/gigantes Dinomyidae, hasta desacelerar a partir de los 9 Ma.

En término de saltos evolutivos (*shifts*), se observa uno para el clado (Dinomyidae, †Neoepiblemidae). Entonces, la aparición de masa corporal grande ocurriría al nivel del ancestro común de este clado entre 35,6 y 33,6 Ma, sugiriendo ausencias en el registro fósil de formas grandes antiguas. En conclusión, los Chinchilloidea experimentaron una radiación inicial extensa quizás asociada a la colonización de nuevos ambientes dado que los stem Chinchilloidea reconocidos se encuentran desde las bajas latitudes hacia las altas latitudes en varios ambientes. La gran variación de masa corporal pudo facilitar la diversificación inicial del *crown group*. La disminución generalizada de las tasas de especiación, que puede ser asociada con un aumento de las tasas de extinción, explicaría la pérdida de diversidad del grupo a partir de los 20 Ma.

➤ **Palabras clave:** Especiación, extinción, fósiles, radiación, roedores.

EXPLORING EVOLUTIONARY RATES IN THE EARLY DIVERSIFICATION OF ARCHOSAURS

EXPLORANDO LAS TASAS EVOLUTIVAS DE LA TEMPRANA DIVERSIFICACIÓN DE LOS ARCOSAURIOS

Ariel F. Cardillo[1*], Martín D. Ezcurra[2], M. Belén von Baczko[2], Julia B. Desojo[3], Lucas E. Fiorelli[1]

[1] Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (Prov. de La Rioja-UNLaR-SEGEMAR-UNCa-CONICET). La Rioja, Argentina.
[2] Sección Paleontología de Vertebrados, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (CONICET–MACNBR). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[3] División Paleontología Vertebrados, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (FCNyM, UNLP). Buenos Aires, Argentina.
* <arielcar55@gmail.com>

[POSTER]

Archosauromorpha is one of the major lineages of diapsids, originating during the middle-late Permian (ca. 260–251 million years ago [Mya]) and undergoing an astonishing diversification during the Triassic Period (251–201 Mya). The oldest members of the crown-archosaur clade occur in the Early Triassic, splitting into Avemetatarsalia (pterosaurs and dinosaurs, including birds) and Pseudosuchia (crocodiles and their precursors such as aetosaurs and erpetosuchids). This early radiation allowed them to occupy a wide variety of ecological niches for the rest of the Mesozoic, hence the name of the group, Archosauria, or "ruling reptiles". Estimating evolutionary rates of fossil groups provides valuable insights into the tempo and mode of these radiations, but the effect of missing data and sampling bias has been historically a concern in this type of analysis. The aim of our contribution is to present preliminary results on the analysis of the evolutionary rates of early archosaurs, using a novel and formal method for estimating evolutionary rates using parsimony, based on a phylogenetic matrix that comprehensively samples this group of diapsids. We detected four distinct peaks in the evolutionary rates throughout the early archosaur history: *i*) in the middle-late Permian, among non-archosaurian archosauromorphs; *ii*) early in the Anisian (ca. 240 Mya), which is driven by the simultaneous radiation of dinosauriforms, erpetosuchids, and loricatans; *iii*) in the Carnian (ca. 237–227Ma), as a result of the diversification of early saurischian dinosaurs, aetosaurs, and the clade that includes rauisuchid loricatans and early crocodylomorphs; and *iv*) around the Norian-Rhaetian boundary (ca. 210–201 Ma), which is driven by the diversification of crocodylomorphs and ornithischians. We found that the overall evolutionary rate pattern is similar to a previous study that utilized an independent Archosauromorpha-focused matrix in their examples, suggesting that the inferences about the tempo and mode of the early archosaur history are robust.

The overall temporal pattern of the early archosaur evolutionary rates matches an Early Burst model, with high initial rates and a deceleration once ecological niches became occupied by different morphotypes. Future research will focus on expanding the datasets towards the latest Triassic and Early Jurassic species to have a more comprehensive picture of the tempo and mode of the early archosauromorph evolutionary history.

➤ **Keywords:** Triassic, Pseudosuchia, Avemetatarsalia, Phylogenetics, parsimony.

EVOLUCIÓN DE LA DIETA DE CARNIVORA (MAMMALIA) EN UN CONTEXTO FILOGENÉTICO

EVOLUTION OF THE DIET OF CARNIVORA (MAMMALIA) IN A PHYLOGENETIC CONTEXT

María Amelia Chemisquy[1*], Sergio Daniel Tarquini[2], Sandrine Ladevèze[2], Francisco Juan Prevosti[1]

[1] CONICET y Museo de Ciencias Antropológicas y Naturales - Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR), La Rioja, Argentina.

[2] Centre de Recherche en Paléontologie. Paris, France.

* <amelych80@gmail.com>

[ORAL]

Conocer la dieta de las especies es un punto de partida importante para diferentes estudios, así como para inferir los hábitos alimentarios de especies extintas. En animales silvestres la dieta se infiere mediante distintas aproximaciones, desde datos observacionales hasta análisis de contenidos estomacales, de fecas o el estudio de isótopos estables. Estos datos luego se condensan y la dieta es discretizada en categorías (p. ej., herbívoros, omnívoros y animalívoros). Esta discretización enmascara la dieta real de las especies, sobre todo en aquellas que no consumen un único ítem y que terminan cayendo en la categoría omnívoro. Nuestro objetivo es evaluar la variación y la evolución de la dieta en Carnivora analizándola de forma cuantitativa y explorar su relación con el tamaño corporal en un contexto filogenético. Mediante una búsqueda bibliográfica se calculó el porcentaje consumido de: vertebrados no peces, peces, frutas, otros restos vegetales, moluscos y artrópodos para 175 especies vivientes de Carnivora. Utilizando un PCA y un análisis *k-means* se crearon categorías discretas de dieta, las cuales fueron contrastadas con las categorías clásicas. Se evaluó la señal filogenética y el modelo evolutivo de la dieta, tanto cómo categoría discreta, como el porcentaje de cada ítem (%). También, se optimizaron en la filogenia, se analizaron los cambios de tasas evolutivas y se correlacionó con tamaño corporal en un contexto filogenético. Se obtuvieron 7 categorías discretas que en gran medida no se corresponden con las categorías tradicionales. Estas 7 categorías no están correlacionadas con la masa. La dieta mostró señal filogenética, siguiendo un modelo OU al analizar el % y un modelo MK sym al analizar las categorías. El análisis de correlación del % mostró una baja relación con la masa, que sólo fue significativa en moluscos y peces. La optimización de cada ítem por separado permitió identificar de mejor manera la evolución de la dieta en los distintos clados. Finalmente, los cambios observados en los % de cada ítem a lo largo de la filogenia del grupo ocurren en la base de grandes clados de carnívoros y son congruentes con interpretaciones previas.

Finalmente, para análisis evolutivos, el considerar la dieta como porcentaje de ítems consumidos arroja resultados más completos que cuando se los analiza de manera discreta.

➤ **Palabras clave:** Ítems consumidos, categorías dietarias, masa corporal, análisis cuantitativo.

LOS DEPREDADORES NATIVOS DE AMÉRICA DEL SUR (MAMMALIA: METATHERIA: SPARASSODONTA): LA EVOLUCIÓN DEL ENCÉFALO, LA MASA CORPORAL Y LA OCUPACIÓN DEL MORFOESPACIO

NATIVE PREDATORS OF SOUTH AMERICA (MAMMALIA: METATHERIA: SPARASSODONTA): THE EVOLUTION OF THE BRAIN, BODY MASS AND MORPHOSPACE OCCUPATION

Charlène Gaillard[1*], Catalina Suárez[1], Valentina Segura[2], M. Judith Babot[2], María Encarnación Pérez[3], Analía M. Forasiepi[1]

[1] Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Ciencias Ambientales, CCT-CONICET UNCUYO, Mendoza, Argentina.
[2] Unidad Ejecutora Lillo (UEL), CONICET-Fundación Miguel Lillo, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[3] Museo Paleontológico "E. Feruglio". Trelew, Chubut, Argentina.
[*] <charlene.gaillard.pal@gmail.com>

[POSTER]

Los Sparassodonta fueron un grupo de metaterios (stem Marsupialia) nativos de América del Sur que ocuparon el nicho de los depredadores terrestres entre el Eoceno temprano y el Plioceno. Incluyen desde formas pequeñas con patrón craneal generalizado y otras atípicas, con gran tamaño y modificaciones craneales extremas (*e.g.*, el "marsupial de dientes de sable" *Thylacosmilus atrox*). Aquí analizamos la evolución del tamaño corporal y del encéfalo utilizando técnicas de imagen no invasivas y exploramos la morfología del cráneo mediante un análisis de morfometría geométrica en 3D. Este trabajo está centrado en un nuevo espécimen de *Proborhyaena gigantea* (MPEF-PV 12005) del Oligoceno tardío de Chubut. De acuerdo a las estimaciones de la masa corporal (MC) derivadas de medidas dentarias, condilares y craneanas, *Proborhyaena* es el mayor esparasodonte hasta ahora conocido (MC >200 kg). Análisis filogenéticos preliminares de máxima parsimonia y pesos implicados ubicaron a *P. gigantea* como el taxón hermano de *Paraborhyaena boliviana*, ambos anidados entre Proborhyaenidae, y estos como grupo natural y hermano de Thylacosmilidae. La optimización de la MC sugiere que el clado Proborhyaenidae alcanzó rápidamente en su historia evolutiva valores extremos de tamaño (entre el Eoceno temprano y el Oligoceno tardío), e incluso en la historia evolutiva de los Metatheria. Por su parte los índices de encefalización (EQ: 0.1 *sensu* Jerison y Eisenberg) y los EQ filogenéticos (PEQ: 0.5 en el contexto de los Metatheria) revelaron el valor más bajo en relación a otros esparasodontes. La optimización de los EQs y PEQs sugiere una relación alométrica entre el tamaño del encéfalo y la MC vinculada al aumento desproporcional de la MC en Proborhyaenidae, siguiendo la tendencia estudiada en otros mamíferos donde los cráneos más grandes tienen valores de EQ más bajos, posiblemente dado que un cerebro

grande implica costos energéticos innecesarios cuando se asocian con una MC también metabólicamente costosa. En el contexto de Sparassodonta, Thylacosmilidae (aquí representado por *Thylacosmilus* del Mio-Plioceno) presenta una morfología del encéfalo compleja, siendo una excepción al patrón patrón encefálico generalizado de otros Sparassodonta. Al comparar los Sparassodonta con sus análogos ecológicos del Orden Carnivora, estos últimos muestran una mayor disparidad en las MC y en la proporción entre la MC y el tamaño del encéfalo. Finalmente, la morfología craneana de *Proborhyaena*, en relación a sus análogos Carnivora, parecería ser más comparable a la de los grandes félidos actuales (Pantherinae).

➤ **Palabras clave:** Carnívoros, encefalización, fósiles, Cenozoico.

EFECTO DE LAS ESTRATEGIAS DE NIDIFICACIÓN SOBRE EL ORIGEN DE LA DIVERSIDAD DE ABEJAS DE LA FAMILIA MEGACHILIDAE (HYMENOPTERA: APOIDEA)

EFFECT OF NESTING STRATEGIES ON THE ORIGIN OF DIVERSITY IN BEES OF THE MEGACHILIDAE FAMILY (HYMENOPTERA: APOIDEA)

Rubén Garrido Bahamondes[1,2*], Iliana Medina Guzmán[3], Patricia Henríquez-Piskulich[3], Enrique Rodríguez-Serrano[1], Cristián E. Hernández[2]

[1] Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
[2] Laboratorio de Ecología Evolutiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile.
[3] School of Bioscience, University of Melbourne, Melbourne, Australia.
* <r.garridoba@gmail.com>

[ORAL]

Las hipótesis ecológicas de interacciones positivas que tratan de explicar la biodiversidad han sido considerablemente menos evaluadas y podrían ser fundamentales, dado que desempeñan un papel crucial en el mantenimiento y el aumento de la biodiversidad. Por ejemplo, en la familia *Megachilidae*, algunas abejas usan materiales vegetales (hojas, resina, tricomas, pétalos) para construir sus nidos, lo que representa una interacción positiva con las plantas; y se ha propuesto que estas estrategias de nidificación han favorecido una mayor complejidad en la arquitectura de los nidos, lo que podría haber promovido directamente la diversificación en el grupo. Este estudio evaluó esa hipótesis mediante un análisis "PGLS" (Phylogenetic Generalized Least Squares), donde se modeló la tasa de diversificación como variable respuesta. Las estrategias de nidificación fueron consideradas como variables explicativas. Los resultados no mostraron una relación significativa entre la tasa de diversificación y los tipos de nidificación. Sin embargo, se sugiere que las interacciones positivas podrían ejercer efectos directos en la mantención de la biodiversidad e indirectos sobre la diversificación, actuando a través de mecanismos como "oportunidad ecológica" y como consecuencia mayor diversificación. Esto abre nuevas vías de investigación para entender el papel indirecto de las interacciones positivas en la diversidad de *Megachilidae*.

Palabras clave: Biodiversidad, revestimiento de nido, interacciones positivas, riqueza de especies.

DUPLICANDO BAJO ESTRÉS: PATRONES MACROEVOLUTIVOS DE LA POLIPLOIDÍA EN LISSAMPHIBIA

DOUBLING UNDER STRESS: MACROEVOLUTIONARY PATTERNS OF POLYPLOIDY IN LISSAMPHIBIA

Caio Andrade Medina[1*], Cecília Maria da Silva[1], Lucas Barcelos[2], Diego de Almeida da Silva[3], Vanessa Kruth Verdade[1]

[1] Universidade Federal do ABC, Centro de Ciências Naturais e Humanas, Santo André, São Paulo, Brasil.

[2] Universidade de São Paulo, Departamento de Biologia, Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (FFCLRP), Ribeirão Preto, Brazil.

[3] Unidad Ejecutora Lillo, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

* <andrade.medina@ufabc.edu.br>

[POSTER]

La poliploidía se define como una condición hereditaria en la que un individuo posee más de dos copias completas de cada conjunto de cromosomas. Cuando ocurre, puede aumentar la variabilidad genotípica, las tasas de mutación y la redundancia genética. En conjunto, estos fenómenos actúan como impulsores de la diversificación mediante la subfuncionalización y la neofuncionalización. Sabemos que muchas radiaciones evolutivas fueron precedidas por eventos de poliploidización. Sin embargo, no tenemos muy claro qué mecanismos bióticos y abióticos aumentan la propensión a la poliploidización en un paradigma macroevolutivo. Los anfibios pueden constituir un modelo de estudio adecuado en este sentido, ya que se encuentran distribuidos en los ambientes más diversos del planeta. Además, presentan casos de poliploidía a lo largo de toda su filogenia, especialmente en la base de los anuros, su clado más diverso. Suponiendo que la poliploidización puede ocurrir como respuesta a condiciones de estrés biótico, empleamos modelos de ecuaciones estructurales con corrección filogenética para evaluar si la poliploidía en anfibios surge ante factores estresantes que afectan la reproducción, la oviposición, el desarrollo larval o la explotación de recursos en la etapa adulta. Obtuvimos datos de ploidía y variables predictoras de la literatura, parte de las cuales las extrajimos desde la distribución de especies. Nuestros resultados revelan un escenario complejo, en el que la radiación solar ejerce fuerte influencia sobre el índice de vegetación y la aridez. Esta última resulta ser la variable ambiental que más afectó la probabilidad de poliploidización entre las especies de anfibios, en especial aquellas dependientes del agua para su reproducción. Replicamos el modelo aplicando un *bootstrap* a la regresión filogenética de mínimos cuadrados generalizados, identificando ligero efecto de la aridez como promotor de la poliploidía. Finalmente, extrajimos los parámetros del modelo para generar un mapa de probabilidad de poliploidización de anfibios.

Las mayores probabilidades se encuentran principalmente en regiones ecuatoriales, de alta altitud y de altas latitudes en el hemisferio norte. En conjunto, estos resultados sugieren que la poliploidización podría verse afectada por los cambios climáticos futuros.

➤ **Palabras clave:** Autopoliploidía, alopoliploidía, redundancia génica, sitio de oviposición, variables abióticas.

ORIGEN, EVOLUCIÓN Y SISTEMÁTICA DE CRINOIDEA (ECHINODERMATA) EN BASE A DATOS FILOGENÓMICOS

ORIGIN, EVOLUTION AND SYSTEMATICS OF CRINOIDEA (ECHINODERMATA) BASED ON PHYLOGENOMIC DATA

Nicolás Mongiardino Koch[1,2*], Greg W. Rouse[2]

[1] Department of Ecology & Evolutionary Biology, Princeton University. USA.
[2] Scripps Institution of Oceanography, UC San Diego. USA.
* <nmongiardinokoch@ucsd.edu>

[ORAL]

Crinoidea es una de las cinco clases de equinodermos actuales. Conforman el grupo hermano de las restantes, de las que se diferencian por presentar apéndices especializados para anclarse al sustrato. El grupo es sumamente antiguo, originándose en el Cámbrico u Ordovícico Inferior, y alcanzando gran diversidad y dominancia ecológica en el Paleozoico. La diversidad actual es relativamente baja con sólo 684 especies descriptas, no obstante lo cual representan un componente importante de la fauna suspensívora marina. Los orígenes del grupo son inciertos, y es ampliamente discutido si representan una radiación que antecede la extinción masiva de finales del Pérmico, o si se originan en el Triásico a partir de un único linaje de sobrevivientes. En contraste con el conocimiento que se tiene de las relaciones entre principales grupos de crinoideos paleozoicos, la filogenia del grupo corona (Articulata) es incierta. Las hipótesis morfológicas se han basado en similitudes generales y carecen de sinapomorfías, mientras que los esfuerzos moleculares han sido escasos. La más reciente clasificación reconoce cuatro grupos principales: Isocrinida, Hyocrinida, Cyrtocrinida, y Comatulida. Las primeras tres presentan un hábito (semi)sésil, adhiriéndose al sustrato ya sea mediante pedúnculos largos (isocrínidos e hyocrínidos) o cementando mediante un pedúnculo corto o vestigial (cyrtocrínidos). Los comatúlidos constituyen el 90% de la diversidad actual, y son por lo general nadadores activos que utilizan cirros para anclarse de manera transitoria. Presentan un pedúnculo post larval del que se desprenden como juveniles, lo cual ha sido invocado como evidencia de derivación de formas pedunculadas. Sin embargo, datos moleculares han demostrado que los bourgueticrínidos (previamente considerados como un quinto clado) son comatulídos derivados, por lo que la polaridad de la evolución de estos caracteres no es clara. El presente trabajo reporta el primer análisis filogenómico de Crinoidea, basándose en secuencias codificantes obtenidas a partir de 19 transcriptomas/genomas y 101 librerías genómicas de exones capturados. El esfuerzo de muestreo incluye no menos de 69 géneros y 23 familias (36 y 77% del total, respectivamente) para los que se analiza un número de genes entre 350 y 1500.

Las filogenias obtenidas mediante métodos de máxima verosimilitud y coalescencia clarifican las relaciones entre los principales clados, evidencian la necesidad de una reestructuración completa de la taxonomía de Comatulida, y confirman un origen Pérmico del grupo corona. Asimismo, se explora la evolución de caracteres de valor clasificatorio y evolutivo.

➤ **Palabras clave:** Crinoideos, equinodermos, sistemática, macroevolución, reloj molecular.

EVOLUCIÓN DE LAS COMUNIDADES DE PEQUEÑOS MAMÍFEROS NO VOLADORES EN EL NOROESTE DE ARGENTINA DURANTE EL CUATERNARIO TARDÍO

EVOLUTION OF SMALL NON-FLYING MAMMAL COMMUNITIES IN NORTHWESTERN ARGENTINA DURING THE LATE QUATERNARY

Pablo E. Ortiz[1,2,3*], J. Pablo Jayat[3,4,5], Agustina Novillo[3,6]

[1] Cátedra de Paleontología, FCN e IML, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000 San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
[2] Instituto Superior de Correlación Geológica (INSUGEO), CONICET-UNT.
[3] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Tucumán.
[4] Unidad Ejecutora Lillo (CONICET- Fundación Miguel Lillo), San Miguel de Tucumán, Tucumán.
[5] Departamento de Ciencias Básicas y Tecnológicas, Universidad Nacional de Chilecito, La Rioja, Argentina.
[6] Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-UNT, Tucumán, Argentina.
* <peortizchamb@gmail.com>

[POSTER]

Los múltiples episodios climáticos del Cenozoico tardío han influenciado, a nivel global, la evolución de las comunidades de mamíferos mediante cambios en la abundancia, diversidad genética, morfología y distribución de especies. Estas respuestas interactuaron provocando episodios de inmigración, especiación y extinción, afectando a largo plazo los patrones de estabilidad, recambio biótico y diversidad. Estudiamos la evolución de las comunidades de pequeños mamíferos no voladores en el noroeste de Argentina desde el límite Pleistoceno-Holoceno hasta el presente. Comparamos siete importantes asociaciones fosilíferas provenientes del oeste de Tucumán y centro-este de Catamarca con 42 muestras modernas con el mismo origen (actividad depredadora de aves estrigiformes) y provenientes de la misma área. La evolución de la composición taxonómica y diversidad de especies (diversidad alfa y beta) fue estudiada mediante análisis estadísticos multivariados y de diversidad beta temporal. Se reconocieron cambios importantes de composición taxonómica, riqueza y abundancia entre ensambles fósiles y actuales. Los conjuntos del límite Pleistoceno-Holoceno tienen mayor riqueza que los actuales (15, 9, 12, 14 y 10 contra 12, 8, 10, 12 y 9 especies, respectivamente), presentan especies extintas, otras ausentes actualmente en el área, o una alta abundancia de formas que ahora tienen frecuencias minoritarias. Los ensambles del Holoceno tardío muestran, respecto al presente, diferencias importantes en composición y abundancia relativa, aunque exhiben una riqueza inferior (16 y 14 contra 18 y 17 especies, respectivamente). A pesar de estas diferencias, el registro fósil no está mostrando para el área ningún evento de inmigración de especies desde otras regiones, sino que es coherente con un proceso de pauperización general de las comunidades.

Sugerimos que la evolución de las comunidades de pequeños mamíferos en la región estaría estrechamente vinculada con la variabilidad ambiental del Holoceno y que, además, las actuales comunidades están reflejando la influencia de las actividades antrópicas de los últimos decenios. El estudio de muestras fósiles adicionales con cronologías precisas junto a la integración de datos a diferentes escalas temporales y espaciales permitirá una mejor comprensión de la evolución de estos mamíferos en la región.

➤ **Palabras clave:** Diversidad, ensambles fósiles, Holoceno, Pleistoceno tardío, variabilidad ambiental.

DIVERSIDAD DE LOS ESTILOS DE VIDA EN PROTEROCHAMPSIDAE (ARCHOSAURIFORMES) A PARTIR DE MODELOS ESTADÍSTICOS BASADOS EN DATOS MICROANATÓMICOS

LIFESTYLE DIVERSITY IN PROTEROCHAMPSIDAE (ARCHOSAURIFORMES) FROM STATISTICAL MODELS BASED ON MICROANATOMICAL DATA

Denis A. Ponce[1,2,3*], Laureano Carivali[4], Julia B. Desojo[3,4]

[1] Instituto de Investigación en Paleobiología y Geología (IIPG), Universidad Nacional de Río Negro, Río Negro, Argentina.
[2] Museo 'Carlos Ameghino'. Río Negro, Argentina.
[3] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
[4] División Paleontología Vertebrados, Museo de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. Buenos Aires, Argentina.
* <denispunrn@yahoo.com.ar>

[ORAL]

Proterochampsidae es un grupo de Archosauriformes triásicos de Sudamérica. Junto a Doswelliidae, conforman el clado Proterochampsia, el cual es el grupo hermano de Archosauria. De esta manera, su estudio permite reconstruir la historia evolutiva temprana del linaje de los arcosauriformes. El estilo de vida de los proterocámpsidos ha sido una cuestión históricamente debatida debido a sus características anatómicas ambiguas. En este sentido, este estudio busca estimar el hábito de los proterocámpsidos *Chanaresuchus bonapartei* (PVL 6244), *Gualosuchus reigi* (PVL 4576), *Proterochampsa barrionuevoi* (PVSJ 606) y *Tropidosuchus romeri* (PVL 4602) del Triásico Superior (Carniano–Noriano) de la Cuenca Ischigualasto-Villa Unión del NO de Argentina. Para ello, se emplearon datos microanatómicos extraídos de secciones delgadas del húmero y del fémur de los ejemplares mediante el paquete Bone ProfileR. Estos datos fueron introducidos en dos modelos estadísticos, uno para el húmero y otro para el fémur, basados en discriminantes lineales. Los resultados arrojaron un hábito terrestre para *C. bonapartei*, *G. reigi* y *T. romeri* y un hábito anfibio/acuático para *P. barrionuevoi*, los cuales son consistentes con lo informado en estudios cualitativos previos. En comparativa con los Doswelliidae, estos también registran especies con estilos de vida dispares. En un contexto filogenético más amplio dentro de Archosauriformes, se identifican especies anfibias o acuáticas solo en Crocodylomorpha dentro de Pseudosuchia y en Spinosauridae dentro de Avemetatarsalia no-Avialae. En consecuencia, la presencia de hábitos de vida anfibios/acuáticos parece haberse adquirido independientemente varias veces en Archosauriformes no-Avialae.

Palabras clave: Archosauria, Argentina, microanatomía, *Proterochampsa*, Triásico.

ACERCA DEL ORIGEN DEL HIPOCONO EN *SATSHATEMNUS BONAPARTEI*, UN UNGULADO FÓSIL DE LA FORMACIÓN RÍO LORO (PALEÓGENO TEMPRANO, PROVINCIA DE TUCUMÁN, ARGENTINA)

ON THE ORIGIN OF THE HYPOCONE IN *SATSHATEMNUS BONAPARTEI*, A FOSSIL UNGULATE FROM THE RÍO LORO FORMATION (EARLY PALEOGENE, TUCUMÁN PROVINCE, ARGENTINA)

Luis S. Saade[1*], Daniel A. García-López[1,2] , M. Judith Babot[3]

[1] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); Instituto Superior de Correlación Geológica (INSUGEO). Yerba Buena, Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán. San Miguel de Tucumán, Argentina.
[3] Unidad Ejecutora Lillo (UEL; CONICET – Fundación Miguel Lillo). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina
* <mochosaade33@gmail.com>

[ORAL]

El hipocono, una innovación clave del molar tribosfénico, ha permitido una amplia diversidad de dietas herbívoras en mamíferos, aunque su distribución filogenética es altamente homoplásica entre los Theria. Se han planteado distintas hipótesis acerca del origen de esta cúspide: a partir del postcíngulo, por un desplazamiento lingual del metacónulo o una subdivisión del protocono, considerando sólo el primer caso como un verdadero hipocono y reservando el término pseudohipocono para los demás. Determinar este origen es esencial para análisis filogenéticos de ungulados nativos sudamericanos (UNS), sobre todo teniendo en cuenta que en varios de estos linajes el hipocono derivaría de diferentes estructuras. Aquí se analiza evidencia morfológica y se comenta la naturaleza del hipocono en *Satshatemnus bonapartei*, un representante de la fauna fósil de la Formación Río Loro (?Paleoceno medio-Eoceno temprano, Tucumán, Argentina) y posiblemente grupo hermano de Notoungulata. Para esto se evaluaron las relaciones topográficas de esta cúspide en *S. bonapartei*, considerando estructuras adyacentes. Nuestros resultados descartan un origen postcingular del hipocono en esta especie, debido a la clara desconexión que se observa con el postcíngulo, y se propone la presencia de un pseudohipocono, formado a partir del metacónulo o del protocono. *Satshatemnus* carece de cónulos diferenciados (paracónulo y metacónulo) en sus molares superiores. Si bien podría considerarse al pseudohipocono como un metacónulo desplazado, no hay evidencias de tal desplazamiento, sobre todo considerando la morfología del tercer molar superior, que usualmente retiene más caracteres plesiomórficos.

En *S. bonapartei* este molar, típicamente triangular, no muestra ninguna evidencia de un metacónulo cercano al protocono. Por el contrario, esta última cúspide es la única desarrollada lingualmente, mostrando sólo una expansión distal de su pared evidenciada por una faceta de desgaste y completamente separada del postcíngulo. Esta expansión del protocono se interpreta aquí como una división incipiente de esta cúspide, que corresponde al pseudohipocono de los molares anteriores. Esta condición representa una singularidad para este taxón en el contexto de los UNS, que muestran usualmente un verdadero hipocono, excepto en el caso de los Notoungulata, reforzándose así el vínculo de la forma de Río Loro con este orden. Este trabajo subraya la importancia del establecimiento minucioso de homologías primarias aplicado al estudio de faunas paleógenas, cruciales para comprender los primeros pulsos de radiación de los placentarios herbívoros en América del Sur.

➤ **Palabras clave:** Evolución, homología serial, noroeste argentino, Pan-Perissodactyla.

➤ BUILDING A PREDATOR: MACROEVOLUTIONARY PATTERNS IN THE SKULL OF ABELISAURID DINOSAURS

CONSTRUYENDO A UN PREDADOR: PATRONES MACROEOVOLUTIVOS EN EL CRÁNEO DE DINOSAURIOS ABELISÁURIDOS

Enzo E. Seculi Pereyra[1]*, Martín D. Ezcurra[2,3], Carolina Paschetta[4,5], Ariel H. Méndez[1]

[1] Instituto Patagónico de Geología y Paleontología (CCT CONICET CENPAT). Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[2] Sección Paleontología de Vertebrados, (CONICET–Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
[3] School of Geography, Earth and Environmental Sciences, University of Birmingham, Edgbaston, Birmingham, United Kingdom.
[4] Instituto Patagónico de Ciencias Sociales y Humanas "Dra. María Florencia del Castillo Bernal" (CCT CONICET CENPAT). Puerto Madryn, Chubut, Argentina.
[5] Programa de Referencia y Biobanco Genómico de la Población Argentina, Subsecretaría de Ciencia y Tecnología, Argentina.
* <emaseculi@gmail.com>

[ORAL]

Abelisauridae is the most abundant and well-known clade of Gondwanan theropods, characterised by uniquely tall, robust, and heavily ornamented skulls. Different processes have been proposed to explain the evolution of the abelisaurid skull based on anatomical and biomechanical studies, but a quantitative analysis under an explicit macroevolutionary approach is lacking. In this study, we assess patterns of modularity, integration, and macroevolutionary trends of the abelisaurid skull by quantifying different cranial regions and bones using 2D geometric morphometrics. Our results reveal phylogenetic modularity and evolutionary correlations between neurocranium and rostral regions. High disparity and evolutionary rates are found in the occipital region, squamosal, quadratojugal, lacrimal, and postorbital. These findings suggest that the neurocranium was the primary region involved in the proportional cranial height increase in Abelisauridae. The observed patterns are linked to different feeding strategies, supporting ecological specialisation within this theropod lineage. We propose that ecological pressures were the main drivers of the skull evolution in abelisaurids, with some features co-opted for socio-sexual display. Future research should focus on evolutionary modeling to investigate patterns of evolutionary rates selection and constraints that can explain the diversification of the skull shape of this clade during the Cretaceous.

➤ **Keywords:** Modularity, integration, disparity, Abelisauridae, Late Cretaceous.

SELECCIÓN SEXUAL EN PLANTAS: LA LONGITUD DEL ESTILO MEDÍA LA COMPETENCIA ENTRE GRANOS DE POLEN

SEXUAL SELECTION IN PLANTS: STYLE LENGTH MEASURED COMPETITION BETWEEN POLLEN GRAINS

Marina Strelin[1*], Constanza Castellano[2], Marcelo Aizen[3]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET - Universidad Nacional de Córdoba), Córdoba, Argentina.

[2] Instituto de Investigación de Hidrobiología. Facultad de Ciencias de la Vida y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Trelew, Chubut.

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

* <marina.strelin85@gmail.com>

[ORAL]

Los estilos de las flores representan una arena para la competencia entre gametofitos masculinos (granos de polen) en una carrera por fertilizar los óvulos. En consecuencia, la selección sexual en plantas debería favorecer una 'carrera' más larga para discriminar mejor entre granos de polen de calidad variable. Un incremento en la longitud del estilo sería una manera de acentuar dicha competencia. Distintos factores podrían estar afectando la intensidad de la competencia entre los gametofitos masculinos que arriban al estigma de una flor, por ende, la longitud del estilo. Uno de ellos es la variabilidad genética de esos gametofitos. Esta variabilidad depende, en gran medida, del sistema de compatibilidad de la planta. En particular, una flor en una especie auto-compatible va a recibir polen producido, en gran proporción, por el esporofito que la porta. Por ende, la diversidad genética de ese polen va a ser mucho menor que la del polen que llega al estigma en una especie auto-incompatible. En esta última, el polen provendrá de una mayor diversidad de donantes. Por otra parte, la competencia entre gametofitos masculinos también podría verse favorecida, a través de estilos más largos, en especies con un menor número de óvulos. En especies con uno o muy pocos óvulos por flor, una fertilización poco exitosa implica una pérdida mucho mayor que en una especie con decenas o centenares de óvulos. En este trabajo, compilamos una base de datos de ~200 especies de angiospermas. La mitad de ellas son auto-compatibles, la otra mitad auto-incompatibles, y presentan un número variable de óvulos por flor, el cual va de uno a cientos de óvulos. Utilizando control filogenético, demostramos que la longitud del estilo en estas especies (corregida previamente por el tamaño de la flor) es mayor en especies auto-incompatibles y en especies con un menor número de óvulos.

Ambos resultados apoyan la competencia gametofítica masculina y la evolución de barreras selectivas esporofíticas, contribuyendo a la selección sexual en plantas con flores.

➤ **Palabras clave:** Apareamiento no-aleatorio, gametofito masculino, macroevolución, sistema de compatibilidad, número de óvulos.

REVISIÓN FILOGENÉTICA DE LOS CHINCHILLOIDEA (RODENTIA, CAVIOMORPHA) DEL MIOCENO MEDIO DE LA VENTA (COLOMBIA)

PHYLOGENETIC REVIEW OF THE CHINCHILLOIDEA (RODENTIA, CAVIOMORPHA) FROM THE MIDDLE MIOCENE OF LA VENTA (COLOMBIA)

Francisco J. Urrea-Barreto[1,2*], María E. Pérez[1,2], Michelle Arnal[1,3], Andrés Link[4]

1 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
2 Museo Paleontológico Egidio Feruglio. Trelew, Chubut, Argentina.
3 Museo de La Plata, Anexo Unidades de Investigación. La Plata, Buenos Aires, Argentina.
4 Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de Los Andes, Bogotá, Colombia.
* <furreabarreto@mef.org.ar>

[ORAL]

El Mioceno constituye un periodo fundamental en la evolución de numerosos mamíferos sudamericanos. Evidencia paleontológica y molecular muestra que los roedores caviomorfos que aparecieron en esa época configuraron de forma decisiva la morfología y el acervo genético de los taxones actuales. La Venta, en Colombia, es la localidad fosilífera del Mioceno Medio (16-10,5 m.a.) mejor conocida de latitudes tropicales, proporcionando una ventana única para estudiar la evolución de los roedores, el clado de mamíferos más diverso en este ensamblaje. Entre los caviomorfos allí reportados, los chinchilloideos *"Scleromys" schurmanni*, "*S*". *colombianus* y *"Drytomomys" aequatorialis* son los taxones más abundantes. Aun así, su sistemática es incierta, lo que impide comprender plenamente su historia evolutiva. A partir de nuevo material recuperado de sedimentos Laventenses y mediante su comparación con especies del Mioceno de Patagonia en Argentina, buscamos esclarecer las relaciones filogenéticas de los chinchilloideos de La Venta. Elaboramos una nueva matriz morfológica compuesta por 39 terminales (fósiles y actuales) y 118 caracteres craneales y dentales (molares superiores) y realizamos un análisis cladístico de máxima parsimonia en TNT 1.6. El consenso estricto de los 30 árboles más parsimoniosos resultantes (326 pasos) recuperó Chinchilloidea como un clado monofilético con los taxones fósiles *Chambiramys*, *Eoincamys*, *Incamys* y *Microscleromys* como *stem* Chinchillooidea. *Crown* Chinchilloidea, por su parte contiene una politomía de grado siete que incluye a *Maquiamys*, *Scleromys angustus*, *S. osbornianus*, *S. quadrangulatus*, *"S." schurmanni*, el clado Dinomydae (*Dinomys*, "*Drytomomys*" *aequatorialis*, *Josephoartigasia*, "*Scleromys*" *colombianus*, *Simplimus* y *Tetrastylus*) y un linaje que agrupa neoepiblémidos, "cefalómidos" y formas fósiles y vivientes de Chinchillidae. Un análisis iterPCR identificó a *S. angustus* y *Maquiamys* como terminales inestables.

El consenso reducido al eliminar ambos taxones sitúa a *Scleromys* (*S. osbornianus* + *S. quadrangulatus*) como parte del *stem* Chinchilloidea y a "*Scleromys*" *schurmanni*, como grupo hermano de Dinomyidae. Se espera que la inclusión de más caracteres permita obtener la resolución de la posición de *S. angustus* y por tanto determinar la composición del género. De acuerdo con los análisis los *"Scleromys"* de La Venta no constituyen un clado monofilético y *"S". colombianus* no pertenece a *Scleromys*. Este último, junto con los otros dinómidos conforman un linaje monofilético que comparte un patrón pentalofodonte y la presencia de paracóndilos como sinapomorfías. Estos resultados preliminares complementan propuestas previas sobre la sistemática de la superfamilia y revelan importantes patrones sobre la evolución temprana de Chinchilloidea, así como sobre el origen de Dinomyidae.

➤ **Palabras clave:** Caviomorpha, Dinomyidae, Scleromys, Mioceno Medio.

Sesión libre / 9

Enseñanza de la Evolución

Ensino da Evolução

➤ LA EXPLICACIÓN DEL ORIGEN DE LA CÉLULA EUCARIOTA. UN ANÁLISIS HISTÓRICO EPISTEMOLÓGICO SOBRE SU CONSTITUCIÓN

THE EXPLANATION OF THE ORIGIN OF THE EUKARYOTIC CELL. A HISTORICAL-EPISTEMOLOGICAL ANALYSIS OF ITS CONSTITUTION

Joaquin Alvarez Soria*, Eduardo Enrique Lozano

Centro de Estudios e Investigación en Educación (CEIE), Universidad Nacional de Río Negro, Rio Negro, Argentina.

* <jasoria@unrn.edu.ar>

[ORAL]

El origen de la célula eucariota (OCE) constituye uno de los temas más controvertidos de la biología evolutiva. Este trabajo presenta, desde un enfoque histórico-epistemológico, un recorrido por los distintos modelos que han intentado explicar dicho fenómeno entre fines del siglo XIX y el siglo XX, con especial énfasis al tipo de razonamiento modélico-abductivo que ha sustentado su elaboración a lo largo del tiempo. Se identifica una línea explicativa que se inicia a fines del siglo XIX, cuando algunos investigadores comienzan a considerar plausible que ciertas organelas —como mitocondrias y cloroplastos— tengan un origen simbiótico, a partir de asociaciones entre organismos previamente independientes. Esta línea se reactualiza y consolida en los años sesenta con los trabajos de la bióloga Lynn Margulis, ya en el marco institucionalizado del campo del OCE, momento en el que también emergen modelos desarrollados desde visiones gradualistas. Desde este enfoque, distintos autores asumen el compromiso teórico de construir modelos explicativos del origen eucariota basados en procesos internos de diferenciación estructural, como invaginaciones y evaginaciones sucesivas de membranas plasmáticas. Lejos de ser excluyentes, estas propuestas han nutrido el debate y contribuido al desarrollo de un consenso en torno a la complejidad del fenómeno. La intención de esta ponencia es ofrecer material relevante para la enseñanza del eje curricular sobre la Naturaleza de la Ciencia (NOS), atendiendo a cómo el estudio histórico del OCE permite visibilizar el papel creativo y conjetural de la abducción en la elaboración de modelos, así como su función representacional en la construcción del conocimiento. Se postula que trabajar con este tipo de casos puede enriquecer la formación del profesorado de biología, al promover una mirada epistemológicamente informada sobre la ciencia y facilitar experiencias didácticas que articulen contenido disciplinar y reflexión metacientífica.

➤ **Palabras clave:** Evolución celular, razonamiento modélico-abductivo, naturaleza de la ciencia, enseñanza de la biología.

➤ ESTUDIO HISTÓRICO-EPISTEMOLÓGICO SOBRE MODELOS PROTISTAS Y SUS IMPLICANCIAS PARA LA ENSEÑANZA METACIENTÍFICA

HISTORICAL-EPISTEMOLOGICAL STUDY ON PROTIST MODELS AND THEIR IMPLICATIONS FOR META-SCIENTIFIC TEACHING

Carrasco Lucas*, Lozano Eduardo

Universidad Nacional de Río Negro. Centro de Estudios e Investigación en Educación (CEIE). Río Negro, Argentina.
* <lrcarrasco@unrn.edu.ar>

[ORAL]

El modelo Protista es una representación científica simplificada acerca de un grupo parafilético de organismos eucariotas unicelulares y pluricelulares, que pueden definirse por exclusión: porque no son bacterias, hongos, animales ni plantas. El objetivo de este trabajo es presentar una propuesta de enseñanza basada en la modelización, que integre al modelo Protista algunas ideas claves de carácter metacientífico, es decir, aspectos centrales sobre cómo se construyeron y validaron distintos modelos acerca de estos organismos y de qué manera los paradigmas científicos han influido en su evolución. Estas ideas se diseñaron a partir de un análisis histórico-epistemológico, utilizando fuentes bibliográficas históricas de Ernst Haeckel y de John Hogg, naturalistas del siglo XlX, cuyos modelos de clasificación reflejaban paradigmas científicos opuestos: Hogg los clasificó desde una perspectiva creacionista, mientras que Haeckel lo hizo desde un enfoque evolutivo darwiniano. Del estudio se vinculan dos ideas centrales para abordar la enseñanza de la naturaleza de la ciencia en el aula: la construcción de modelos científicos y la noción de paradigmas en la ciencia. La relevancia de este estudio reside en difundir una propuesta de enseñanza orientada a desarrollar una comprensión crítica de la naturaleza de la ciencia en contextos educativos universitarios.

➤ **Palabras clave:** Naturaleza de la ciencia, modelo protista, modelo cognitivo de ciencia escolar.

ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN: LA IMPORTANCIA DE INCORPORAR LA SÍNTESIS EVOLUTIVA EXTENDIDA (SEE)

TEACHING EVOLUTION: THE IMPORTANCE OF INCORPORATING THE EXTENDED EVOLUTIONARY SYNTHESIS (EES)

Natalia E. Gomiz[1,2*]

[1] Instituto Superior de Formación Docente 174, Villa Ballester, Provincia de Buenos Aires.
[2] Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Bs. As. (IEGEBA). CABA Argentina.
* <noctiluca.neg@gmail.com>

[POSTER]

Usualmente la enseñanza de la evolución biológica en secundario y en educación superior no suelen reflejar las discusiones actuales en esta área. Si bien el nuevo diseño curricular para el profesorado de biología de la provincia de Buenos Aires incluye aportes de la Síntesis Evolutiva Expandida (SEE), estos cambios aún no se han plasmado en lo que concretamente se aborda en las escuelas. Los programas y la bibliografía escolar suelen presentar los viajes de Darwin, luego Darwin vs Lamarck, como si hubiesen sido contemporáneos, y terminan con la Teoría Sintética de la Evolución (TSE). No suelen tratar la relación del neodarwinismo con la eugenesia, los hallazgos actuales de la genética molecular que son relevantes en la teoría evolutiva y las últimas discusiones abiertas post TSE. Sería de interés debatir en las aulas contenidos de la SEE como la teoría de los equilibrios puntuados, la posibilidad de múltiples niveles de selección (no sólo el individuo), la teoría neutralista, la deriva génica, la teoría simbiogenética, etc. Abordar distintas temáticas relacionadas con la SEE podría ser útil para sortear ciertos obstáculos epistemológicos o limitaciones como el reduccionismo, al enseñar la herencia estructural, citoplasmática, epigenética, o el determinismo al tratar la construcción de nicho o la causación recíproca. Es preciso que los estudiantes consideren la simbiosis como mecanismo evolutivo, que conozcan las teorías de L. Margulis y su concepto de Holobionte, retomado por I. Zilber-Rosenberg y E. Rosenberg en su teoría de la evolución hologenómica, para vincular la evolución biológica a numerosos estudios médicos, genómicos y microbiológicos que vienen demostrando la relación estrecha que existe entre la microbiota humana (y al parecer todos los macroorganismos) y las características fisiológicas y psicológicas de los individuos. El abordaje de estas teorías podría contribuir a la formación de ideas más holísticas en los estudiantes, acerca de la unidad de la vida y la evolución de los seres vivos como una continuidad a lo largo del tiempo.

Las ideas de la evolución biológica en el sentido común suelen estar cargadas de preconceptos como la frase tautológica de Spencer "Supervivencia del más apto", el malthusianismo, la competencia y el individualismo, ideas que fueron basadas en un paradigma filosófico capitalista, antropocéntrico y colonialista. Sería de interés discutir estos aspectos y brindar un panorama más amplio, una visión de la ciencia abierta a discusiones y no dogmática.

➤ **Palabras clave:** Teoría evolutiva expandida, simbiogénesis, enseñanza.

➤ EL OSO DE ANTEOJOS: UN HECHO CIENTÍFICO PARA PENSAR LA SELECCIÓN NATURAL. FUNDAMENTOS EPISTEMOLÓGICOS, DISCIPLINARES Y DIDÁCTICOS PARA EL DISEÑO DE UNA UNIDAD DIDÁCTICA

THE SPECTACLED BEAR: A SCIENTIFIC FACT FOR THINKING ABOUT NATURAL SELECTION. EPISTEMOLOGICAL, DISCIPLINARY, AND DIDACTIC FOUNDATIONS FOR DESIGNING A TEACHING UNIT

Disneyla Navarro Bolaño[1*], Rafael Amador-Rodríguez[2]

[1] Facultad de Ciencias de la Educación Universidad Tecnológica de Pereira, Risaralda, Colombia.
[2] Instituto de Estudios en Educación-IESE Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia.
* <d.navarro@utp.edu.co>

[ORAL]

Se proponen los fundamentos teóricos para el diseño de una Unidad Didáctica (UD), entendida como la secuencia de actividades que tiene como propósito la progresión gradual y enseñanza de modelos científicos, en este caso del Modelo de Evolución por Selección Natural (MESN). El diseño de unidades didácticas se convierte en una estrategia de formación docente que articula componentes de orden epistemológico, disciplinar y didáctico. Desde lo *epistemológico,* se fundamenta en la visión semanticista de Ronald Giere, quien define los modelos científicos como las diferentes maneras en la que los científicos representan el mundo, atribuyendo de significados los fenómenos naturales, a partir de esta perspectiva se propone la Actividad Científica Escolar, haciendo referencia a la modelización de fenómenos en el aula de ciencias. Desde lo *disciplinar*, es necesario realizar una revisión sistemática de la literatura, profundizando en el meta-análisis de los reportes de investigaciones que abordan la enseñanza del MESN y, a su vez del fenómeno de adaptación, permitiendo determinar qué modelo es aceptado actualmente por la ciencia, identificando de esta manera los aspectos que lo definen, por ejemplo la variabilidad genética azarosa, la reproducción diferencial, entre otros; esto requiere por parte del profesor un conocimiento riguroso del contenido que enseña. Desde lo *didáctico*, varios investigadores evidencian la complejidad de la enseñanza del MESN, considerándolo un modelo difícil de aprender y enseñar. Se propone entonces un conjunto de actividades contextualizadas y potentes teóricamente, que promuevan un proceso de modelización en el aula de ciencias a través de un hecho científico denominado 'el pulgar flexible del oso de anteojos'. Por todo lo anterior, esta ponencia tiene como objetivo principal plantear una ruta metodológica que permita el diseño de una UD, que incite a pensar en los rasgos adaptativos no desde el sentido común sino desde el MESN aceptado por la ciencia.

➤ **Palabras clave:** Enseñanza de la Selección Natural, actividad científica escolar, unidad didáctica, adaptación biológica.

ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN BIOLÓGICA EN FUTUROS PROFESORES DE CIENCIAS: OBSTÁCULOS Y DESAFÍOS DESDE LA FORMACIÓN INICIAL

TEACHING BIOLOGICAL EVOLUTION TO FUTURE SCIENCE TEACHERS: OBSTACLES AND CHALLENGES FROM PRE-SERVICE TRAINING

Nelson A. Velásquez*, Sandra Araya-Crisóstomo

Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.
* <nvelasquez@ucm.cl>

[POSTER]

La formación de una ciudadanía integral requiere la comprensión de fenómenos importantes para la vida cotidiana, tales como la resistencia de las bacterias a los antibióticos, a plagas agrícolas e insecticidas, o las dificultades en el control de enfermedades como el VIH, entre otras, donde resulta fundamental el manejo de conceptos básicos sobre la Evolución. Es así como la Evolución constituye un tema central y estructurante en la biología, es un principio explicativo fundamental dentro de las ciencias de la vida y nos permite entender características fundamentales del mundo. A su vez, posee un carácter integrativo, ya que es un eje que unifica diversas disciplinas biológicas (*e.g.*, genética, biología molecular, ecología) para explicar fenómenos y mecanismos complejos. A esto se suma su contribución a la tan anhelada alfabetización científica, ya que no solo explica la diversidad de especies y adaptaciones de plantas y animales, sino que también da explicación a fenómenos biológicos, conductuales y sociales del ser humano, como, por ejemplo, la esquizofrenia, intolerancia a la lactosa, evolución del cerebro, las fobias, al diseño de vacunas, fármacos y trasplantes, entre otras. Sin embargo, pese a su importancia, investigaciones en didáctica de las ciencias biológicas demuestran que los estudiantes no comprenden los mecanismos que explican la Evolución y mantienen errores conceptuales, debido a dificultades que no resultan fáciles de superar, como son los obstáculos epistemológicos. El objetivo del presente estudio fue identificar obstáculos epistemológicos sobre Evolución biológica en futuros profesores de ciencia, y a partir de estos implementar una propuesta pedagógica para la enseñanza de la Evolución con foco en los obstáculos epistemológicos identificados. Para ello se aplicó un pre-test sobre conocimientos de Evolución donde participaron 10 estudiantes del curso de Evolución de Pedagogía en Ciencias de una universidad chilena. Se identificaron los principales obstáculos epistemológicos (pensamiento teleológico, ideas lamarckianas, escalas de tiempo geológicas, entre otras) y se desarrolló e implementó una propuesta pedagógica, que incluyó la presentación de seminarios y escritura de ensayos sobre distintos temas evolutivos.

Al finalizar el curso se aplicó un post-test, cuyos resultados reflejaron un impacto positivo de la propuesta, principalmente en el obstáculo epistemológico sobre teleología, donde las respuestas correctas del post-test aumentaron entre un 40% y un 100% en relación al pre-test.

➤ **Palabras clave:** Obstáculos epistemológicos, concepciones alternativas, evolución, propuesta pedagógica.

Reconocimiento

a socios honorarios

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

RECONOCIMIENTO A LA PRIMERA SOCIA HONORARIA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA (SABE), DRA. ALICIA NOEMÍ SÉRSIC

RECOGNITION TO THE FIRST HONORARY MEMBER OF THE ARGENTINE SOCIETY OF EVOLUTIONARY BIOLOGY (ASEB), DR. ALICIA NOEMÍ SÉRSIC

Dana L. Aguilar[1], M. Cristina Acosta[1], Matías C. Baranzelli[1], Santiago Benítez-Vieyra[1], Lourdes Boero[1], G. Andrés Camps[2], Santiago Castillo[1], María Soledad Chiabrando[1], Andrea Cocucci[1], Andrea Cosacov[1], Santiago Costas[1], Lucrecia Díaz[1], M. Eugenia Drewniak[1], Gabriela Ferreiro[1], Adrián Giaquinta[1], Evangelina Glinos[1], M. Laura González[1], Ana C. Ibáñez[1], E. Andrés Issaly[1], Juliana V. Izquierdo[1], Constanza C. Maubecin[1], A. Martin Medina[3], Marcela Moré[1], Rahul Raveendran Nair[1], Valeria Paiaro[1], Mariana Pereyra[1], Mauricio Renny[1], Nicolás Rocamundi[4], María Sosa Pivatto[1], Florencia Soteras[1], M. Ignacio Stefanini[1], Marina Strelin[1], Cecilia Trujillo[5], Corina Vissio[1], A. Pía Wiemer[1]

[1] Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (CONICET – Universidad Nacional de Córdoba), Córdoba, Argentina.
[2] Instituto de Investigación Biológica del Paraguay (IIBP), Asunción, Paraguay.
[3] Ministerio de Ambiente y Economía Circular de la provincia de Córdoba, Córdoba, Argentina.
[4] Facultad de Turismo y Ambiente, Universidad Provincial de Córdoba, Córdoba, Argentina.
[5] Universidad Nacional de Entre Ríos - Universidad Autónoma de Entre Ríos, Paraná, Entre Ríos, Argentina.

En la ciudad de San Miguel de Tucumán y en el marco del II Congreso Latinoamericano de Evolución y VI Reunión Argentina de Biología Evolutiva, la Asamblea de Socios de la Sociedad Argentina de Biología Evolutiva (SABE), resolvió nombrar como Socia Honoraria a la Dra. Alicia N. Sérsic, de acuerdo al art. 9 del estatuto: "Serán socios Honorarios aquellos que por méritos personales en su labor científica o práctica en el estudio y/o divulgación de la Biología Evolutiva, o servicios presentados a la asociación, se hagan merecedores de la distinción". Reproducimos a continuación los fundamentos de esta decisión.

> «ALICIA NOEMÍ SÉRSIC ha sido docente de la Universidad Nacional de Córdoba e Investigadora del CONICET en el Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral del Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) en Córdoba, Argentina, durante más de 25 años. A lo largo de su trayectoria académica, Alicia generó una red de estudios en múltiples sistemas que contribuyeron a entender los factores que moldean la evolución de las especies de plantas con especial énfasis en el rol de los procesos geoclimáticos pasados y las interacciones de polinización.

Dra. Alicia Noemí Sérsic.

»Con un profundo conocimiento de la historia natural de la flora sudamericana, una gran vocación y compromiso por la labor científica, se destaca en su carrera la constante expansión de líneas de investigación posibilitando el surgimiento de diversos abordajes dentro de la biología evolutiva.

»En esta multiplicidad de investigaciones, ha dirigido numerosas tesinas y tesis de posgrado, y ha posibilitado la formación de jóvenes investigadoras e investigadores, en áreas vinculadas a la ecología evolutiva, la biogeografía, la biología de la conservación, entre otros. La enorme generosidad, el entusiasmo y la curiosidad han caracterizado la labor científica de Alicia, quien nunca dudó en emprender y apoyar proyectos que ampliaban las aproximaciones desde las que venía trabajando, siempre fomentando el trabajo colectivo y la divulgación de estos conocimientos en distintos contextos.

»Alicia tuvo un rol seminal en la creación de la Sociedad Argentina de Biología Evolutiva, ya que fue ella quien motorizó la primer Reunión Argentina de Biología Evolutiva, realizada en Córdoba en el año 2015, evento fundacional para la constitución de la SABE años después. Por la labor científica que comenzó con sus primeras observaciones de abejas y flores en los bosques andinos patagónicos y que luego se diversificó prolíficamente y por su papel fundamental en la gestación de la SABE, hoy la reconocemos como Socia Honoraria de la Sociedad Argentina de Biología Evolutiva».

Muestra itinerante

Enseñanza de la Evolución para personas con discapacidad

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina

EXPOSICIÓN ITINERANTE: TOCAR PARA APRENDER: ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN PARA PERSONAS CON DISCAPACIDAD

TRAVELING EXHIBITION: TOUCH TO LEARN: TEACHING EVOLUTION FOR PEOPLE WITH DISABILITIES

M. Judith Babot[1*], M. Carolina Madozzo Jaén[2]

[1] Fundación Miguel Lillo-Unidad Ejecutora Lillo, CONICET. Tucumán, Argentina.
[2] Facultad de Ciencias Naturales-UNT-INSUGEO, CONICET. Tucumán, Argentina.
* <mjbabot@lillo.org.ar>

En el marco del Simposio "EduEvo: diversas perspectivas en la enseñanza de la evolución" desarrollado en el II Congreso Latinoamericano de Evolución se presentó la muestra itinerante "Tocar para aprender: enseñanza de la evolución para personas con discapacidad". Esta actividad, inicialmente realizada en Mendoza, consistió en la exposición de materiales relacionados con la evolución de la encefalización y de los órganos de los sentidos en Sparassodonta, un clado de metaterios carnívoros fósiles que habitaron América del Sur durante la mayor parte del Cenozoico. Entre los elementos presentados, todos ellos adaptados a personas con discapacidad, se incluyeron impresiones en 3D de encéfalos, oídos internos y cráneos de icónicos representantes de este grupo (*e.g.*, el tigre dientes de sable marsupial *Thylacosmilus atrox*), imágenes estereoscópicas y anteojos asociados, una línea del tiempo del Fanerozoico de 50 m de largo, diversos materiales didácticos (*e.g.*, juegos de memoria, mapas imantados de distribución de fósiles argentinos) y elementos relacionados al trabajo paleontológico. La muestra se materializó en una actividad interactiva realizada en el Museo Lillo donde asistieron cuatro instituciones con grupos de adolescentes y jóvenes con distintos tipos de discapacidad. En esta jornada, los asistentes (50 en total) pudieron interactuar con investigadores e investigadoras que pusieron a disposición su conocimiento y materiales de trabajo para ofrecer una visión lo más completa posible del quehacer paleontológico y de la evolución de algunos de los vertebrados fósiles más llamativos (arcosaurios y mamíferos carnívoros). Ambos eventos fueron coorganizados entre Fundación Miguel Lillo, Facultad de Ciencias Naturales (UNT), Fundación Minka y IANIGLA (CONICET-Mendoza) y fueron posibles por la colaboración de Virginia Abdala (FCN-IBN), Gabriela Fontanarrosa (IBN), Ana Isas (FML), Pablo Pereyra (FML), Laura Basco (FML), Christophe Hendrickx (UEL), Camila Medina (FCN), Camila Reina (FCN), Gaby Brandán (FCN), Colección Paleontología de Vertebrados Lillo (PVL-FCN), Juliette Gualdron (IANIGLA), Daniel García-López (FCN) y personal del Museo de Ciencias Naturales Miguel Lillo (FML).

Fundación Miguel Lillo
Tucumán – Argentina