

ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 63
Suplemento

XIII Reunión Argentina
de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019
San Miguel de Tucumán, Argentina

Resúmenes



Fundación Miguel Lillo

TUCUMÁN - ARGENTINA

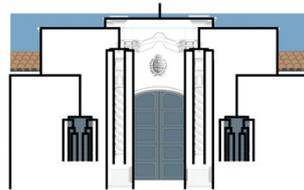
— 2 0 1 9 —

Acta zoológica lilloana

Volumen **63** (Suplemento)

Resúmenes de la XIII Reunión Argentina de Cladística y Biogeografía

San Miguel de Tucumán, Argentina
8 al 10 de abril de 2019



Fundación Miguel Lillo
Ministerio de Educación de la Nación
Tucumán – República Argentina

Acta zoológica lilloana

Es una publicación científica semestral de la Fundación Miguel Lillo, que tiene como objetivo difundir trabajos originales sobre zoología; entre otros, estudios sistemáticos, morfológicos, ecológicos, fisiológicos, genéticos, histológicos, etológicos y zoogeográficos. Los trabajos son evaluados por árbitros externos. Correo electrónico: actazoolologica@lillo.org.ar

ISSN 0065-1729

2019, Fundación Miguel Lillo

Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, (T4000JFE) San Miguel de Tucumán, Argentina
Teléfax +54 381 433 0868 / www.lillo.org.ar

Editor

Mariano Ordano (Fundación Miguel Lillo y CONICET / Unidad Ejecutora Lillo, Tucumán, Argentina).

Editor gráfico

Gustavo Sánchez (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Editor web

Andrés Ortiz (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Secretaría editorial

Felipe Castro (Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina).

Pamela Gómez (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Eduardo Martín (Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina).

María del Pilar Medina Pereyra (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Guido van Nieuwenhove (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Florencia Vera Candiotti (CONICET / Unidad Ejecutora Lillo, Tucumán, Argentina).

María Paula Zamudio (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Consejo editorial

María de las Mercedes Azpelicueta (Universidad Nacional de La Plata y CONICET, Buenos Aires, Argentina).

Julián Bueno-Villegas (Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Hidalgo, México).

Margarita Chiaraviglio (Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina).

Guillermo L. Claps (Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina).

José Antonio Corronca (Universidad Nacional de Salta y CONICET, Salta, Argentina).

Ada Echevarría (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

David Flores (Fundación Miguel Lillo y CONICET / Unidad Ejecutora Lillo, Tucumán, Argentina).

Adriana Azucena Michel (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Juan J. Morrone (Universidad Nacional Autónoma de México, Distrito Federal, México).

Gustavo Moya-Raygoza (Universidad de Guadalajara, Guadalajara, México).

Paola Peltzer (Universidad Nacional del Litoral y CONICET, Santa Fe, Argentina).

Marcela Peralta (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Juan Timi (Universidad Nacional de Mar del Plata y CONICET / Unidad de Investigaciones Marinas y Costeras, Buenos Aires, Argentina).

Julián R. Torres Dowdall (Universität Konstanz, Baden-Württemberg, Alemania).

Fernando Zagury Vaz-de-Mello (Universidade Federal de Mato Grosso, Mato Grosso, Brasil).

Comité editorial (editores asociados)

Juan Pedro Bouvet (Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Concordia, INTA, Entre Ríos, Argentina).

Sonia B. Canavelli (Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Paraná, INTA, Entre Ríos, Argentina).

Mario Luis Chatellenaz (Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina).

Néstor Ciocco (Universidad Nacional de Cuyo y CONICET / Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas, Mendoza, Argentina).

Carlos Andrés Cultid Medina (Centro Regional del Bajío, Instituto de Ecología, A.C., Michoacán, México).

María Elisa Fanjul (Fundación Miguel Lillo y Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina).

Guillermo Gil (Administración de Parques Nacionales / Centro de Investigaciones Ecológicas Subtropicales, Misiones, Argentina).

Andrea Ximena González Reyes (Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina).

María de los Ángeles Hernández (Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Chubut, Argentina).

Marta Lizarralde (CONICET / Centro Austral de Investigaciones Científicas, Tierra del Fuego, Argentina).

María Alejandra Maglianesi (Escuela de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Estatal a Distancia, San José, Costa Rica).

Patricia Marconi (Fundación Yuchán, Salta, Argentina).

Mariano Merino (Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina).

Segundo Núñez-Campero (CONICET / Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja, La Rioja, Argentina).

Gabriela Núñez Montellano (Universidad Nacional de Salta y CONICET / Instituto de Bio y Geociencias del NOA, Salta, Argentina).

Massimo Olmi (Università degli Studi della Tuscia, Viterbo, Italia).

Facundo Xavier Palacio (Universidad Nacional de La Plata y CONICET, Buenos Aires, Argentina).

Nicoletta Righini (Universidad Nacional Autónoma de México, Michoacán, México).

Miguel E. Rodríguez Posada (Universidad Nacional de Colombia y Pontificia Universidad Javeriana, Capital, Colombia).

Fátima Romero (Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina).

Jorge R. Ronderos (Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina).

Roman Ruggera (Universidad Nacional de Jujuy y CONICET / Instituto de Ecorregiones Andinas, Jujuy, Argentina).

Mariano S. Sánchez (Universidad Nacional de Misiones y CONICET / Instituto de Biología Subtropical, Misiones, Argentina).

Natalia Schroeder (CONICET / Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas, Mendoza, Argentina).

Claudia Szumik (CONICET / Unidad Ejecutora Lillo, Tucumán, Argentina).

Eduardo Virla (Fundación Miguel Lillo y CONICET / Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, Tucumán, Argentina).

Consultas bibliográficas

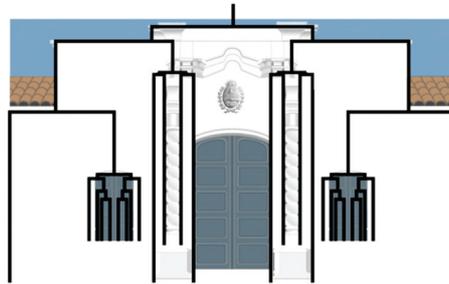
Centro de Información Geo-Biológico del Noroeste Argentino, Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, (T4000JFE) San Miguel de Tucumán, Argentina. Correo electrónico: maprieto@lillo.org.ar

Ref. bibliográfica: *Acta Zoológica Lilloana* 63 (Suplemento), 2019. «Resúmenes de la XIII Reunión Argentina de Cladística y Biogeografía».

Propiedad intelectual N° 315450. Derechos protegidos por Ley 11.723
Editado en Argentina

XIII Reunión Argentina de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019
San Miguel de Tucumán, Argentina



Durante los días 8, 9 y 10 de abril de 2019 se realizó en Tucumán la XIII Reunión Argentina de Cladística y Biogeografía. La misma fue un éxito en número de participantes, países representados y nivel científico de las presentaciones. La sede de este encuentro fue la Fundación Miguel Lillo. Los 90 participantes pudieron disfrutar de 17 charlas organizadas en 4 simposios (Paleontología y Filogenia, Filogenias Moleculares, Historia de los Estudios Cladísticos en Argentina y Biogeografía Neotropical). En estos simposios participaron los investigadores más importantes de Argentina y renombrados investigadores internacionales provenientes de Brasil, Chile, España y Ecuador. Se dictaron dos conferencias plenarias —una dictada por el Dr. Pablo Goloboff y la otra por el Dr. Xing Xu—; además hubo 15 comunicaciones orales y 30 posters relacionados. El impacto regional de la reunión puede observarse en la diversidad de países de origen de los representantes: Argentina, Brasil, Paraguay, Ecuador, Colombia, Bolivia, México y Chile.

Comisión Organizadora

Dr. Santiago A. Catalano (Presidente)
Dra. Valentina Segura (Vice-Presidenta)
Biol. Ambrosio Torres (Tesorero)
Lic. Rubén Andrada
Dr. Salvador Arias
Lic. Carolina Correa
Dr. David Flores
Lic. Raquel Gandolfo
Ph.D. Pablo A. Goloboff
Dra. Laura Juárez
Dra. Alejandra Molina
Lic. Macarena Moreno Ruiz Holgado
Mag. Alejandra Pardo
Dr. Duniesky Ríos Tamayo

Comité Científico

Dr. Ignacio Escapa (Presidente, CONICET-MEF)
Dra. Valentina Segura (Editora libro de resúmenes, CONICET-UEL)
Dr. Lone Aagesen (CONICET-IBODA)
Dr. Salvador Arias (CONICET-UEL)
Dra. Dolores Casagrande (CONICET-UEL)
Dra. Amelia Chemisquy (CONICET-CRILAR)
Dra. María Marta Cigliano (CONICET-CEPAVE)
Dra. Viviana Confalonieri (CONICET-UBA)
Dra. Andrea Cosacov (CONICET-IMBIV)
Dr. Martin Ezcurra (CONICET-MACN)
Dr. David Flores (CONICET-UEL)
Dr. Norberto Giannini (CONICET-UEL)
Dr. Pablo Goloboff (CONICET-UEL)
Dra. Laura Juárez (CONICET-UEL)
Dr. Duniesky Ríos Tamayo (CONICET-UEL)
Dr. Sergio Roig (CONICET-IADIZA)

Colaboradores

Karen Escalante
Sofía Rotger
Gonzalo Bravo
Sebastián Dakak
Elizabeth Álvarez

Contenido

Áreas de endemismo y especiación reciente en el Cono Sur usando <i>Senecio</i> (Asteraceae) como proxy	13
Elías, Gabriela Del Valle; Lone Aagesen	
Relaciones filogenéticas de una nueva especie de <i>Jenynsia</i> (Cyprinodontiformes: Anablepidae)	14
Aguilera, Gastón; Felipe Alonso; Guillermo Terán; Julián Torres Dowdall; Juan Marcos Mirande	
Evolución de variables aerodinámicas tradicionales en murciélagos (Mammalia: Chiroptera) en un marco filogenético comprehensivo	15
Amador, Lucila; Francisca Almeida; Norberto Giannini	
Inestabilidad filogenética en un clado de la familia Podocarpaceae (Orden Araucariales)	16
Andruchow Colombo, Ana; Ignacio H. Escapa; Lone Aagesen	
Un modelo biogeográfico de eventos bajo una geografía dinámica	16
Arias, J. Salvador	
Análisis biogeográfico del Paraguay a través de la identificación de áreas de endemismos utilizando plantas, insectos, anfibios, reptiles y aves	17
Ávila Torres, Rubén Ignacio	
Evolución de la masa corporal en la filogenia de paleognatas actuales y fósiles	18
Bertelli, Sara; Norberto Giannini	
Relaciones filogenéticas de un ejemplar de Sebecidae (Mesoeucrocodylia: Sebecosuchia) del Paleoceno tardío de la Provincia de Jujuy	18
Bravo, Gonzalo Gabriel; Jorge R. Flores; Daniel A. García-López; Diego Pol	
Análisis preliminar sobre la diversificación y evolución comportamental en el clado <i>Liolaemus wiegmannii</i> (Iguania: Liolaemidae): La historia de los lagartos arenícolas	19
Bulacios Arroyo, Ana Lucia; Sabrina Noelia Portelli; Thomas Hibbart; Mario Ruiz Monachesi; Andrés Sebastián Quinteros; Cristian Simón Abdala	

Filogenia morfológica del Nodo 2 de Amycoida (Araneae: Salticidae: Salticinae)	20
Bustamante, Abel; Gustavo Ruiz	
Análisis de Endemismo de la fauna de peces de la Cuenca del Rio Dulce, Minas Gerais y Espírito Santo, Sudoeste de Brasil	21
Casagrande, M. Dolores; Luisa Maria Sarmiento-Soares; Ronaldo Fernando Martins-Pinheiro	
Biogeografía cladística de los bosques montanos húmedos de México	22
Castro-Torreblanca, Marisol; David Espinosa; Isolda Luna-Vega; Alfredo Bueno-Hernández	
Modificaciones a PASOS para el análisis de ontogenias de caracteres de forma con muestreos reducidos de individuos: uso de funciones de interpolación	22
Catalano, Santiago Andrés; Valentina Segura; Florencia Vera Candiotti	
Evaluación de la utilidad de rasgos morfogeométricos del cráneo de marsupiales didélfidos (Didelphimorphia: Didelphidae) para reconstruir su filogenia	23
Chemisquy, M. Amelia; Cristo Romano Muñoz; Sergio D. Tarquini; Francisco J. Prevosti	
Análisis filogeográfico en el zorro chilla (<i>Lycalopex griseus</i> , Carnivora: Canidae)	24
Morinigo, Facundo M.; M. Amelia Chemisquy	
Cladística en Acridoidea (Insecta: Orthoptera) Sudamericanos	24
Cigliano, María Marta	
Áreas de endemismo en la provincia de Tucumán: concordancia con propuestas biogeográficas previas	25
Correa, Carolina María	
Filogenómica: ¿concatenar o no concatenar?	26
Almeida, Francisca C.; Juan Hurtado; Esteban Hasson	
Filogenia del género <i>Melanophryniscus</i> (Anura: Bufonidae) en base a caracteres morfogeométricos	27
Deforel, Facundo; Santiago Catalano; Diego Baldo; María Florencia Vera Candiotti	

Patrones de distribución del género <i>Cotinis</i> (Coleoptera: Scarabaeidae) en Mesoamérica	28
Gutiérrez Velázquez, Ana Lilia; Héctor Jaime Gasca Álvarez; Cuauhtémoc Deloya	
Estudio filogenético combinado para el orden Equisetales y el origen de <i>Equisetum</i> (Equisetaceae)	29
Elgorriaga, Andrés; Ignacio H. Escapa; Néstor R. Cúneo; Gar Rothwell; A. Mihai Tomescu	
Revisión de la musculatura submandibular en Anura: sinapomorfías y novedades en un sistema diverso	30
Elias-Costa, Agustín J.; Katyuscia Araujo-Vieira; Julián Faivovich	
Volver al futuro: plantas fósiles y morfología cuando no queda (casi) nada por secuenciar	30
Escapa, Ignacio; Santiago A. Catalano	
Relaciones filogenéticas, diversidad y evolución de las ranas arborícolas del nuevo mundo	31
Julián Faivovich	
Explorando metodologías alternativas en filogenómica: evaluación empírica de métodos de inferencia filogenética basados en duplicaciones génicas aplicados a la sistemática animal	32
Fernández, Rosa	
Análisis filogenético de la Tribu Chrysopini (Chrysopidae: Chrysopinae) en base a caracteres morfológicos y moleculares	32
Gandolfo, Raquel	
Filogenias de aves que no vuelan y de mamíferos que vuelan	33
Giannini, Norberto P.	
Parsimonia y métodos basados en modelos: resumen quinquenal	34
Goloboff, Pablo A.	
Cladística Comparativa: identificando causas de diferencias en resultados para datasets morfológicos alternativos	34
Goloboff, Pablo A., Sereno, Paul C.	
Sistemática y Biogeografía del Género <i>Camelobaetidius</i> (Ephemeroptera: Baetidae) en América	35
González, Juan Cruz; Rafael Boldrini; Federico Falcão Salles; Ana María Oliveira Pes; Carolina Nieto	

Origen del género sudamericano <i>Petrichus</i> (Araneae: Philodromidae): ¿holártico o austral? Eventos de vicarianza en común con otros artrópodos codistribuidos	36
Griotti, Mariana; Sergio Roig-Juñent	
Variación ontogenética filogenéticamente informativa en ranas de la subfamilia Leiuperinae (Anura: Leptodactylidae)	37
Grosso, Jimena; Diego Baldo; Darío Cardozo; Francisco Kolenc; Claudio Borteiro; Marianna I. R. de Oliveira; Marcelo F. Bonino; Diego A. Barrasso; Florencia Vera Candiotti	
Revelando los patrones de diversidad y distribución de las serpientes neotropicales	38
Guedes, Thaís B.	
Áreas de endemismo con vectores Neotropicales de Leishmaniasis	39
Liria, Jonathan; Iomar Sánchez; María Dora Feliciangeli; Claudia Szumik	
Filogenia de Chiroptera mediante parámetros de ecolocalización	40
Liria, Jonathan; Sarah Martin-Solano	
Analizando el uso de una matriz existente para proponer una nueva reconstrucción filogenética de la Tribu Exoprosopini (Diptera: Bombyliidae)	41
Márquez Acero, Ángela Sabrina; Juan Manuel Vidal García; Carlos José Einicker Lamas	
Zoogeografía del Cusco	42
Marquina, Edgar; Abdhiel Bustamante; Erick Yabar; Araseli Elme; Javier Amaru; Doralí Zuñiga, Lilia Halanocca, Malu Jaramillo	
La historia sin fin: filogenia de escorpiones	42
Mattoni, Camilo Iván	
Actinopterygii: Órdenes fósiles y desórdenes recientes	43
Mirande, Juan Marcos; Emilia Sferco; Adriana López-Arbarello	
Filogenia y biogeografía del género americano <i>Leptohyphes</i> (Ephemeroptera: Leptohyphidae)	44
Molineri, Carlos; Oscar Ascuntas-Osnas; María del Carmen Zúñiga; Blanca Cecilia Ramos	
Análisis biogeográfico de Myrteae (Myrtaceae) usando GEM	44
Nadra, María Gabriela; Salvador Arias; Norberto Pedro Giannini	

Análisis filogenético y biogeográfico de <i>Periboeum</i> (Insecta: Coleoptera: Cerambycidae)	45
Nascimento, Francisco E. de L.; José Ricardo M. Mermudes; Juan Pablo Botero	
¿Podrá <i>Obama</i> invadir el mundo? Distribución potencial de <i>O. nungara</i> (Platyhelminthes: Geoplanidae), la planaria terrestre neotropical que colonizó Europa	46
Negrete, Lisandro; Marina Lenguas Francavilla; Víctor Hugo Merlo Alvarez; Cristina Damborenea; Francisco Brusa	
Análisis filogenético de las arañas Anyphaeninae (Araneae: Anyphaenidae)	47
Oliveira, Luiz Fernando Moura; Antonio Domingos Brescovit	
Dinámica de nacimiento y muerte de genes en vertebrados y qué tan comparable son sus genomas	47
Juan C. Opazo	
Origen y relaciones de los tres grandes grupos de dinosaurios: patrones de homoplasia y la monofilia de Saurischia	48
Pol, Diego; Oliver W.M. Rauhut	
Sistemática y biología evolutiva de arañas. Una visión global desde el sur	48
Ramírez, Martín	
Posición filogenética de dos nuevos géneros de <i>Philonthina</i> (Coleoptera: Staphylinidae) para la región Neotropical	49
Ramírez-Salamanca, José; Mariana Chani-Posse	
Evolución molecular de las proteínas de la subfamilia Indeterminate Domain (IDD): la conquista de la tierra	50
Prochetto, Santiago; Renata Reinheimer	
Revisión sistemática y filogenia del género <i>Lepthercus</i> (Araneae: Mygalomorphae) y descripción de un género nuevo	50
Ríos-Tamayo, Duniesky; Robin Lyle	
Dos especies nuevas del género <i>Elmas</i> (Coleoptera: Staphylinidae) de Perú y sus relaciones filogenéticas	51
Rodríguez, Maryzender; Angélico Asenjo; Luis Pérez	
Cladule: Usando algoritmos filogenéticos para encontrar distribuciones de horarios óptimas	52
Roffé, Ariel	

Uso de semilandmarks en filogenias: un caso de estudio en marsupiales didélfidos	52
Saguir, Sergio Omar; Santiago Andrés Catalano; David Flores	
Filogenia morfológica de un clado neotropical de Euophryini con espiral embólica reducida (Araneae: Salticidae)	53
Salgado, Alexandre; Gustavo Ruiz	
Filogenia morfológica de Neonella-Darwinneon (Araneae: Salticidae: Euophryini)	54
Salgado, Alexandre; Gustavo Ruiz	
Estatus taxonómico de <i>Akodon simulator</i> (Cricetidae: Sigmodontinae) en Argentina: aproximaciones filogeográfica y colorimétrica	55
Sandoval, María Leonor; Ignacio Ferro; Raúl E. González-Iltig; Cristina N. Gardenal; Rubén M. Barquez	
Regionalización biogeográfica de la Zona de Transición Mexicana de Montaña, basada en la distribución de plantas y vertebrados	56
Santiago- Alvarado, Margarita; Gerardo Rivas; Isolda Luna-Vega; David Espinosa	
Análisis filogenético de Rhodniini, combinando marcadores moleculares y morfométricos	57
Soto-Vivas, Ana; Jonathan Liria; Efraín De Luna	
Desenredando los agrupamientos en Anisembiidae (Embioptera)	57
Szumik, Claudia; Verónica V. Pereyra; M. Laura Juárez	
Filogenia de <i>Astyanax</i> (Characiformes: Characidae)	58
Terán, Guillermo; Mauricio Benitez; J. Marcos Mirande	
Prediciendo la incongruencia entre parsimonia y verosimilitud en estudios filogenómicos: apoyo, niveles taxonómicos e incongruencia entre genes	59
Torres, Ambrosio; Pablo A. Goloboff; Santiago A. Catalano	
Nuevos descubrimientos de dinosaurios del Jurásico Medio-Tardío de China	59
Xu, Xing	
Reconstrucción Filogenética en la paleontología de dinosaurios y sus implicancias en el estudio del origen de las aves	60
Xu, Xing	

Áreas de endemismo y especiación reciente en el Cono Sur usando *Senecio* (Asteraceae) como proxi

Elías, Gabriela Del Valle¹; Lone Aagesen^{2*}

¹ Departamento de Ciencias Básicas y Tecnológicas, Universidad Nacional de Chilecito, ruta Los Peregrinos s/n, Chilecito, La Rioja, Argentina.

² Instituto de Botánica Darwinion (ANCEFN-CONICET), Labardén 200, Casilla de Correo 22, 1642HYD San Isidro, Buenos Aires.

* laagesen@darwin.edu.ar

Nos propusimos identificar Áreas de Endemismo (AEs) en el Cono Sur de Sudamérica, utilizando el género *Senecio* (Asteraceae) como proxi. El uso de un proxi permite llevar a cabo un estudio de endemidad a gran escala en un tiempo relativamente corto, esperando que las AEs definidas por el proxi reflejen AEs taxonómicamente amplias y/o señalen regiones de interés para futuros estudios. Elegimos el género *Senecio* como proxi, por ser el género de plantas vasculares más numeroso en el Cono Sur con especies adaptadas a todos los ambientes terrestres. Analizamos la distribución de 200 especies de *Senecio* endémicas del Cono Sur, aplicando el criterio de optimalidad implementado en el programa VNDM. Encontramos que estas especies forman 16 AEs que coinciden con varias AEs y/o patrones de distribución definidos en trabajos anteriores incluyendo trabajos de filogeografía. En consecuencia, *Senecio* aparece como un proxi adecuado para estudios de endemidad. Sin embargo, debido al reciente origen del género, las AEs identificadas por *Senecio* indican áreas de neoendemismo o de reciente especiación. El género no es adecuado para identificar AEs de paleoendemismo. Los resultados obtenidos con *Senecio* señalan a los ambientes Altoandinos como las principales áreas de neoendemismo en el Cono Sur, con el pico de máxima endemidad encontrado en el AE Altoandino Cuyano—un AE no identificada en estudios anteriores. Sin embargo, hacia el sur el ecotono entre la estepa Patagónica y el bosque templado subantártico aparece con un nivel de endemismo comparable al de los ambientes Altoandinos de la misma latitud.

Relaciones filogenéticas de una nueva especie de *Jenynsia* (Cyprinodontiformes: Anablepidae)

Aguilera, Gastón^{1*}; Felipe Alonso²; Guillermo Terán¹; Julián Torres Dowdall³; Juan Marcos Mirande¹

¹ Fundación Miguel Lillo (FML), Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán.

² Instituto de Bio y Geociencias del NOA (IBIGEO-CONICET), 9 de Julio 14, 4405, Rosario de Lerma, Salta, Argentina.

³ Zoology and Evolutionary Biology, Department of Biology, University of Konstanz, Germany.

* gaguilera@lillo.org.ar

Una nueva especie de *Jenynsia* fue descubierta en un arroyo con alta concentración de azufre en Jujuy, Noroeste de Argentina. Estos arroyos presentan condiciones ambientales extremas que sólo unas cuantas especies de vertebrados pueden tolerar. Estas especies presentan a menudo adaptaciones morfológicas y moleculares que les permiten sobrevivir en ambientes hipóxicos y tóxicos. Las relaciones filogenéticas de esta nueva especie fueron analizadas a nivel familia. La matriz analizada estuvo integrada por 22 taxones, incluyendo las 3 especies fósiles conocidas, y se combinaron 71 caracteres morfológicos con datos moleculares del gen mitocondrial *COX1* y del gen nuclear *SH3PX3*, según disponibilidad. Se realizó un análisis de haplotipo del gen *COX1* entre especies cercanamente relacionadas. El análisis filogenético ubicó a *Jenynsia sp.n* como especie hermana de *J. alternimaculata*, la cual corresponde a una especie que se encuentra en la misma cuenca hídrica, en hábitats sin sulfuro. La inclusión de *Jenynsia sp.n* produjo la resolución de una tricotomía que se presentaba en hipótesis filogenéticas previas, incluyendo *J. tucumana*, *J. obscura* y *J. alternimaculata*. El análisis de haplotipo reveló que *Jenynsia sp.n* presenta dos mutaciones únicas que resultan en sustituciones de aminoácidos, relacionados a mecanismos fisiológicos de detoxificación, las cuales son convergentes a las encontradas en Poeciliidae que habitan ambientes con azufre. De nuestros resultados se puede inferir que la selección impuesta por la presencia de H₂S ha resultado en la divergencia entre *J. sp.n* y *J. alternimaculata*, y que potencialmente ha servido como una barrera al flujo génico.

Evolución de variables aerodinámicas tradicionales en murciélagos (Mammalia: Chiroptera) en un marco filogenético comprehensivo

Amador, Lucila^{1*}; Francisca Almeida²; Norberto Giannini^{1,3,4}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB: UBA-CONICET), Ciudad Universitaria, Pab. 2, Piso 4, Buenos Aires, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, UNT, Miguel Lillo 205, 4000, Tucumán, Argentina.

⁴ American Museum of Natural History (AMNH), Division of Vertebrate Zoology, Department of Mammalogy, Central Park West at 79th Street, 10024, New York, USA.

* amadorlucila@gmail.com

Los murciélagos son los únicos mamíferos capaces de vuelo propulsado. Aunque las bases biomecánicas del vuelo en murciélagos están bien establecidas, la evolución de las variables aerodinámicas aún no está comprendida. En este trabajo determinamos los patrones macroevolutivos de variables aerodinámicas tradicionales (carga alar, relación de aspecto, índice de forma del extremo alar) en una filogenia comprehensiva de Chiroptera, usando datos para 378 especies actuales y 8 fósiles eocénicos basales. Las variables fueron optimizadas como caracteres continuos siguiendo el criterio de parsimonia. Además, se ajustaron modelos de evolución de caracteres en un marco Bayesiano identificando cambios en los óptimos. Según ambas aproximaciones, el morfotipo ancestral reconstruido presentó baja carga alar y una relación de aspecto baja/intermedia, permaneciendo mayormente invariable a lo largo de la primera mitad de la evolución de Chiroptera (Paleógeno). Esto puede interpretarse como selección estabilizadora respondiendo a fuertes restricciones impuestas por la ecolocación y el vuelo sobre el tamaño corporal, y a restricciones físicas relacionadas a la eficiencia aerodinámica actuando sobre la forma alar. Algunos grupos evolucionaron morfotipos aerodinámicos nuevos durante la segunda mitad de la evolución de Chiroptera (Neógeno). La especialización convergente de Molossidae y Taphozoinae (Emballonuridae) hacia un vuelo rápido y resistente para cazar insectos en vuelo en ambientes abiertos estuvo asociada con cambios tanto en carga alar como en relación de aspecto. Los cambios aerodinámicos más notables estarían relacionados con una liberación de las restricciones impuestas por la ecolocación (Pteropodidae), cambios en la dieta (Phyllostomidae, Noctilionidae), o ventajas frente a cambios ambientales (Molossidae, Taphozoinae).

Inestabilidad filogenética en un clado de la familia Podocarpaceae (Orden Araucariales)

Andruchow Colombo, Ana^{1,2*}; Ignacio H. Escapa^{1,2*}; Lone Aagesen^{2,3}

¹ Museo Paleontológico Egidio Feruglio (MEF), Av. Fontana 140, 9100, Trelew, Argentina.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Godoy Cruz 2290, 1425, CABA, Argentina.

³ Instituto de Botánica Darwinion (IBODA), Labardén 200, 1642, San Isidro, Argentina.

* aandruchow@mef.org.ar

Más de una decena de filogenias moleculares en las coníferas Podocarpaceae han sido publicadas en las últimas décadas. La mayoría de estos trabajos recuperan dos grandes clados para la familia: el clado tropical, con 11 géneros y 175 especies, y el clado prumnopityoide, con 7 géneros y 23 especies. Las relaciones filogenéticas entre los géneros del clado tropical se han mantenido estables entre los sucesivos estudios. Sin embargo, este no es el caso para los géneros que comprenden el clado prumnopityoide, que conforman agrupamientos variables en los distintos análisis y muestran, comparativamente, valores bajos de soporte. Nuestros objetivos fueron: (1) realizar un análisis integrando la mayor cantidad posible de secuencias disponibles para determinar las relaciones filogenéticas de la familia; (2) probar si el muestreo genético diferencial tomado por los distintos autores pudo haber ocasionado la diversidad de topologías postuladas para el clado prumnopityoide. Para esta contribución compilamos la matriz molecular más amplia utilizada hasta ahora para un análisis filogenético de la familia (9 marcadores nucleares y plastídicos; 158/198 especies de Podocarpaceae, 35 de Araucariaceae y una de Cupressaceae). El consenso estricto de los árboles más parsimoniosos recupera la monofilia de los géneros de la familia Podocarpaceae y la de los grandes clados obtenidos en estudios previos. Dentro del clado prumnopityoide recuperamos un clado de hojas escamosas como hermano del género *Prumnopitys*. Además, mediante un remuestreo de bloques, determinamos que el muestreo diferencial de marcadores en nuestra matriz de datos influyó en las relaciones intergenéricas recuperadas para el clado prumnopityoide.

Un modelo biogeográfico de eventos bajo una geografía dinámica

Arias, J. Salvador^{1,2}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina. jsalarias@csnat.unt.edu.ar

La biogeografía filogenética ha tenido grandes avances en los últimos 20 años, con el desarrollo de métodos basados en eventos, y de métodos explícitamente geo-

gráficos. Aunque autores y usuarios de todos estos métodos han reconocido la importancia de la tectónica de placas para la inferencia biogeográfica, ninguno la ha utilizado de forma cuantitativa y objetiva, sino como un parámetro subjetivo de la tasa de dispersión entre áreas, o como inferencias *post-hoc* al finalizar el análisis. El objetivo del presente trabajo es presentar un método que es (1) basado en eventos biogeográficos, tanto cladogenéticos (vicarianza, simpatria, evento fundador), como anagenéticos (dispersión, extinción); (2) es geográficamente explícito, ya que en vez de áreas predefinidas utiliza los rangos geográficos de los terminales, así como que infiere rangos geográficos de los ancestros, usando un modelo geográfico de datos (un *raster*); y (3) la geografía es dinámica, es decir que la posición geográfica de cada pixel es estimada en diferentes momentos del tiempo, basada en un modelo tectónico explícito, que incluye además datos paleogeográficos (tierra emergida, mares epicontinentales). Se discuten las estructuras de datos y algoritmos que permiten hacer este tipo de análisis, así como posibles ampliaciones utilizando información paleoclimática.

Análisis biogeográfico del Paraguay a través de la identificación de áreas de endemismos utilizando plantas, insectos, anfibios, reptiles y aves

Ávila Torres, Rubén Ignacio

Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biología, Campus San Lorenzo, Paraguay. riavilat@gmail.com

El objetivo del presente trabajo fue el establecimiento de patrones biogeográficos del Paraguay a través del análisis e identificación de áreas de endemismos de la biodiversidad existente en el territorio, para ello se empleó una matriz compuesta por 8117 registros de 300 especies, incluyendo 100 especies de plantas, 50 especies de insectos, 50 especies de anfibios, 50 especies de reptiles y 50 especies de aves, que fueron analizados en conjunto, a través del método de Análisis de Endemicidad con celdas de 0,3, 0,4 y 0,5 grados de latitud y longitud y a través del método de Interpolación Geográfica de Endemismos. Se ha logrado identificar a través del método de Análisis de Endemicidad 156 áreas de endemismos, resumidas en 29 áreas de consenso, 4 en el Chaco y 25 en la Región Oriental. A través del método de interpolación geográfica de endemismos, se obtuvo 3 áreas de endemismos, 2 en el Chaco y uno en la Región Oriental, estableciéndose de esta forma patrones biogeográficos en todo el territorio del Paraguay. Mediante la comparación de las áreas de endemismo encontradas, con las diferentes hipótesis biogeográficas publicadas y los sitios protegidos del Paraguay, se logró identificar y proponer 3 áreas prioritarias de conservación basadas en la riqueza endémica de su biota a saber, la ecorregión del pantanal ubicada en el extremo Noreste del Chaco, el Chaco central y la cordillera de los Altos.

Evolución de la masa corporal en la filogenia de paleognatas actuales y fósiles

Bertelli, Sara^{1,2*}; Norberto Giannini^{1,3}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Naturales e IML, Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

* sbertelli@lillo.org.ar

Palaeognathae es el clado basal de Neornithes, que incluye a las neotropicales Tinamidae o perdices, las ratites (las actuales kiwis, emús, avestruces, casuare y ñandúes, y las recientemente extintas moas y aves elefantes), y otras aves fósiles como *Lithornis*, *Palaeotis* y *Diogenornis* del Eoceno temprano (~55 millones de años). El tamaño corporal en el grupo varía desde grandes aves como la extinta *Aepyornis maximus* con un peso estimado de 409 kg a la perdiz enana *Taoniscus nanus* de 45 gramos. En este trabajo reconstruimos la evolución del tamaño corporal de las paleognatas en base a la optimización de datos de masa corporal cuidadosamente curados de taxa actuales y fósiles. La estimación más reciente del tamaño corporal del ancestro de paleognatas fue de 3,5-5 kg y ese valor se hereda en el ancestro de Tinamidae. En contraste, nuestra estimación de esta masa corporal ancestral es mayor, con numerosos cambios en los linajes de ratites y una fuerte reducción en el linaje de Tinamidae.

Relaciones filogenéticas de un ejemplar de Sebecidae (Mesoecrocodylia: Sebecosuchia) del Paleoceno tardío de la Provincia de Jujuy

Bravo, Gonzalo Gabriel^{1*}; Jorge R. Flores²; Daniel A. García-López^{1,3}; Diego Pol⁴

¹ Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Finnish Museum of Natural History, University of Helsinki; Unioninkatu 44, 00170, Helsinki, Finland.

³ Instituto Superior de Correlación Geológica, CONICET, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

⁴ Museo Egidio Feruglio, Avenida Fontana 140, 9100, Trelew, Chubut, Argentina.

* gonzagbravo@gmail.com

Diferentes unidades del Cretácico y Paleógeno de América del Sur han aportado a la diversidad taxonómica y morfológica de Sebecosuchia, un clado cuyas relaciones filogenéticas son controversiales debido a la disponibilidad de material mayormente fragmentario y numerosas homoplasias existentes en Crocodyliformes carnívoros terrestres. Las formaciones del Subgrupo Santa Bárbara (Paleógeno) del noroeste

argentino (NOA) aportaron numerosos taxones y ejemplares inéditos a Sebecidae, un grupo que actualmente cuenta con ocho géneros. Un ejemplar proveniente de la Formación Mealla (Sierra de Mal Paso, Jujuy) se incluyó en un análisis filogenético, que se realizó mediante búsquedas heurísticas bajo pesos iguales y pesos implicados extendidos para evaluar su posición filogenética. El análisis se realizó en base a la modificación de una matriz publicada de 113 taxones y 441 caracteres, constituyendo una importante muestra de Crocodyliformes. Los resultados del análisis y el conjunto de características que lo distinguen indican que el ejemplar PVL 2606 representa un nuevo taxón de Sebecosuchia perteneciente a la familia Sebecidae y que se anida dentro de un clado interno formado por las especies del género *Sebecus* y los ejemplares de las formaciones Lumbrera Superior y Lumbrera Inferior (Salta), con quienes comparte numerosas similitudes particularmente concentradas en el cráneo. Este resultado sugiere la presencia de un clado endémico del NOA registrado al menos desde el Paleoceno tardío hasta la segunda mitad del Eoceno, con una historia evolutiva particular dado su contexto paleobiogeográfico y taxonómico.

Análisis preliminar sobre la diversificación y evolución comportamental en el clado *Liolaemus wiegmannii* (Iguania: Liolaemidae): La historia de los lagartos arenícolas

Bulacios Arroyo, Ana Lucia^{1*}; Sabrina Noelia Portelli²; Thomas Hibbart²; Mario Ruiz Monachesi²; Andrés Sebastián Quinteros²; Cristian Simón Abdala^{1,3}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Instituto de Bio y Geociencias del NOA (CONICET- Universidad Nacional de Salta), 9 de Julio 14, 4405, Salta, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo 205, 4000, Tucumán, Argentina.

* analubula87@gmail.com

Liolaemus, es el segundo género de lagartos más especiado en la actualidad. Filogenéticamente, se han propuesto numerosos grupos y sub-grupos dentro de él y uno de ellos es el clado *Liolaemus wiegmannii* conformado, hasta el momento, por 13 especies válidas. La mayoría de estas especies presentan un marcado endemismo, con la excepción de *L. wiegmannii* que tiene una amplia distribución en Argentina y Uruguay. Al tratarse de un grupo tan especializado en su hábitat, con un comportamiento particular de ocultamiento en el interior de la arena (enterramiento), resulta importante identificar su historia evolutiva y en qué momento pudo comenzar tal comportamiento dentro del grupo y si estuvo asociado a posibles eventos geológicos. En este trabajo, se propone una nueva hipótesis filogenética por evidencia total, mapeando la evolución del comportamiento y procesos del mismo entre las especies. A su vez, se estima la tasa de diversificación del grupo y los eventos geológicos asociados a la misma. Finalmente, se realiza un análisis biogeográfico para hipotetizar qué

procesos pudieron favorecer la distribución actual del grupo *Liolaemus wiegmanni*. Los resultados preliminares de este estudio, sugieren que el grupo comenzó a diversificarse alrededor de los 19 Ma, asociado a la formación de la cadena montañosa de los Andes, transgresiones marinas y formación del Arco Peripampásico. Se discute la posible incidencia de estos eventos en la aparición de este comportamiento como mecanismo de defensa en estas especies.

Filogenia morfológica del Nodo 2 de Amycoida (Araneae: Salticidae: Salticinae)

Bustamante, Abel^{1,2*}; Gustavo Ruiz¹

¹ Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Rua Augusto Corrêa, 01, 66075-110, Belém, PA, Brasil.

² Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Universidade Federal do Pará / Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brasil.

* a.bustamanteferrada@gmail.com

Salticidae es la familia de arañas más diversa, con más de 6100 especies en más de 630 géneros. La subfamilia Salticinae incluye 93% de estas especies y se divide en dos grandes linajes: 1) el clado Salticoida, con más de 420 géneros y de distribución mundial; y 2) el clado Amycoida, con un poco más de 60 géneros de distribución principalmente neotropical. Entre las nueve tribus que componen Amycoida, las tribus Scopocirini, Thiodinini y Sarindini forman un clado (llamado originalmente como «nodo 2 de Amycoida»- N2A) poco soportado por caracteres moleculares, pero con una posible sinapomorfía morfológica: espermatecas globulares posicionadas anteriormente en relación con los ductos espiralados concéntricamente. Si bien estas tres tribus están relacionadas, algunos géneros presentan incongruencias entre los análisis con datos moleculares y su morfología. Para estudiar las relaciones filogenéticas y la monofilia de los géneros de N2A, se está construyendo una matriz de ~105 caracteres morfológicos, codificados para 40 especies de N2A (cuatro de Scopocirini, 22 de Thiodinini y 14 de Sarindini), representando todos los géneros pertenecientes a este clado, así como posibles nuevos géneros. Usando como grupo externo a representantes de Lyssomaninae, Lapsiini, Salticoida y Amycoida, el análisis de los datos soporta la monofilia de N2A y de los géneros *Scopocira*, *Gypogyna*, *Hyetussa*, *Cyllodania*, *Tartamura*, *Titanattus*, *Arachnomura*, *Simprulla* y *Zuniga*. Sin embargo, la monofilia de *Thiodina*, *Atomosphyrus*, *Sarinda* y *Martella* no es soportada. Con base en estos resultados es posible proponer una reclasificación para los géneros de N2A, incluyendo nuevos sinónimos, diagnosis y nuevos géneros.

Análisis de Endemismo de la fauna de peces de la Cuenca del Río Dulce, Minas Gerais y Espírito Santo, Sudoeste de Brasil

Casagrande, M. Dolores^{1*}; Luisa Maria Sarmiento-Soares^{2,3,4};
Ronaldo Fernando Martins-Pinheiro⁵

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal- Universidade Federal do Espírito Santo. Prédio Bárbara Weinberg- Campus de Goiabeiras, 29043-900, Vitória- ES, Brasil.

³ Instituto Nacional da Mata Atlântica, INMA, Av. José Ruschi 4, 29650-000, Santa Teresa, ES, Brasil.

⁴ Programa de Pós-Graduação em Ecologia- Universidade Estadual de Feira de Santana. Av. Transnordestina s/no. - Novo Horizonte, 44036-900, Feira de Santana- BA, Brasil. ⁵Instituto Nossos Riachos, INR, Estrada de Itacoatiara, 356 c4, 24348-095, Niterói, RJ.

* dolores.casagrande@gmail.com

La Cuenca del Río Dulce es uno de los mayores sistemas de agua dulce del sudeste brasileño y representa la principal provisión de agua de la región. Esta cuenca ha sido intensamente explotada por diversas industrias, constituyéndose en un recurso económico central. En 2015, la explosión de dos diques de contención de la minera Samarco en Mariana, Minas Gerais, liberó 60 millones de toneladas de residuos mineros que llegaron al Río Dulce, contaminándolo en su recorrido y desembocando en el océano Atlántico. Los alcances del daño ocasionado por esta catástrofe y las perspectivas de recuperación ambiental continúan siendo evaluados. A pesar de su importancia, el conocimiento acerca la biodiversidad y las dinámicas biológicas de la cuenca del Río Dulce es escaso y disperso. En el presente trabajo analizamos la distribución de 208 especies de peces de la cuenca a fin de identificar áreas de endemismos (AE) mediante un Análisis de Endemicidad. Los datos fueron obtenidos antes del evento ambiental mencionado, a partir de revisiones y colectas directas. Nuestros resultados identifican 9 AEs a lo largo de la cuenca, en concordancia con las unidades de análisis propuestas por el «*Plano Integrado de Recursos Hídricos da Bacia do Rio Doce*», y permiten reconocer áreas de máxima diversidad y áreas habitadas por especies en peligro. Esperamos que esta contribución represente el primer paso hacia un esquema biogeográfico completo de la cuenca del Río Dulce, y que los datos presentados contribuyan al desarrollo de planes de manejo y recuperación de la cuenca.

Biogeografía cladística de los bosques montanos húmedos de México

Castro-Torreblanca, Marisol^{1,2*}; David Espinosa²; Isolda Luna-Vega³; Alfredo Bueno-Hernández²

¹ Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM. Apartado Postal 70-153, 04510 Ciudad de México, México.

² Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM. Av. Batalla del 5 de mayo s/n Col. Ejército de Oriente, Iztapalapa. Apartado Postal 70-153,04510, 09230, Ciudad de México, México.

³ Departamento de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 Ciudad de México, México.

* balam_mampar@hotmail.com

Los bosques montano-húmedos de México (BMH) están constituidos por un mosaico de especies de afinidad neártica, neotropical y nativa, por lo que son considerados uno de los ecosistemas más complejos respecto a su origen, composición y fisonomía. El interés principal de este trabajo fue realizar un análisis de biogeografía cladística para corroborar la hipótesis de concordancia distribucional entre las áreas de BMH de México. Se llevaron a cabo tres análisis biogeográficos cladísticos a partir de 23 cladogramas filogenéticos, repartiéndolos en tres capas temporales: Mioceno, Plioceno y Pleistoceno. Los cladogramas obtenidos en las tres capas temporales analizadas coinciden con la formación de eventos vicariantes, que junto con la historia climática dinámica han promovido la diversificación de la biota de los BMH de México a diferentes escalas temporales.

Modificaciones a PASOS para el análisis de ontogenias de caracteres de forma con muestreos reducidos de individuos: uso de funciones de interpolación

Catalano, Santiago Andrés^{1,2*}; Valentina Segura¹; Florencia Vera Candiotti¹

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e IML - UNT. Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

* sacatalano@gmail.com

Recientemente hemos publicado un método para el análisis filogenético de ontogenias de caracteres de forma descriptas a partir de configuraciones de *landmarks* (PASOS; Catalano, Segura & Vera Candiotti 2019). El método utiliza el criterio de parsimonia no sólo para determinar las formas ancestrales a lo largo de la ontogenia en cada nodo interno del árbol sino también para determinar los posibles cambios en el tiempo de desarrollo (*i.e.*, cambios heterocrónicos). En su implementación original, el método requiere tomar datos a lo largo de toda la trayectoria ontogenética, lo que impide su uso cuando el muestreo de especímenes es reducido. Presentamos aquí

una modificación a PASOS para poder trabajar con ontogenias con muestreos incompletos. Para ello, las trayectorias ontogenéticas se completan interpolando formas intermedias utilizando una aproximación basada en promedios móviles ponderados. El análisis de datos reales indica que la función de interpolación permite el uso de PASOS en *datasets* con muestreos mucho más reducidos que los originalmente necesarios.

Evaluación de la utilidad de rasgos morfogeométricos del cráneo de marsupiales didélfidos (*Didelphimorphia: Didelphidae*) para reconstruir su filogenia

Chemisquy, M. Amelia^{1,2*}; Cristo Romano Muñoz¹; Sergio D. Tarquini¹; Francisco J. Prevosti^{1,2}

¹ Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR), Provincia de La Rioja, UNLaR, UNCa, SEGEMAR, CONICET, Mendoza y Entre Ríos s.n., 5301, Anillaco, La Rioja, Argentina.

² Departamento de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR), Av. Luis M. de la Fuente s.n., Ciudad Universitaria de la Ciencia y de la Técnica, 5300, La Rioja, Argentina.

* amelych80@gmail.com

Análisis ecomorfológicos y evolutivos, utilizando morfometría geométrica en el cráneo de didélfidos, mostraron que la filogenia es el factor más influyente en la forma. Nuestro objetivo es evaluar la utilidad de estos datos morfogeométricos para reconstruir la filogenia de la familia *Didelphidae*. Mediante MG en 2D analizamos el cráneo en vista dorsal (63 landmarks), ventral (70 landmarks) y lateral (28 landmarks) de 200 especímenes representando 37 especies de 13 géneros. Realizamos una búsqueda con 500 RAS, seguido por TBR, guardando 10 árboles en cada RAS, y se comparó el árbol obtenido con filogenias moleculares. Obtuvimos un árbol de 13,99681 pasos en el que se recuperaron 8 nodos de la filogenia molecular. De los nodos recuperados solamente los de *Didelphini* y *Metachirus* como género hermano de *Didelphini* pertenecen a grandes grupos, el resto son nodos terminales que agrupan a un par de especies. Si bien la tribu *Thylamyni* no resultó monofilética, la mayoría de sus miembros se ubicaron cercanos en el árbol, y esto mismo sucedió con *Monodelphys*. *Caluromys*, si bien tuvo una posición basal en el árbol, forma un clado con especies de *Thylamys*, *Marmosa* y *M. (Micoureus)*. La vista lateral fue el carácter menos variable en el árbol. Si bien se recuperaron pocos nodos, y la mayoría terminales, la ubicación de los taxones es coherente con los cambios observados en las configuraciones de *landmarks*, por ejemplo la ubicación de *Monodelphis* se debe en gran parte a una reducción de la caja craneana, carácter que es muy marcado en *Didelphini*.

Análisis filogeográfico en el zorro chilla (*Lycalopex griseus*, Carnivora: Canidae)

Morinigo, Facundo M.^{1*}; M. Amelia Chemisquy^{1,2}

¹ Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR), Provincia de La Rioja, UNLaR, UNCa, SEGEMAR, CONICET, Mendoza y Entre Ríos s.n., 5301, Anillaco, La Rioja, Argentina.

² Departamento de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR), Av. Luis M. de la Fuente s.n., Ciudad Universitaria de la Ciencia y de la Técnica, 5300, La Rioja, Argentina.

* Facundo-morinigo@hotmail.com

De las seis especies del género *Lycalopex*, tres se encuentran en nuestro país: *L. gymnocercus* (zorro pampeano), *L. griseus* (zorro chilla) y *L. culpaeus* (zorro colorado). Las tres presentan una gran distribución, ocupando diferentes ecorregiones del país, y extendiéndose hacia países limítrofes. *Lycalopex griseus* habita gran parte del país, excepto la Mesopotamia, siendo la especie de menor tamaño. Al tener una dieta generalista, pueden adecuarse a diferentes ambientes, tanto naturales como urbanizados. Nuestro objetivo es analizar la estructura genética de *L. griseus* utilizando herramientas filogeográficas. Se amplificaron los marcadores mitocondriales COI y CytB para alrededor de 40 individuos de distintas regiones del país, obteniéndose secuencias de alrededor de 500pb para cada uno. Estos se analizaron concatenados y por separado. Los datos se analizaron mediante redes de haplotipos y estadísticamente con el D de Tajima, el F de Fu y un análisis de Mismatch. Los resultados de los tests indicarían que la especie tuvo una expansión reciente y, según las redes, no habría estructuración geográfica, ya que los haplotipos que se encuentran son pocos, están separados por pocos pasos mutacionales, y son compartidos por ejemplares de diferentes ecorregiones. Esta expansión reciente podría deberse a que la especie, al ser generalista, podría seguir la expansión urbana, aprovechando el avance agrícola-ganadero en distintas regiones del país. Futuros análisis que permitan estimar cuán reciente es esta expansión nos permitirán dilucidar si esos son los motivos o si se debe a causas un poco más distantes en el tiempo.

Cladística en Acridoidea (Insecta: Orthoptera) Sudamericanos

Cigliano, María Marta^{1,2}

¹ División Entomología, Museo de La Plata, UNLP, Paseo del Bosque S/N, 1900, La Plata, Argentina.

² Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE), CONICET-UNLP, Argentina. cigliano@fcnym.unlp.edu.ar

El estado de conocimiento de las tucuras y langostas neotropicales, particularmente las especies que habitan en la Argentina y países limítrofes, ha crecido en

forma considerable en las últimas décadas y el establecimiento de las relaciones filogenéticas entre sus miembros ha sido motivo central de estudio desde el comienzo de mi carrera científica. Los problemas enfrentados en mis primeros trabajos fueron superados gracias a ciertos avances de la metodología cladística que serán expuestos en esta charla. Asimismo, a través de la comparación entre algunas de mis primeras publicaciones y algunas de las más recientes, analizaré la evolución de la cladística en función al tipo y número de caracteres utilizados, número de taxones y metodologías aplicadas. Ejemplificaré la aplicación de la cladística en la delimitación de especies, clasificación, biogeografía y biología evolutiva a lo largo de mi carrera. Presentaré también un estudio sobre la diversificación de un género de acridios andinos integrando la cladística con el modelado de nicho ecológico. Como conclusión considero que la tendencia hacia una sistemática más integradora que incluya evidencia de datos morfológicos, paleontológicos, biogeográficos (georreferenciados), moleculares, junto con métodos que permitan una mayor síntesis, mejorará considerablemente nuestra capacidad para evaluar la precisión de nuestras hipótesis sobre las relaciones evolutivas de los organismos.

Áreas de endemismo en la provincia de Tucumán: concordancia con propuestas biogeográficas previas

Correa, Carolina María

Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina. correa.carolinamaria@gmail.com

En Argentina, Tucumán es la provincia más pequeña, con una superficie de 22524 km². Sin embargo, favorecida por sus características topográficas, ubicación, condiciones climáticas; exhibe en pocos kilómetros una gran variedad de ambientes (divisiones biogeográficas) que hasta ahora han sido caracterizadas cualitativamente por diferentes autores. El programa VNDM v.3.1 aplica el criterio de optimalidad para la búsqueda de áreas de endemismo a partir de la congruencia espacial de la distribución de dos o más especies. En el presente estudio, datos de distribución de 486 especies de flora y fauna registrados en la provincia de Tucumán fueron analizados con el programa VNDM v.3.1, bajo parámetros estandarizados de tamaño de *grilla* (0,1°), *fill* (40%), *assume* (80%). Los resultados son prometedores, de los 22 patrones obtenidos con valores de endemividad de 2 a 15, 15 están soportados por especies de plantas y animales. En su mayoría presentan valores de endemividad superiores a 8. Finalmente, se evalúan similitudes y diferencias de los patrones obtenidos con propuestas biogeográficas previas.

Filogenómica: ¿concatenar o no concatenar?

Almeida, Francisca C.^{1,2*}; Juan Hurtado^{1,2}; Esteban Hasson^{1,2}

¹ Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Av. Intendente Güiraldes s/n, Ciudad Universitaria, Pabellón II, 4º piso, 1428, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

² Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Av. Intendente Güiraldes s/n, Ciudad Universitaria, Pabellón II, 4º piso, 1428, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

* falmeida@nyu.edu

En los últimos años, la disponibilidad de datos genómicos se ha incrementado enormemente, permitiendo análisis filogenéticos a partir de esta fuente de datos. Sin embargo, la gran cantidad de caracteres que proporcionan los datos genómicos conllevan nuevos desafíos metodológicos. Aquí presentamos, a modo de ejemplo, el análisis filogenómico de moscas del cluster *Drosophila buzzatii* (grupo *repleta*). El cluster *buzzatii*, que incluye siete especies cactofílicas, endémicas de Sudamérica, constituye un importante modelo para estudios evolutivos. Por este motivo, tener una robusta hipótesis filogenética para el grupo es de gran interés científico. Previamente, sus relaciones fueron estudiadas utilizando secuencias de uno o pocos loci y datos citológicos, pero las inconsistencias encontradas entre marcadores no permitieron alcanzar una conclusión. En este trabajo utilizamos secuencias obtenidas de la secuenciación del transcriptoma de cuatro especies del cluster *buzzatii* más un outgroup. Después de identificar ortólogos, aplicamos una serie de filtros para seleccionar secuencias variables, quedándonos al final con 663 alineamientos (361 CDS, 182 3' UTR y 120 5' UTR). A partir de estos datos hicimos dos tipos de análisis. En el primero concatenamos todos los alineamientos en una única matriz con más de 800000 caracteres que analizamos usando distintos algoritmos. En el segundo utilizamos un enfoque «*gene tree vs. species tree*», que según algunos autores es más fiable en casos donde hay separación incompleta de linajes, lo que es muy común en especies cercanas como las del cluster *buzzatii*. Curiosamente, las relaciones internas al cluster que recuperamos en cada enfoque resultaron significativamente diferentes.

Filogenia del género *Melanophryniscus* (Anura: Bufonidae) en base a caracteres morfogeométricos

Deforel, Facundo^{1*}; Santiago Catalano^{1,2}; Diego Baldo³;
María Florencia Vera Candiotti¹

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

³ Laboratorio de Genética Evolutiva «Claudio Juan Bidau», Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM). Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Misiones.

* facundo.deforel@gmail.com

La morfometría filogenética es un método de optimización de configuraciones de *landmarks* que consiste en reconstruir las formas ancestrales determinando las posiciones que minimicen las distancias entre ancestro y descendientes para cada *landmark* en particular. En este trabajo, proponemos evaluar la capacidad del método para reconstruir la filogenia de *Melanophryniscus*, un género de bufónidos neotrópicos que consta de 30 especies agrupadas en tres grupos intragenéricos. Empleando una matriz de 38 configuraciones de *landmarks*, tanto de adultos (28) como de larvas (10), evaluamos la congruencia entre una hipótesis molecular de referencia disponible y los resultados obtenidos del análisis de caracteres morfogeométricos de ambos estadios, tanto por separado como en una matriz combinada, atendiendo a búsquedas tradicionales sin peso y al pesado tomando en cuenta: 1) homoplasia: pesos implicados, 2) pesado por grupos de caracteres y 3) pesado por número de *semi-landmarks*. En general, los análisis logran recuperar satisfactoriamente a los grupos de *M. tumifrons* y de *M. stelzneri*. *M. krauczuki* se anida internamente en el primero o forma el clado *M. krauczuki* + *M. atroluteus*, hermano del grupo de *M. tumifrons*, según se analicen caracteres larvales o adultos, respectivamente. El grupo de *M. moreirae* solo logra recuperarse bajo análisis de pesos implicados.

Patrones de distribución del género *Cotinis* (Coleoptera: Scarabaeidae) en Mesoamérica

Gutiérrez Velázquez, Ana Lilia¹; Héctor Jaime Gasca Álvarez^{2,3};
Cuauhtémoc Deloya^{3*}

¹ Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Boca del Río, Carretera Veracruz-Córdoba Km12, 94290, Boca del Río, Veracruz.

² Corporación Sentido Natural, Calle 124 # 70F-9, Bogotá, Colombia.

³ Instituto de Ecología, A.C., Carretera antigua a Coatepec 351, El Haya, 91070, Xalapa, Veracruz, México.

* cuauhtemoc.deloya@inecol.mx

Se realizó un análisis biogeográfico basado en las congruencias de distribución de 34 especies del género *Cotinis*, para confrontarlo con un análisis clástico (basado en caracteres morfológicos) previo para el género. Se aplicó un análisis de áreas de endemismo a los datos de distribución específicos a partir de la superposición de una gradilla de 1° x 1° para Mesoamérica, donde se recuperaron tres áreas de congruencia distribucional: Altiplano Mexicano, SM Oriental y Sur de USA-Norte de México. Estos patrones de congruencia distribucional coinciden con el arreglo cladístico previo obtenido para el grupo. Los datos biogeográficos indican que la mayoría de las especies del género se encuentran bien representadas entre los 1000 y 2000 mts. en el suroeste de USA, partes centrales de México y Guatemala, donde al menos cuatro especies son endémicas del Altiplano Mexicano. Utilizando un sistema de información geográfica, se comparó la distribución con las 87 ecorregiones terrestres de Mesoamérica, resultando que solo 17 de éstas son consideradas como prioritarias para conservar (*sensu* WWF). Observándose que, para la conservación del género, esta iniciativa no incluye zonas donde su riqueza es considerable. Este hecho, podría asociarse a que la WWF considera solo aquellas zonas que destaquen la presencia de una riqueza ecosistémica y específica comparativamente mayor que el resto; lo cual podría dejar sin protección a zonas como las Planicies Costeras o bien el Altiplano Mexicano (en México), que también resultan importantes para su conservación, ya que actúan como un corredor entre Norteamérica y Sudamérica.

Estudio filogenético combinado para el orden Equisetales y el origen de *Equisetum* (Equisetaceae)

Elgorriaga, Andrés^{1*}; Ignacio H. Escapa¹; Néstor R. Cúneo¹; Gar Rothwell^{2,3}; A. Mihai Tomescu⁴

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Museo Paleontológico Egidio Feruglio, Av. Fontana 140, 9100, Trelew, Argentina.

² Department of Botany and Plant Pathology, Oregon State University, 97331, Corvallis, USA.

³ Department of Environmental and Plant Biology, Ohio University, 45701, Athens, USA.

⁴ Department of Biological Sciences, Humboldt State University, 95521, Arcata, USA.

* aelgorriaga@mef.org.ar

El género *Equisetum* (Equisetaceae) es el único representante viviente del Orden Equisetales, un grupo presente desde hace al menos 370 Ma, y poseedor de características morfo-anatómicas y de desarrollo únicas dentro del reino vegetal. La posición filogenética de *Equisetum* y su edad de aparición, han sido objeto de debate en los últimos años, casi exclusivamente en base a datos moleculares, obviando su rico registro fósil e historia evolutiva, la cual ha sido solo someramente estudiada bajo un enfoque filogenético. En este trabajo intentamos dilucidar tanto la posición de *Equisetum* dentro del Orden como la estructura general del grupo mediante un análisis filogenético, combinando información de especies actuales y fósiles. Utilizamos caracteres de 6 marcadores moleculares de las 15 especies actuales de *Equisetum* y caracteres morfológicos discretos y continuos de dichas especies más 28 especies fósiles que se remontan hasta el Devónico. Mediante una búsqueda heurística con parámetros estándar utilizando TNT V. 1.5 recuperamos la monofilia de los principales linajes extintos de Equisetales (e.g. Archaeocalamitaceae, Calamitaceae y Equisetaceae); y a *Equisetum/Equisetites* como grupo hermano de *Neocalamites*. A su vez, estimamos la edad de aparición del crown-group *Equisetum* —basándonos en la posición de *Equisetum bogotense* con respecto a especies fósiles— en el Mesozoico, edad más antigua que la sugerida por estudios previos. Esta aproximación integral al entendimiento de la historia evolutiva, y relaciones filogenéticas de las Equisetales en el tiempo profundo, permiten poner en un contexto más preciso la relación de las Equisetales con los demás grupos de plantas vasculares.

Revisión de la musculatura submandibular en Anura: sinapomorfías y novedades en un sistema diverso

Elias-Costa, Agustín J.^{1*}; Katyuscia Araujo-Vieira¹; Julián Faivovich^{1,2}

¹ División Herpetología, Museo Argentino de Ciencias Naturales «Bernardino Rivadavia» – CONICET, Av. Ángel Gallardo 470, 1405, Buenos Aires, Argentina.

² Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, FCEYN, UBA, Ciudad Universitaria, 1428, Buenos Aires, Argentina.

* ajec@macn.gov.ar

La serie de músculos submandibulares superficiales (mm. *submentalis*, *intermandibularis* e *interhyoideus*) está presente en todos los vertebrados con variación relativamente limitada. Sin embargo, en Anura este sistema presenta una gran diversidad que ha sido escasamente estudiada y casi siempre en grupos reducidos. Revisamos la diversidad de este sistema basados en representantes de 564 especies y completando con información publicada hasta un total de 1255 taxa, incluyendo 54 de las 56 familias de anuros actualmente reconocidas. Se definieron 30 caracteres que contemplan la presencia de elementos suplementarios, duplicaciones de elementos, hipertrofia y diversidad de fibras elásticas y pigmentación, entre otros. Se discute su distribución taxonómica y se reconocen nuevas sinapomorfías para numerosos clados a diversa escala, incluyendo taxones suprafamiliares con escaso soporte morfológico. Asimismo, se discuten las implicancias funcionales de algunas de las principales transformaciones.

Volver al futuro: plantas fósiles y morfología cuando no queda (casi) nada por secuenciar

Escapa, Ignacio¹; Santiago A. Catalano^{2,3}

¹ CONICET, Museo Paleontológico Egidio Feruglio, Trelew, Argentina.

² Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET). Tucumán. Argentina.

³ Facultad de Ciencias Naturales e IML. Universidad Nacional de Tucumán. Argentina.

La familia Araucariaceae posee tres géneros vivientes: *Araucaria*, *Wollemia* y *Agathis*, con distribución mayormente restringida al Hemisferio Sur. Estudios filogenéticos basados en matrices moleculares, incluyendo un número progresivamente mayor de secuencias, han permitido la estabilización de las topologías y valores de apoyo notablemente altos para la mayoría de los nodos. Sin embargo, este consenso generalizado en cuanto a las relaciones en representantes actuales de Araucariaceae, poco permite colaborar para comprender la historia evolutiva de una familia con al menos 200 millones de años y, para la cual, la diversidad actual representa un muestreo incompleto y sesgado. Aún en el contexto de tales limitaciones, muchos estudios basados exclusivamente en especies actuales proponen teorías e interpretaciones sobre el registro fósil. Por ejemplo, frente a la edad Cenozoica obtenida para el grupo

crown de la familia Araucariaceae a partir de dataciones moleculares, se hipotetizó que el extensivo registro Mesozoico del género *Araucaria* no pertenecía a tal género, sino que representaba la condición plesiomórfica de la familia. Así, la inclusión de la diversidad fósil -y consecuentemente de caracteres morfológicos- es crucial para la correcta comprensión de la historia evolutiva de este grupo. Sin embargo, actualmente se siguen invirtiendo más recursos en realizar estudios filogenéticos en especies actuales que en estudios que incorporan toda la diversidad del grupo. En este trabajo presentaremos los avances realizados en los últimos años para dilucidar la historia evolutiva del este grupo a partir del análisis de múltiples fuentes de evidencia: morfología, moléculas e incluyendo especies fósiles y actuales.

Relaciones filogenéticas, diversidad y evolución de las ranas arborícolas del nuevo mundo

Julián Faivovich

División Herpetología, Museo Argentino de Ciencias Naturales «Bernardino Rivadavia» – CONICET, Angel Gallardo 470, C1405DJR, Buenos Aires, Argentina.

En los últimos 15 años se produjo un cambio radical en nuestro conocimiento de las relaciones filogenéticas de las ranas arborícolas de la familia Hylidae. La popularización y gradual abaratamiento de las técnicas de secuenciación de ADN, sumada a un aumento muy importante en la densidad del muestreo taxonómico disponible para la mayoría de los grupos, determinaron que Hylidae sea posiblemente el grupo de anuros más densamente muestreado entre los clados de tamaño comparable (unas 995 especies). Los sucesivos análisis y reanálisis han corroborado de manera muy consistente la monofilia de los clados más soportados, y también apuntaron consistentemente a un conjunto reducido de grupos cuyo soporte no mejora a pesar de aumentos importantes en la densidad muestral de caracteres y terminales. En esta charla se recorrerán los últimos 20 años de nuestro conocimiento sobre Hylidae, enfatizando tanto los consensos actuales (que permiten realizar múltiples inferencias sobre muchos sistemas de caracteres interesantes), como las controversias que persisten.

Explorando metodologías alternativas en filogenómica: evaluación empírica de métodos de inferencia filogenética basados en duplicaciones génicas aplicados a la sistemática animal

Fernández, Rosa

Bioinformatics & Genomics Unit, Centro de Regulación Genómica, Carrer del Dr. Aiguader 88, 08003 Barcelona (España). rmfernandezgarcia00@gmail.com

Con la aparición de los métodos filogenómicos, hubo un salto cuantitativo en el número de marcadores genéticos que se pueden utilizar para interrogar filogenias moleculares. Sin embargo, el uso de estas metodologías ha venido acompañado de una gran polémica en cuanto a las prácticas para este tipo de análisis de datos, desencadenando debates sobre la posición de algunos linajes y el efecto de algunos factores confundidores que actúan como fuentes de error, entre ellos el efecto de atracción de ramas largas que puede generar la inclusión de grupos externos lejanos o la utilización de diferentes modelos de sustitución de aminoácidos. Uno de los ejemplos más ilustrativos es el debate sobre la posición de ctenóforos y poríferos con respecto al resto de filos animales. Todos estos estudios tienen en común el uso de grupos ortólogos, es decir, grupos de genes que descienden del último ancestro común de un grupo de especies, que han sido filtrados, concatenados en matrices y explorados a través de diferentes metodologías analíticas, lo que resulta muy frecuentemente en el análisis de un porcentaje relativamente pequeño de toda la información contenida en los genomas. En esta charla, discutiré sobre dos metodologías alternativas y complementarias en auge de desarrollo en la actualidad -enraizado de árboles sin inclusión de grupos externos y metodologías que consideran duplicaciones génicas, lo que permite utilizar una proporción de genes considerablemente mayor- y mostraré datos empíricos sobre cómo pueden ser aplicadas para ayudar a clarificar algunas de las relaciones más controvertidas en la sistemática animal.

Análisis filogenético de la Tribu Chrysopini (Chrysopidae: Chrysopinae) en base a caracteres morfológicos y moleculares

Gandolfo, Raquel

Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina. raquelgandolfo@gmail.com

Chrysopidae es la segunda familia en cuanto a número de especies del Orden Neuroptera (1416 especies en 82 géneros). Comúnmente llamadas crisopas, se caracterizan principalmente por sus grandes alas transparentes con una profusa venación. Tradicionalmente, Chrysopidae se divide en tres subfamilias: Apochrysinae, No-

thochrysinæ y Chrysopinæ. A su vez, Chrysopinæ, que incluye el 97% del total de especies, se divide en 4 tribus: Leucochrysinæ, Belonopterygini, Ankylopterygini y Chrysopini. En los últimos años, los esfuerzos por resolver las relaciones filogenéticas entre subfamilias y tribus se han concentrado en el análisis de evidencia molecular. En el caso particular de Chrysopini, la monofilia ha sido históricamente cuestionada debido a la gran diversidad morfológica incluida en la tribu. El objetivo de este trabajo es evaluar la monofilia de la tribu Chrysopini. Se analiza una matriz de 75 especies y 113 caracteres morfológicos. Se incluyen cinco caracteres continuos referidos a proporciones utilizadas en la taxonomía del grupo y ocho configuraciones de landmarks que delimitan el perímetro del ala y de siete celdas internas. El ingroup está conformado por 63 especies (90% de los géneros de la tribu). El outgroup incluye 12 especies distribuidas en las tres subfamilias y tribus restantes. Adicionalmente, se incluyen datos moleculares disponibles en GenBank de dos genes mitocondriales y cuatro genes nucleares. Los análisis filogenéticos se realizan bajo parsimonia como criterio de optimalidad y bajo pesos implicados. Se analizan los bloques de caracteres morfológicos y moleculares por separado y en combinación.

Filogenias de aves que no vuelan y de mamíferos que vuelan

Giannini, Norberto P.^{1,2}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina. norberto.giannini@gmail.com

Los dos aspectos más relevantes de la filogenética son el estudio de los linajes, y de la evolución de los caracteres. La resolución de ambos brinda el marco para otros estudios, por ejemplo de la ecología y evolución de los organismos. Generalmente ocurre en una escala espacio-temporal suficientemente amplia para que los fenómenos evolutivos (formación de linajes y cambios en los caracteres) se manifiesten a un nivel taxonómico superior a poblaciones. Sin embargo, a veces el ímpetu para iniciar estos estudios parte del problema ecológico y de la necesidad de contar con las filogenias adecuadas para entenderlos rigurosamente. Así ocurrió en mi especialización en mamíferos que vuelan y aves que no vuelan: problemas ecológicos relacionados a la interacción planta-animal tan característicos de los murciélagos tropicales, y problemas relacionados a los intrincados patrones de cambio en caracteres morfológicos en linajes de aves que en este caso, comprometieron su capacidad de volar a favor de otras adaptaciones. Estas filogenias, en general, han venido siendo de una representación taxonómica muy completa, de muestreo fenotípico abarcativo, y de perfil metodológico intenso (en la combinación de muchos datos y en la rigurosidad del tratamiento analítico). Han servido de marco para el análisis de evolución de caracteres (tamaño, características aerodinámicas, patrones integumentarios, características

florales) y para el desarrollo de aplicaciones estadísticas acerca de la correlación de caracteres. El interés de estas investigaciones seguramente se centrará en el problema teórico y empírico de la evolución de caracteres.

Parsimonia y métodos basados en modelos: resumen quinquenal

Goloboff, Pablo A.

Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251 Tucumán, T4000, Argentina. pablogolo@yahoo.com.ar

Si bien los métodos basados en modelos (*Maximum Likelihood* y *Bayesian Inference*) se utilizan ampliamente en el análisis filogenético de secuencias moleculares desde hace mucho tiempo, en el análisis de datos morfológicos seguía primando el uso del criterio de máxima parsimonia, en buena medida por un consenso general acerca de las dificultades que presenta la modelización de los caracteres morfológicos. En los últimos 5 años se ha publicado una serie de trabajos proponiendo el uso de métodos basados en modelos también para el análisis de *datasets* morfológicos. En esta presentación, se hace un repaso de los principales argumentos presentados por ambas partes de la disputa, y de la importancia de la disputa. Un poco de estadística, un poco de lógica, un poco de sentido común, y un poco de conocimiento biológico, son los principales ingredientes que hacen falta para poder resolver esta problemática (o al menos, tener una posición informada). Esto requiere una mirada general sobre distintos aspectos de las simulaciones usadas para defender uno u otro tipo de método, de las técnicas usadas para comparar los resultados de dichas simulaciones, de las distintas asunciones de los métodos en cuestión y su aplicabilidad empírica, y del uso de métodos de selección de modelos para comparar los distintos criterios de inferencia filogenética.

Cladística Comparativa: identificando causas de diferencias en resultados para *datasets* morfológicos alternativos

Goloboff, Pablo A.^{1*}, Sereno, Paul C.²

¹ UEL (CONICET-FML), Miguel Lillo 251, 4000 S.M. de Tucumán.

² Department of Organismal Biology and Anatomy, University of Chicago, 1027 E. 57th Street, Chicago, IL 60637, USA.

* pablogolo@yahoo.com.ar

Los análisis cladísticos basados en morfología requieren cantidades masivas de observación directa y recolección de datos por parte de expertos. Como resulta-

do, las controversias sobre la interpretación de diferentes caracteres (o incluso del escoreo de celdas individuales) son comunes, y difíciles de resolver. A medida que se proponen nuevas matrices morfológicas sobre la base de las anteriores, las filogenias resultantes sufren cambios, pero las versiones modificadas de las matrices se presentan, casi invariablemente, con discusión escasa o nula de las diferencias en composición de taxones, caracteres, y escoreos. Menos aún suele discutirse cuáles diferencias en las matrices son responsables de los cambios en resultados, y cuáles cambios tienen menor o nula influencia. Bajo estas circunstancias, resulta muy difícil elegir entre las filogenias alternativas, o decidir en cuáles de las múltiples diferencias de los *datasets* enfocar un examen más minucioso. Sereno (2009) hizo un llamado a discutir de manera más explícita las progresivas modificaciones a las matrices morfológicas, y a formalizar esas comparaciones. Sin embargo, desde Sereno (2009) no ha habido cambios significativos en la manera en que se presentan nuevas matrices y resultados morfológicos, ni tampoco ninguna implementación computacional de estos métodos. Esta presentación discutirá estos aspectos, con métodos para determinar cuáles diferencias en los *datasets* son responsables de producir diferencias en los resultados, tanto en términos de monofilia de grupos, como de grados de apoyo de los distintos grupos. Incluso una tarea aparentemente sencilla como esta presenta varias dificultades conceptuales y computacionales interesantes, que se discutirán en la presentación.

Sistemática y Biogeografía del Género *Camelobaetidius* (Ephemeroptera: Baetidae) en América

González, Juan Cruz^{1*}; Rafael Boldrini²; Federico Falcão Salles³; Ana María Oliveira Pes⁴; Carolina Nieto^{1,5}

¹ Instituto de Biodiversidad Neotropical (CONICET-Universidad Nacional de Tucumán), Cúpulas Horco Molle, 4107, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.

² Universidade Federal de Roraima. Centro de Estudos da Biodiversidade, Av. Cap. Ene Garcez 2413, 69304, Boa Vista, Roraima, Brasil.

³ Museu Regional de Entomologia, Departamento de Entomologia, Universidade Federal de Viçosa, Avenida P. H. Rolfs, s/n - Campus Universitário Viçosa - MG, 36570-900, Minas Gerais, Brasil.

⁴ Coordenação de pesquisa em Entomologia (CPEN), Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), CEP 69060-001, Manaus, AM, Brazil.

⁵ Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Miguel Lillo 205, 4000, Tucumán, Argentina.

* juan_jcg1@hotmail.com

El género *Camelobaetidius* es el segundo género más diverso de la familia Baetidae en América. Aunque su distribución se extiende desde Canadá hasta Argentina, la mayor cantidad de especies se encuentran en la región Neotropical. Fue descrito por Demoulin en el año 1966 y desde entonces se han descrito 45 especies, 26 de estas a partir de larvas, 5 de adultos y 13 de ambos estadios. Por otra parte, 2 géneros más fueron descritos posteriormente y posiblemente considerados como géneros hermanos de *Camelobaetidius*, *Corinnella* de Guayana Francesa y *Tapajobaetis*

de Brasil. En este trabajo, se elaboró una matriz morfológica de 42 especies y 77 caracteres, de los cuales 68 fueron discretos y 8 continuos. La matriz fue analizada utilizando el programa TNT bajo pesos implicados. La monofilia de *Camelobaetidius* fue confirmada, no así la de *Corinnella* y *Tapajobaetis* que fueron recuperados dentro del primero. A partir de la filogenia obtenida y la distribución de cada uno de los taxones, se realizó un análisis de los posibles eventos biogeográficos que sucedieron en este género. Para ello, se utilizó el programa GEM (Geographically Explicit Event Model). La reconstrucción obtenida recuperó los siguientes eventos: 8 vicarianzas, 8 simpatrias, 4 simpatrias puntuales y 21 eventos fundadores. Tal como investigaciones anteriores han sostenido, los eventos fundadores son cruciales en los procesos de especiación de la mayoría de los clados.

Origen del género sudamericano *Petrichus* (Araneae: Philodromidae): ¿holártico o austral? Eventos de vicarianza en común con otros artrópodos codistribuidos

Griotti, Mariana; Sergio Roig-Juñent

Laboratorio de Entomología, Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA, CCT-CONICET Mendoza), Av. Ruiz Leal s/n, 505, Mendoza, Argentina.
mgriotti@mendoza-conicet.gob.ar

Las arañas del género sudamericano *Petrichus* habitan en la Zona de Transición Sudamericana, a lo largo de los Andes como así también en sistemas extra-andinos. Trabajos previos han propuesto un origen holártico para *Petrichus* debido a la distribución de su género hermano *Titanebo*. Sin embargo, las distribuciones de sus especies indicarían que la cordillera de los Andes ha constituido una barrera geográfica y no una ruta de dispersión como lo fue para la mayoría de taxa de origen holártico. El objetivo de este trabajo es analizar las distribuciones de las especies en un contexto filogenético y establecer si eventos vicariantes reconocidos en *Petrichus* coinciden con los obtenidos en otros artrópodos sudamericanos de origen austral. Para determinar eventos vicariantes, se utilizó el programa VIP (*Vicariance Inference Program*). Los resultados se compararon con los de Domínguez *et al.* (2016), quienes analizaron artrópodos sudamericanos de origen austral y propusieron SVEs (*Supported Vicariance Events*): eventos de vicarianza compartidos entre al menos dos taxa codistribuidos, como también su secuencia temporal. De los eventos vicariantes obtenidos en el cladograma de *Petrichus*, cuatro coinciden espacial y temporalmente con dos SVEs, mostrando que la diversificación del género fue afectada por el levantamiento de los Andes (11-14 Ma) y por la ingresión del mar Paranense (9-11 Ma). Dicha correspondencia con eventos vicariantes reconocidos en otros taxa sudamericanos de origen austral, permite suponer que *Petrichus* no tiene un origen holártico, sino que es más antiguo. Análisis moleculares nos permitirán obtener nuevos datos para esclarecer su origen biogeográfico.

Variación ontogenética filogenéticamente informativa en ranas de la subfamilia Leiuperinae (Anura: Leptodactylidae)

Grosso, Jimena^{1*}; Diego Baldo²; Darío Cardozo²; Francisco Kolenc³; Claudio Borteiro³; Marianna I. R. de Oliveira⁴; Marcelo F. Bonino⁵; Diego A. Barrasso^{6,7}; Florencia Vera Candioti¹

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251 Tucumán, T4000, Argentina.

² Laboratorio de Genética Evolutiva, (IBS-CONICET), Félix de Azara 1552, Misiones, 3300, Argentina.

³ Sección Herpetología, Museo Nacional de Historia Natural, Montevideo, 11000, Uruguay.

⁴ Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Evolução (PPGBioEvo-UFBA), Rua Barão de Jeremoabo, s/n, Ondina, 40170-115, Salvador, BA, Brazil.

⁵ Laboratorio de Ecología, Biología Evolutiva y Comportamiento de Herpetozoos (LEBECH), INIBIO-MA (CONICET-UNCo), Quintral 1250, Rio Negro, R8400, Argentina.

⁶ Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Chubut, U9120, Argentina.

⁷ Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia «San Juan Bosco» (UNPSJB), Blvd. Brown 3051 (U9120ACD), Chubut, Argentina.

* jime.grosso@gmail.com

El desarrollo de ranas de Leiuperinae fue estudiado previamente, aunque no comparativamente ni en un contexto filogenético. Analizamos series ontogenéticas de 22 especies para registrar la diversidad morfológica de embriones y larvas, explorando las transformaciones evolutivas, las cuales involucran cambios en la secuencia en la cual ocurren los eventos de desarrollo. En la mayoría de los casos, la variación morfológica concuerda con la filogenia en niveles intra- e intergenéricos. La cifosis dorsal y la falta de pigmentación son sinapomorfías para el clado *Physalaemus* + *Engystomops*. En el disco oral, la presencia de una tercera hilera labial es plesiomórfica para leiuperinos, con cambios en clados derivados. Las configuraciones y trayectorias de desarrollo del labio inferior son excepcionalmente diversas en *Physalaemus* y *Engystomops*. Un desarrollo temprano de la hilera labial P1 se reconstruyó como sinapomorfía de *Pseudopaludicola* y *Physalaemus*, mientras que la hilera P2 presentó un desarrollo temprano en *Pleurodema*. Pocos caracteres morfológicos resultaron relativamente conservados, como por ejemplo las glándulas adhesivas tipo C, universalmente presentes en Leiuperinae. Finalmente, los resultados sugieren que algunas variaciones ontogenéticas se relacionan con el ambiente en el cual se desarrollan las larvas. Embriones de gran tamaño corporal, con alta provisión vitelina, pobre desarrollo de estructuras respiratorias, y retraso en el desarrollo del sistema digestivo, se desarrollan en aguas frías y oxigenadas. Inversamente, embriones de tamaños corporales menores, estructuras respiratorias complejas y persistentes, y comienzo temprano del desarrollo de las extremidades posteriores, se desarrollan en ambientes xéricos.

Revelando los patrones de diversidad y distribución de las serpientes neotropicales

Guedes, Thaís B.^{1,2*}

¹ Universidade Estadual do Maranhão, Centro de Estudos Superiores, Pós-Graduação em Biodiversidade, Ambiente e Saúde, 65604-380, Caxias, MA, Brasil.

² University of Gothenburg, Carl Skottbergs gata 22B, P.O. Box 461, SE 405 30, Göteborg, Sweden.

* thaisbguedes@yahoo.com.br

Entre los reptiles, las serpientes son el grupo más diverso, incluyendo 3500 especies que habitan ambientes templados, tropicales y desérticos en hábitats terrestres y acuáticos, tanto marinos como de agua dulce. Juegan un rol importante en los sistemas naturales, siendo un modelo excelente para investigar procesos biológicos, biogeográficos y evolutivos. Se sabe que la Región Neotropical ha sufrido cambios significativos (ej. intrusiones marinas, fluctuaciones climáticas, rearrreglos geomorfológicos) a lo largo del tiempo geológico que probablemente afectaron la evolución y distribución de la biodiversidad, incluyendo a las serpientes. Esta compleja historia podría haber generado una concentración desigual de especies de amplia distribución tanto como de especies con distribución restringida. Es posible que en regiones con un largo historial de una dinámica evolutiva compleja se requiera de maneras adicionales de medir la diversidad. La riqueza específica y la diversidad filogenética son las medidas más comúnmente utilizadas para medir la diversidad biológica. Sin embargo, el endemismo filogenético (EF) puede ser un componente adicional de la biodiversidad y puede revelar concentraciones de linajes evolutivos únicos en rangos espaciales restringidos. Nuestros resultados exhiben la complejidad que puede ser revelada al comparar diferentes medidas de diversidad, y al mismo tiempo proponen importantes centros de diversidad adicionales en la Región Neotropical que no habían sido identificados en estudios previos. Nuestros resultados están basados en la base de datos más abarcativa y actual sobre serpientes neotropicales que involucra *ca.* 150000 registros de distribución para 886 especies neotropicales, la fauna de serpientes más rica del mundo.

Áreas de endemismo con vectores Neotropicales de Leishmaniasis

Liria, Jonathan^{1,2*}; Iomar Sánchez³; María Dora Feliciangeli⁴; Claudia Szumik⁵

¹ Grupo de Biogeografía y Ecología Espacial, Universidad Regional Amazónica Ikiam, Napo, Ecuador.

² Centro de Estudios en Zoología Aplicada, Universidad de Carabobo, Carabobo, Venezuela.

³ Departamento de Biología, Universidad de Carabobo, Carabobo, Venezuela.

⁴ Centro Nacional de Referencia de Flebótomos y otros Vectores (CNRFV), BIOMED, Universidad de Carabobo, Aragua, Venezuela.

⁵ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Tucumán, Argentina.

* jonathan.liria@ikiam.edu.ec

Los flebótomos (Diptera: Phlebotominae) son vectores de distintos patógenos como: Bartolenosis, Flavivirus, Flebovirus, y Leishmaniasis. En el Neotrópico la Leishmaniasis posee tres formas clínicas: Cutánea (LC), mucosa (LM) y visceral (LV). Actualmente se registran 56000 y 3800 casos al año de LC y LM, respectivamente; LC es una enfermedad endémica en 18 países, mientras que LV se presenta en 12 naciones, con 96% de los casos en Brasil. Particularmente, Venezuela presenta 18% de las especies de flebótomos y 98% de Leishmaniasis se asocia a LC. Los estudios biogeográficos permitirán aportar nuevas evidencias sobre el origen y distribución de estos vectores. Mediante la colección del CNRFV se obtuvieron registros para 98 especies de Phlebotominae de Venezuela. Luego los datos fueron georreferenciados y se obtuvieron 1343 registros. Se utilizó el programa NDM para determinar áreas de endemismo (AE) con distintos tamaños de cuadrícula y llenado: 0,25°x0,25°, 0,5°x0,5°; fill 20/50; ass 50/100. Se obtuvieron dos patrones de endemismo: El primero en la región Noroccidental (IE > 2,00) con las especies: *Pintomyia nadiae*, *P. aulari*, *P. amilcari* y *Lutzomyia ignacioi*, y otro al Sur en la amazonía (IE > 6,00) con especies incluidas en los géneros: *Brumptomyia*, *Bichromomyia*, *Evandromyia*, *Micropygomyia*, *Nyssomyia*, *Psathyromyia*, *Psychodopygus* y *Trichophoromyia*. Algunas AE coincidieron con patrones de distribución para LC al Norte del país, y LV al Sur. Desde el punto de vista epidemiológico, los principales vectores de LC y LV (*Pintomyia evansi*, *P. ovallesi*, *Lutzomyia longipalpis* y *L. pseudolongipalpis*) se distribuyeron hacia el Norte, en donde se concentra la población humana.

Filogenia de Chiroptera mediante parámetros de ecolocalización

Liria, Jonathan^{1,2*}; Sarah Martin-Solano³

¹ Grupo de Biogeografía y Ecología Espacial, Universidad Regional Amazónica Ikiam. 7 km vía Muyuna, Napo, Ecuador.

² Centro de Estudios en Zoología Aplicada, Universidad de Carabobo, Campus Barbula, Valencia, Carabobo, Venezuela.

³ Departamento Ciencias de la Vida y de la Agricultura, Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Av. General Rumiñahui s/n, PO BOX. 171-5-231B, Sangolquí, Ecuador.

* jonathan.liria@ikiam.edu.ec

Chiroptera representa el segundo grupo de mamíferos más diverso del Planeta. Algunas especies de este taxón comparten junto a Cetacea la capacidad de obtener información de su entorno, a través de ecos ultrasónicos (ecolocalización). Varios estudios señalan que la ecolocalización es un ejemplo de evolución convergente en murciélagos, puesto que especies no relacionadas comparten parámetros similares de vocalización. Por lo anteriormente expuesto, se pretende demostrar esta convergencia mediante análisis cladísticos de caracteres continuos derivados de las vocalizaciones. A partir de información bibliográfica y archivos de audio para especies de México, Brasil y Europa, se prepararon dos tipos de matrices: Una con intervalos ($\text{media} \pm \text{DE}$) de los parámetros de vocalizaciones (frecuencia máxima, duración, etc.), y otra con espectrogramas a partir del análisis de cada audio. Como grupo externo se utilizaron especies de Rhinolophidae ($n=2$), y el interno consistió en especies de Emballonuridae ($n=6$), Molossidae ($n=9$), Mormoopidae ($n=5$), Vespertilionidae ($n=26$) y Phyllostomidae ($n=15$), que variaron en composición de especies según cada matriz. Se utilizó el programa TNT para analizar las matrices continuas, a partir de 250 réplicas al azar, con permutaciones TBR y almacenando 50 árboles; de ser necesario se realizaron consensos estrictos. La mayoría de las corridas indicaron la no monofilia de las Familias estudiadas, por lo que las especies fueron agrupadas según la convergencia en sus patrones de vocalización. Sólo en una de las matrices, Vespertilionidae mostró mayor ajuste con la taxonomía (0,92), en particular 10/12 especies de *Myotis* formaron un clado.

Analizando el uso de una matriz existente para proponer una nueva reconstrucción filogenética de la Tribu Exoprosopini (Diptera: Bombyliidae)

Márquez Acero, Ángela Sabrina^{1*}; Juan Manuel Vidal García²;
Carlos José Einicker Lamas¹

¹ Laboratório de Diptera, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP), Av. Nazaré 481, Ipiranga, CEP 04263-000, São Paulo, SP, Brasil.

² Laboratório de e-Science, Instituto de Matemática e estatística da Universidade de São Paulo (IME-USP), Rua do Matão 1010, CCSL, Lab. 117, CEP 05508-090, São Paulo, SP, Brasil.

* asmarqueza@usp.br

La inclusión de nuevos grupos taxonómicos dentro de matrices previamente establecidas es una práctica cada vez más común. Ese procedimiento, que se esfuerza por aprovechar las reconstrucciones cladísticas previamente establecidas, presupone la robustez de los caracteres, la coherencia lógica en su codificación y su aplicabilidad al nuevo conjunto de datos. El objetivo del presente trabajo es ejemplificar cómo los errores en la codificación de caracteres pueden afectar la topología de los cladogramas y mostrar la dificultad de incluir nueva fauna en hipótesis filogenéticas previas. Para tal, partimos de una matriz previa (207 caracteres, 97 taxones) que fue utilizada para establecer la filogenia de la tribu Exoprosopini (Diptera: Bombyliidae) y adicionamos 20 especies de la región neotropical. El análisis mostró caracteres con errores de codificación del tipo compuesta y de ausencias repetidas que fueron transformados a una codificación de tipo reductiva. Un 42% del total de caracteres iniciales presentaban errores de codificación. Luego de la modificación fue realizada una reconstrucción filogenética por parsimonia con búsquedas heurísticas. Observamos que la nueva codificación mejora los índices CI y RI; sin embargo, los MPT's (árboles más parsimoniosos) muestran variaciones sustanciales en las relaciones internas de varios géneros cuando son comparados con la hipótesis previa. La inestabilidad en las relaciones puede ser producto del desbalance en el número de taxones, pues existen géneros cosmopolitas subrepresentados en el análisis y por tanto es preciso incluir más miembros de esos grupos a fin de descartar problemas de desbalance en la matriz inducidos por la inclusión de la fauna neotropical.

Zoogeografía del Cusco

Marquina, Edgar*; Abdhiel Bustamante; Erick Yabar; Araseli Elme; Javier Amaru; Dorali Zuñiga, Lilia Halanocca, Malu Jaramillo

Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Facultad de Ciencias, Escuela Profesional de Biología, Colección entomológica de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Av. La Cultura 733, 08003, Cusco, Perú.

* 091689@unsaac.edu.pe

El territorio peruano fue clasificado de acuerdo a diversos factores como clima, geografía, hidrografía, etc. Aunque Ceballos (1976) establece una regionalización del Perú en función de biotas, ésta no es normalmente tomada en consideración. Un panorama similar ocurre en el Cusco donde también previamente se propuso clasificar su territorio en función de biotas considerando la ocurrencia de vertebrados (*Pisos Zoogeográficos del Departamento del Cuzco*). Nuestro objetivo fue asimilar la propuesta de clasificación mencionada por el Código Internacional de Nomenclatura de Áreas (ICAN), y definir la extensión de dichos Pisos Zoogeográficos. La denominación de la provincia biogeográfica de las Yungas (Cabrera 1971) no debe reemplazarse por la de Andina propuesta por Ceballos, ya que carece de una descripción respaldatoria. Sin embargo, el enfoque de Ceballos, para categorías inferiores como Distrito y Piso, actualizadas de acuerdo a lo establecido en las reglas nomenclaturales del ICAN, deberían ser reconocidas de la siguiente manera: Distrito Altoandino, con Subdistritos de Cordillera y «Puna». Mientras que en el Distrito Bajoandino se reconocen al Subdistrito de Queswa y Valles Serranos. Bajo la provincia de la Rondônia se consideran al Distrito Selva Alta con los Subdistritos Ceja de Montaña y Valles de Selva. Para las delimitaciones geográficas de cada área, se emplearon herramientas de información geográfica para generar las capas geográficas, delimitadas de la manera más cercana a la realidad posible, considerando la ocurrencia de las mismas especies que el autor estableció para cada piso zoogeográfico, y respetando la descripción hecha por Ceballos de los pisos que propuso.

La historia sin fin: filogenia de escorpiones

Mattoni, Camilo Iván

Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Cátedra de Teoría y Métodos Taxonómicos, e Instituto de Diversidad y Ecología Animal (IDEA, CONICET-UNC), Av. Vélez Sársfield 299, 5000, Córdoba, Argentina. camilomattoni@gmail.com

Los escorpiones son antiquísimos arácnidos, registrados desde el Silúrico (435 Ma), con un abundante registro fósil. Algunos de los fósiles más antiguos son considerados de hábitos acuáticos, aunque esto está siendo muy debatido actualmente. Su morfología ha cambiado muy poco y las especies actuales presentan muchos caracteres que son considerados primitivos. La diversidad actual del grupo es de

2450 especies descritas distribuidas en todos los continentes excepto la Antártida, ocupando una gran diversidad de hábitats. Los escorpiones son excelentes modelos para estudios ecológicos, reproductivos, biogeográficos, etc., sin embargo mucho resta todavía por conocer sobre la historia evolutiva del grupo. En los últimos años se han hecho grandes avances en el conocimiento tanto de su biología como de su diversidad y patrones filogenéticos y biogeográficos. En esta charla trataré de repasar algunos de estos avances en los que he estado involucrado, y presentaré las perspectivas futuras dentro de un proyecto de filogenia para el Orden, incluyendo una gran cantidad de especies vivientes y fósiles, que estamos llevando a cabo.

Actinopterygii: Órdenes fósiles y desórdenes recientes

Mirande, Juan Marcos^{1*}; Emilia Sferco²; Adriana López-Arbarello³

¹ Fundación Miguel Lillo, UEL-CONICET-FML, Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² CICTERRA-CONICET-UNC, Av. Velez Sarsfield 1611, X0516GCA Córdoba, Argentina.

³ Department of Earth and Environmental Sciences, Palaeontology and Geobiology, and GeoBio-Center, Ludwig-Maximilians-Universität München, Munich, Germany.

* mcmirande@gmail.com

Actinopterygii es el grupo más diverso de vertebrados, con más de 30000 especies recientes (aproximadamente la mitad del total de taxa vivientes de vertebrados). Las relaciones filogenéticas entre grandes grupos de Actinopterygii son aún discutidas y algunas de sus más de 500 familias reconocidas carecen de evidencias de monofilia. La sistemática a gran escala de estos peces ha sido recientemente redefinida en términos filogenéticos, con análisis basados principalmente en datos moleculares. Esta nueva clasificación generó controversia debido a algunas diferencias profundas con la taxonomía clásica, la ausencia de diagnosis para muchos grupos y la exclusión de taxa fósiles. El objetivo de este trabajo es proponer una filogenia general de actinopterigios a partir de datos morfológicos y moleculares que incluya una muestra significativa de especies recientes y fósiles. Esto supone generar una matriz morfológica que sirva de plataforma para la incorporación de especies de cualquier grupo de actinopterigios, incluyendo, en tanto sea posible, su diversidad fósil, desde especies *incertae sedis* hasta órdenes completos. Se proponen avances en tres puntos principales: (1) síntesis de la información morfológica disponible y estudio de homologías entre diferentes grupos taxonómicos, (2) manejo de grandes volúmenes de datos filogenéticos y (3) análisis filogenéticos combinados. La matriz analizada (bajo pesos implicados extendidos con TNT) tiene 598 caracteres morfológicos y datos «curados» de 47 marcadores moleculares. Incluye 15961 especies, de las cuales 95 son fósiles. Análisis preliminares incluyendo 9570 especies producen resultados congruentes con hipótesis previas, propuestas por primera vez en un contexto global para Actinopterygii.

Filogenia y biogeografía del género americano *Leptohyphes* (Ephemeroptera: Leptohyphidae)

Molineri, Carlos^{1*}; Oscar Ascuntas-Osnas², María del Carmen Zúñiga², Blanca Cecilia Ramos²

¹ Instituto de Biodiversidad Neotropical, CONICET-Universidad Nacional de Tucumán, Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Horco Molle- Ciudad Universitaria, 4107, Tucumán, Argentina.

² Universidad del Valle, Departamento de Biología, Grupo de Investigaciones Entomológicas, Apartado Aéreo 25360, Cali, Colombia.

* carlosmolineri@gmail.com

Leptohyphes Eaton es uno de los géneros de mayor riqueza de especies en América, presenta distribución panamericana con 42 especies válidas desde el centro-sur de los Estados Unidos de Norte América hasta la Patagonia Argentina. Las ninfas son muy frecuentes y abundantes en arroyos y ríos de montaña, formando una parte conspicua de las comunidades acuáticas del continente. Aquí presentamos una filogenia morfológica de 36 especies del género, a partir de 35 caracteres (8 continuos y 27 discretos) de huevos, ninfas y adultos. Los árboles óptimos se buscaron bajo pesos implicados en TNT. Todos los registros geográficos de estas especies fueron estudiados mediante el protocolo de Hovenkamp para un taxón (biogeografía de barreras) usando VIP. Se encontró un sólo árbol óptimo, con buen soporte en algunos nodos. Hipótesis que plantean el origen sudamericano del género se ven apoyadas por los resultados, aunque se encontraron varios clados de distribución mixta (América del Sur, Central y del Norte). Se recuperaron también clados de distribución restringida (en Centro América, Andes Norte o Mata Atlántica, por ejemplo). Se ilustran y discuten numerosos eventos de vicarianza que muestran la compleja historia del género.

Análisis biogeográfico de Myrteae (Myrtaceae) usando GEM

Nadra, María Gabriela*; Salvador Arias; Norberto Pedro Giannini

Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 205, 4000, Tucumán, Argentina.

* gabynadra@gmail.com

Myrteae (ca. 2500 spp), la tribu mayor de Myrtaceae, se distribuye predominantemente en el Neotrópico y otras regiones tropicales y templadas de Australasia, África y el Mediterráneo. Trabajos previos abordaron la biogeografía de la tribu aplicando métodos que dependen de áreas predefinidas conllevando limitaciones. En este trabajo se propone estudiar por primera vez la biogeografía de Myrteae a partir del análisis de distribuciones puntuales observadas, que permita analizar los

eventos y áreas ancestrales implicados en todos los niveles de la filogenia. Los análisis se realizaron con el programa evs. Se procesaron 34100 datos de distribución puntual descargados de GBIF y depurados, sobre cuatro topologías datadas y bajo diez esquemas de costos diferentes. Los resultados mostraron un mayor número de eventos fundadores, seguidos de simpatrias, simpatrias puntuales y vicarianzas. Las simpatrias fueron predominantes en los nodos del *backbone*. Myrteae se habría originado por un evento de vicarianza durante el Cretácico tardío o Paleoceno tardío. El linaje ancestral posiblemente habitaba en Zelandia, la Antártida, el Neotrópico y el Mediterráneo, manteniendo conectividad entre los territorios. Una vicarianza basal explicaría el origen de un clado en Nueva Caledonia (*Myrtastrum* o el grupo Australásico) y uno principalmente neotropical. Una vicarianza entre el Neotrópico y el Mediterráneo con un evento fundador posterior hacia América explicaría el origen del grupo *Myrtus*. Encontramos numerosos eventos fundadores dentro del continente americano que quedaban enmascarados bajo grandes áreas predefinidas en trabajos previos, sugiriendo que la biogeografía del clado neotropical es resultado de una combinación compleja de eventos biogeográficos.

Análisis filogenético y biogeográfico de *Periboeum* (Insecta: Coleoptera: Cerambycidae)

Nascimento, Francisco E. de L.^{1*}; José Ricardo M. Mermudes²;
Juan Pablo Botero¹

¹ LAC, Laboratório de Coleoptera, Departamento de Entomologia, Museu de Zoologia, MZSP, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazil.

² Laboratório de Entomologia, Departamento de Zoologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Rio de Janeiro, Brazil.

* eribnascimento@fl@gmail.com

Cerambycinae es la segunda subfamilia más diversa de Cerambycidae con aproximadamente 11200 especies. Entre sus géneros, estudiamos *Periboeum* que tiene una taxonomía confusa y caracterización arbitraria. *Periboeum* posee actualmente 18 especies ampliamente distribuidas en América del Sur y una especie también en Panamá. Según un reciente análisis cladístico, *Periboeum* es el grupo hermano de un grupo complejo e indefinido. Algunos autores alertaron que sería necesario incluir más taxones para obtener una hipótesis más sólida de las relaciones. En este estudio, presentamos el resultado de los análisis biogeográfico y filogenético de *Periboeum* basado en un análisis morfológico detallado y una revisión taxonómica del género, incluyendo dos nuevas especies descritas en Brasil. Se utilizaron 23 terminales, siendo 6 del grupo externo y 17 del grupo interno. Se levantaron 39 caracteres fenotípicos. Las áreas de distribución ancestrales fueron reconstruidas mediante el método DIVA (Dispersal-Vicariance-Analysis) utilizando la variante S-DIVA (Statistical Dispersal-Vicariance Analysis) insertada en la plataforma RASP (Reconstruct Ancestral State in Phylogenies). Se probaron 6 áreas biogeográficas. En nuestro

análisis preliminar, dos especies actualmente asignadas en *Periboeum* (*P. aduncum* y *P. paucispinum*) están más relacionadas con el grupo externo, lo que corrobora nuestra hipótesis taxonómica de que ambas deberían ser transferidas. Concluimos que *P. aduncum* es sinónimo de *Sphaerion inerme* y *P. paucispinum* debe transferirse a *Mephritus*. Con dicha transferencia *Periboeum* se recuperó como grupo monofilético. Nuestro análisis biogeográfico indica que la población ancestral habitaba la subregión Chaqueña que comprende los dominios del sureste de la Amazonía, Chaco, Paraná y zona de transición suramericana.

¿Podrá *Obama* invadir el mundo? Distribución potencial de *O. nungara* (Platyhelminthes: Geoplanidae), la planaria terrestre neotropical que colonizó Europa

Negrete, Lisandro^{1,2*}; Marina Lenguas Francavilla^{1,2}; Victor Hugo Merlo Alvarez¹; Cristina Damborenea^{1,2}; Francisco Brusa^{1,2}

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

² CONICET.

* lnegrete@fcnym.unlp.edu.ar

Obama nungara (Platyhelminthes: Geoplanidae) es una especie de planaria terrestre nativa de Argentina y Brasil. En 2008 se encontró en viveros del Reino Unido y España, y desde entonces continúa expandiéndose por Europa. Probablemente el comercio de plantas ornamentales sea el principal vector de esta especie, teniendo en cuenta su escasa capacidad migratoria *per se*. Debido a su variado régimen alimenticio y a su propensión a vivir en ambientes antropizados, *O. nungara* reúne características para convertirse en invasora, siendo un riesgo para la diversidad de la fauna edáfica en áreas colonizadas. Comprender la distribución potencial de esta especie a nivel global es un prerequisite para el monitoreo y control efectivo de la misma. Se utilizó el algoritmo de máxima entropía (MaxEnt) para simular la distribución potencial de *O. nungara*, explorar los principales factores climáticos que afectan su distribución, e identificar regiones susceptibles de ser invadidas. Se utilizaron 116 puntos de ocurrencia y 19 variables bioclimáticas (WorldClim). El valor promedio de la prueba AUC fue de 0,989 ($\pm 0,0034$). La temperatura media del trimestre más frío, la estacionalidad térmica y las precipitaciones del trimestre más seco son los factores climáticos que más afectan la distribución de *O. nungara*. La distribución potencial muestra una expansión por Europa, sureste de Australia, Nueva Zelanda, sureste de China, Golfo de México y Sudáfrica, que se vería favorecida por el intenso flujo comercial de dichos países. Esta información podrá ser utilizada para alertar sobre la potencial dispersión de *O. nungara* en las áreas mencionadas.

Análisis filogenético de las arañas Anyphaeninae (Araneae: Anyphaenidae)

Oliveira, Luiz Fernando Moura^{1,2*}; Antonio Domingos Brescovit¹

¹ Laboratório Especial de Coleções Zoológicas–LECZ, Instituto Butantan, Av. Vital Brasil, 1500, Butantã, São Paulo, Brasil.

² Universidade de São Paulo, Instituto de Biociências, Rua do Matão, 14, Butantã, São Paulo, Brasil.

* luiz.moura.lfm@gmail.com

Anyphaenidae comprende 56 géneros y 563 especies, incluyendo arañas de tamaño pequeño a mediano, que habitan desde la hojarasca hasta la copa de los árboles. La familia está dividida en Amaurobioidinae y Anyphaeninae. Amaurobioidinae incluye 23 géneros y 171 especies, y se distingue por tener el espiráculo traqueal más cerca de las hileras y palpos con área hialina en el tégulo. Anyphaeninae es diagnosticada por tener quelíceros con más de cuatro denticulos en el retromargen y espiráculo traqueal adelantado (separado de las hileras). La subfamilia está compuesta por 34 géneros y 381 especies. En este trabajo se pretende probar la monofilia de Anyphaeninae y proponer hipótesis de parentesco entre los géneros. Construimos una matriz con 101 caracteres morfológicos para 48 terminales, la cual fue analizada bajo pesos implicados ($K = 7$). Se obtuvo 1 árbol con un $fit = 67,33$. Anyphaeninae fue recuperada como monofilética, siendo sostenida por sinapomorfías no homoplásticas, de las cuales se destacan el espiráculo traqueal adelantado, y la primera bifurcación de la tráquea mediana continua junto a la tráquea lateral. El análisis resultó en al menos dos grupos bien definidos, ambos recuperados como monofiléticos. El grupo *Anyphaena* es sostenido por dos sinapomorfías, presencia de apófisis en la base del émbolo y la fusión del émbolo con el tégulo. El grupo *Aysha* es sustentado por dos sinapomorfías, presencia de un proceso embólico y el espiráculo traqueal cerca del surco epigástrico.

Dinámica de nacimiento y muerte de genes en vertebrados y qué tan comparable son sus genomas

Opazo, Juan C.

Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. jopazo@gmail.com

La actual disponibilidad de genomas completos representa una gran oportunidad para realizar diversos tipos de estudios entre los cuales destacan las bases genéticas que subyacen a la diversidad fenotípica, relaciones de ancestralidad, entre otros. Para esto, el entendimiento de las relaciones de homología entre genes de distintas especies es un aspecto fundamental y es un área de activo desarrollo en biología evolutiva. Son diversos los factores que dificultan el entendimiento de las relaciones de homología, y en consecuencia los estudios comparativos, entre los cuales se encuentran la dinámica de nacimiento y muerte, orígenes independientes de genes

con funciones similares, la conversión génica, entre otros. Es por lo anterior que un requisito fundamental para hacer comparaciones es definir el origen evolutivo de los genes a comparar. En esta charla se mostrarán resultados de dos grupos de genes, hemoglobinas y canales de calcio de la familia TRP, que ilustran las complejidades asociadas al entendimiento de las relaciones de homología y sus consecuencias para análisis posteriores.

Origen y relaciones de los tres grandes grupos de dinosaurios: patrones de homoplasia y la monofilia de Saurischia

Pol, Diego¹; Oliver W.M. Rauhut^{2,3}

¹ CONICET, Museo Paleontológico Egidio Feruglio, Trelew, Argentina.

² SNSB – Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie, Munich, Germany.

³ Department of Earth and Environmental Sciences and GeoBioCenter, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Alemania

La monofilia de los tres principales grupos de Dinosauria (Theropoda, Sauropodomorpha y Ornithischia) ha sido recuperada en todos los análisis filogenéticos del grupo. La gran mayoría de los análisis filogenéticos agrupaba a dos de éstos (Theropoda y Sauropodomorpha) en el clado Saurischia. Recientemente se ha propuesto que Theropoda y Ornithischia forman el clado Ornithoscelida y se ha renovado el interés entre los dinosaurios basales. Análisis recientes han revelado que ninguna de las hipótesis de relaciones está bien soportada. En este trabajo se exploran los patrones de homoplasia presentes en análisis filogenéticos de dinosaurios basales. Un aspecto importante es la proximidad de homoplasia concentrada en las ramas basales de Dinosauria que dificultan la resolución de estos clados. Se detectan altas tasas de cambio evolutivo en las ramas basales de Dinosauria y una concentración de homoplasia cerca de su origen. Este patrón puede estar causado por una rápida radiación de diferentes planes corporales de los tres grupos de Dinosauria.

Sistemática y biología evolutiva de arañas. Una visión global desde el sur

Ramírez, Martín

Museo Argentino de Ciencias Naturales «Bernardino Rivadavia», CONICET, Av. Ángel Gallardo 470, 1405, Buenos Aires, Argentina. ramirez@macn.gov.ar

¿Cómo es investigar la sistemática y evolución de las arañas desde Argentina? A pesar de ser un país periférico, contamos con una excelente tradición y buena

infraestructura para estudios de sistemática y biología comparada de arácnidos. A nivel mundial la sistemática de arañas está avanzando enormemente a partir de la producción masiva de datos moleculares, por ahora anónimos en cuanto a fenotipo. Por primera vez las filogenias son muy robustas y cada vez más simples de obtener si se cuenta con la cobertura taxonómica, los recursos y la capacidad para procesar datos genéticos, y a la vez hay una gran diversidad de herramientas analíticas. Sin embargo, el diseño de cada estudio sistemático sigue siendo crucial. Al combinar las filogenias resueltas con los conocimientos acumulados de morfología es posible abordar preguntas evolutivas más elaboradas y estudios biogeográficos muy ricos y detallados. Aún cuando estos estudios se encaran con una perspectiva global, la ubicación geográfica desde donde se hacen los estudios influye en el tipo de preguntas y enfoques que se abordan. Desde el cono sur de Sudamérica tenemos acceso a una diversidad peculiar de especies, que atestiguan ciertos eventos geoclimáticos, escalas temporales y adaptaciones a hábitats específicos. En esta presentación trataré de mostrar cómo nuestros estudios de biología evolutiva pueden tener un enfoque distintivo y original.

Posición filogenética de dos nuevos géneros de *Philonthina* (Coleoptera: Staphylinidae) para la región Neotropical

Ramírez-Salamanca, José; Mariana Chani-Posse

Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas, Entomología, Mendoza, Argentina (IADIZA), Casilla de Correo 507, 5500 Mendoza, Argentina. areisus@gmail.com

Sobre la base de caracteres morfológicos tradicionales en la sistemática de *Philonthina* y nuevos caracteres observados en los géneros neotropicales de la subtribu, se descubren dos nuevos géneros de posición incierta en la subtribu: uno monotípico de Perú y otro con cuatro especies (tres de Colombia y una de Ecuador). A fin de conocer la posición filogenética de estos géneros dentro de *Philonthina*, realizamos un análisis cladístico incluyendo estas cinco especies y 10 representantes de géneros de *Philonthina* de distribución holártica y neotropical (outgroup) y un *Xanthopygina*, potencial grupo hermano de *Philonthina* como raíz. Se utilizaron 51 caracteres: 28 de la morfología externa, 16 de la genitalia masculina y siete de genitalia femenina. La matriz de datos fue analizada con TNT, arrojando cuatro cladogramas de 73 pasos, CI= 0,64 y RI= 0,78. Los nuevos géneros aparecen como grupos hermanos dentro del linaje Neotropical de *Philonthina*, relación sustentada por profémures sexualmente dimórficos y un esclerito accesorio en la genitalia femenina. La monofila del segundo género está soportada por cinco sinapomorfías: presencia de «callos» en los élitros, carina transversal del esterno III en forma de U, escotadura en la emarginación del esterno VIII, proyección anterior del lóbulo medio del aedeago y la relación entre la línea inferior y superior del hipomeron en la región posterior pronotal.

Evolución molecular de las proteínas de la subfamilia Indeterminate Domain (IDD): la conquista de la tierra

Prochetto, Santiago; Renata Reinheimer

Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, Universidad Nacional del Litoral, CONICET, FCB-UNL, CCT- Santa Fe, Colectora Ruta Nacional 168, Km 0 s/n, 3000, Santa Fe, Argentina.
reinheimer@ial.santafe-conicet.gov.ar

Los factores de transcripción del dominio indeterminado (IDD) son una subclase de proteínas de la familia de dedo de zinc C_2H_2 . Se caracterizan por tener dos motivos de dedos de zinc de tipo C_2H_2 y dos de tipo C_2HC . Algunos de estos factores de transcripción juegan diferentes roles en diversos aspectos del metabolismo y desarrollo de las plantas, como el tiempo de floración, la maduración de las semillas, el desarrollo de las raíces, el gravitropismo de los brotes y el desarrollo de las hojas. Sin embargo, la función de la mayoría de los genes IDD es desconocida y la evolución molecular de la familia no se ha explorado en detalle. Aquí presentamos una reconstrucción filogenética de la familia IDD utilizando los genes IDD de 14 genomas representativos de Embriofitas más el alga verde *Klebsormidium nitens*. Rastreamos el origen de la subfamilia a la división Charophyta. Nuestros resultados sugieren que la familia puede dividirse en al menos diez clados los que comparten seis motivos conservados, que incluyen los cuatro dedos de zinc del dominio IDD. Además, encontramos motivos que son específicos de clados particulares y que necesitan una mayor caracterización. Este estudio proporciona un marco sólido sobre las relaciones evolutivas de los factores de transcripción IDD de las plantas terrestres, lo que aumenta la precisión en la identificación de los ortólogos en especies no modelo y facilita la identificación de genes agrónomicamente importantes relacionados con el metabolismo y el desarrollo de las plantas.

Revisión sistemática y filogenia del género *Lepthercus* (Araneae: Mygalomorphae) y descripción de un género nuevo

Ríos-Tamayo, Duniesky^{1*}; Robin Lyle²

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Agricultural Research Council – Plant Health and Protection, South Africa.

* duniesky1979@gmail.com

El género *Lepthercus* Purcell, 1902 comprende dos especies presentes en Sudáfrica, *Lepthercus dregei* y *Lepthercus rattrayi*; desde su descripción original, el género no ha sido objeto de ningún estudio taxonómico. Los principales objetivos del presente trabajo son revisar la taxonomía del género en África del Sur y proponer una hipótesis filogenética para sus especies. Se examinó abundante material asig-

nado al género *Lepthercus* proveniente de varios museos del país y de otras partes del mundo. Con todo este material, se re-describieron las dos especies actuales del género *Lepthercus*; se describieron seis nuevas especies para el género, así como la hembra correspondiente a *L. dregei*, la cual aún no se conocía. Además, se reveló un género nuevo, compuesto por tres especies. Se llevó a cabo un análisis filogenético con todas las especies de *Lepthercus* y del género nuevo; la matriz filogenética estuvo compuesta por 41 caracteres, siendo la mayoría de ellos nuevos. Los resultados filogenéticos sugieren que el género nuevo, aparece cercano a la base del cladograma, siendo grupo hermano de Anaminae + (*Acanthogonatus* + *Stanwellia*) + *Lepthercus*. Por su parte, el género *Lepthercus* aparece con una politomía y en una posición más derivada. Se obtiene el grupo *dregei* (*Lepthercus sensu stricto*) con buenos valores de soporte y compuesto por cinco especies.

Dos especies nuevas del género *Elmas* (Coleoptera: Staphylinidae) de Perú y sus relaciones filogenéticas

Rodríguez, Maryzender^{1*}; Angélico Asenjo²; Luis Pérez¹

¹ Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, 15072, Jesús María, Lima, Perú.

² Universidade Federal de Mato Grosso, Instituto de Biociências, Departamento de Biologia e Zoologia, Av. Fernando Correa da Costa 2367, 78060-900, Boa Esperança, Cuiabá, MT, Brazil.

* maryzender@gmail.com

El género neotropical *Elmas* Blackwelder incluye 20 especies distribuidas en América Central y América del Sur, desde Nicaragua hasta Brasil. Análisis filogenéticos previos de *Elmas* evidenciaron que es un grupo monofilético respaldado por ocho sinapomorfías no ambiguas. El propósito de este trabajo es describir dos especies nuevas recolectadas en los bosques basimontanos de la vertiente oriental de los Andes de Perú (Departamentos de Huánuco y Madre de Dios) y analizar sus relaciones filogenéticas. Los ejemplares estudiados están depositados en el Museo de Historia Natural de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (MUSM), en el Setor de Entomologia da Coleção Zoológica da Universidade Federal de Mato Grosso (CEMT), Departamento de Biologia e Zoologia y en el Natural History Museum, London (NHMUK). La especie *Elmas* sp. nov. A se diferencia del resto de especies por poseer un grupo de setas largas en la parte medioapical de los esternos III–VI, mientras que *Elmas* sp. nov. B se diferencia por presentar una puntuación del postclípeo menos densa que de la frente y por la ausencia de una depresión en el medio de la frente. El análisis filogenético demostró que las dos especies nuevas se encuentran en el clado formado por *E. falini* + *E. gigas* + *E. spinosus* compartiendo dos sinapomorfías: área medial entre las antenas longitudinalmente deprimidas formando un surco poco profundo en forma de V y submentun con una espina medial. Además, se registran nuevas localidades de presencia para *E. gigas*, *E. lescheni* y *E. strigella*.

Cladule: Usando algoritmos filogenéticos para encontrar distribuciones de horarios óptimas

Roffé, Ariel^{1,2,3}

¹ Centro de Estudios de Filosofía e Historia de la Ciencia (Universidad Nacional de Quilmes-CONICET), Roque Saenz Peña 352, B1876BXD, Bernal, Buenos Aires, Argentina.

² Facultad de Filosofía y Letras (Universidad de Buenos Aires), Puán 480, 1420, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

³ Universidad Nacional Tres de Febrero, Mosconi 2736, B1674AHF, Sáenz Peña, Buenos Aires, Argentina. ariroffe@hotmail.com

En el presente trabajo se introduce un software (Cladule) cuyo fin es automatizar el armado de programas de congreso complejos, que poseen gran número de sesiones en paralelo. Para ello, se utilizan estrategias teóricas y computacionales extraídas de la cladística. A grandes rasgos, la solución consta de dos pasos. En primer lugar, se define un criterio de optimalidad, que surge de asignar costos a la ocurrencia de ciertos eventos indeseables (superposiciones de autor, de simposio, de áreas temáticas, etc.). Por cada ocurrencia de uno de estos eventos, se suma el costo correspondiente al programa en el que aparecen. En segundo lugar, se emplean métodos heurísticos de búsquedas para encontrar programas de congreso con bajo costo (dado que la combinatoria de programas posibles es demasiado grande para intentar una búsqueda exacta). Se utilizan, por una parte, métodos de adición (RAS), en donde las ponencias se agregan una a una al programa, en un orden randomizado, en el lugar en donde tienen menor costo. Por otra parte, Cladule utiliza métodos de *swapeo*, mediante los cuales intenta mejorar los programas de RAS intercambiando exposiciones y/o sesiones enteras de lugar. Se ejemplifica y demuestra el software utilizando la base de datos del XI Encuentro AFHIC, un congreso de filosofía e historia de la ciencia que contó con aproximadamente 350 exposiciones, distribuidas en 5 días.

Uso de semilandmarks en filogenias: un caso de estudio en marsupiales didélfidos

Saguir, Sergio Omar¹; Santiago Andrés Catalano^{1,2}; David Flores^{1,3}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo – CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e IML, UNT, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

³ Instituto de Vertebrados, Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

Desde el comienzo de la utilización de caracteres morfogeométricos en filogenia, han existido diversos puntos de conflicto como el concepto carácter, la dependencia entre landmarks, alineamientos y el criterio para inferir filogenias. Un punto que no ha sido analizado se relaciona con qué tipo de landmarks pueden utilizarse en análisis

filogenéticos. Algunos autores plantean que solamente pueden utilizarse landmarks tipo I, que tendrían definición más estricta de homología. Aunque los semilandmarks no presentan tal característica, permiten describir la forma de las estructuras donde no es posible definir landmarks tipo I. En este trabajo proponemos analizar el desempeño de los caracteres de landmarks en filogenias y analizar el aporte de semilandmarks utilizando como caso de estudio a marsupiales didélfidos. Se analizaron 26 especies y 14 estructuras (configuraciones) de cráneo y poscráneo, digitalizadas en 2 dimensiones. El análisis filogenético utilizando el método de morfometría filogenética, recuperó como monofiléticas a las dos subfamilias actuales (*Caluromyinae* y *Didelphinae*) así como dos de las tres tribus actuales (*Didelphini* y *Thylamyini*). La tribu *Marmosini* no fue monofilética ya que las especies de *Marmosa* aparecieron formando un grado en la base de la familia. A nivel genérico, tres de los ocho géneros con más de una especie resultaron monofiléticos (*Marmosops*, *Monodelphis*, *Caluromys*). La inclusión de semilandmarks produjo resultados similares o mejores que los obtenidos considerando solamente landmarks. Estos resultados preliminares estarían en contra de la idea que los semilandmarks deberían ser excluidos de los estudios filogenéticos y muestra la utilidad de los caracteres morfogeométricos en estos estudios.

Filogenia morfológica de un clado neotropical de Euophryini con espiral embólica reducida (Araneae: Salticidae)

Salgado, Alexandre^{1,2*}; Gustavo Ruiz¹

¹ Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Rua Augusto Corrêa, 01, CEP 66075-110, Belém, PA, Brasil.

² Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Universidade Federal do Pará / Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brasil.

* alexandre.salgado.souza@gmail.com

En la familia Salticidae, la tribu Euophryini está compuesta actualmente por 117 géneros y su monofilia está bien soportada por caracteres morfológicos y moleculares. Los machos de esta tribu tradicionalmente son reconocidos por tener el émbolo en espiral (en un plano ligeramente paralelo al eje longitudinal del palpo); además de un ducto espermático que forma un bucle en la región retrolateral del tegulum y se proyecta hasta el centro de este. Las hembras, en general, poseen en la placa epiginal un par de áreas circulares y transparentes con las aberturas copulatorias (ventanas) en los bordes, a través de las cuales es posible observar las espermatecas. De acuerdo con las recientes hipótesis filogenéticas para la tribu, los géneros *Amphidraus*, *Marma*, *Yacuitella* y *Nebridia* componen un clado neotropical en Euophryini. La sinapomorfía más evidente de este clado es la presencia de una expansión en el borde del surco cimbial que forma una estructura modificada en la que reposa el émbolo. Recientemente, el descubrimiento de un nuevo macho con características intermedias entre

Amphidraus y *Yacuitella* levantó cuestionamientos sobre la monofilia de los géneros de este clado. El objetivo de este trabajo es realizar un análisis filogenético con datos morfológicos, a fin de aclarar las relaciones entre los géneros *Amphidraus*, *Marma*, *Yacuitella* y *Nebridia*. Para este estudio se está construyendo una matriz de ~35 caracteres, codificados para 24 especies de Euophryini.

Filogenia morfológica de *Neonella-Darwinneon* (Araneae: Salticidae: Euophryini)

Salgado, Alexandre^{1,2*}; Gustavo Ruiz¹

¹ Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Rua Augusto Corrêa, 01, CEP 66075-110, Belém, PA, Brasil.

² Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Universidade Federal do Pará / Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brasil.

* alexandre.salgado.souza@gmail.com

Con cerca de 6100 especies, Salticidae (arañas saltarinas) es la familia más diversa del orden Araneae. Su más notable sinapomorfía es la presencia de un par de ojos medios anteriores especializados que ocupan la región frontal del carapacho. Euophryini, su tribu más diversa (cerca de 1000 especies) presenta una hipótesis filogenética reciente, siendo su monofilia bien soportada por datos morfológicos y moleculares. Los machos de esta tribu son reconocidos por la presencia de un ém-bolo en espiral (en un plano ligeramente paralelo al eje longitudinal del palpo) y de un ducto espermático que forma un bucle en la región retrolateral del tegulum. Las hembras, generalmente, poseen un par de áreas circulares y transparentes con las aberturas copulatorias en la placa epiginal, a través de las cuales se pueden observar las espermatecas. En esta tribu están presentes las arañas saltarinas de menor tamaño (cerca de 1-2mm), tales como las del género *Neonella* (14 especies distribuidas en las Américas) y *Darwinneon* (una especie conocida para las islas Galápagos). *Darwinneon* es actualmente considerado grupo hermano de *Neonella*, sin embargo, la morfología de los órganos copulatorios de su especie tipo (*D. crypticus*) está poco documentada. Una revisión reciente de los especímenes macho y hembra de *D. crypticus* evidenció la existencia de similitudes morfológicas con especies de *Neonella* conocidas para el Brasil. El objetivo de este trabajo es realizar un análisis filogenético con datos morfológicos, con el fin de aclarar las relaciones entre los géneros *Neonella* y *Darwinneon*.

Estatus taxonómico de *Akodon simulator* (Cricetidae: Sigmodontinae) en Argentina: aproximaciones filogeográfica y colorimétrica

Sandoval, María Leonor^{1,2,3*}; Ignacio Ferro^{1,2}; Raúl E. González-Ittig^{1,4}; Cristina N. Gardenal^{1,4}; Rubén M. Barquez^{1,2}

¹ CONICET (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas), Argentina.

² PIDBA (Programa de Investigaciones de Biodiversidad Argentina), Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán (UNT).

³ ILAV (Instituto de Investigación en Luz, Ambiente y Visión), CONICET-UNT.

⁴ IDEA (Instituto de Diversidad y Ecología Animal), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Argentina, y Cátedra de Genética de Poblaciones y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina.

* maritizandoval@yahoo.com.ar

Las especies más grandes del género *Akodon* de las Yungas del sur de Bolivia y noroeste de Argentina (NOA) han sido tratadas frecuentemente como sinónimos o subespecies por diferentes autores. Estas especies incluirían a *A. varius* (Bolivia) y *A. simulator* (sur de Bolivia y NOA), y *A. simulator* incluiría 3 subespecies: *A. simulator tartareus* (norte, incluyendo Bolivia), *A. s. simulator* (centro) y *A. s. glaucinus* (sur). Los caracteres fenotípicos que distinguen a las 3 subespecies están basados en sutiles diferencias de coloración y tamaño. En este estudio, intentamos profundizar en el análisis de las relaciones entre estas poblaciones mediante: a) El aumento de la amplitud geográfica de la muestra, cubriendo todo el rango geográfico del taxón en Argentina; b) El incremento del tamaño de la muestra, usando dos genes mitocondriales, Cyt-b (n=30, a los que se adicionaron secuencias disponibles en GenBank) y COI (n=20); y c) La inclusión del análisis cuantitativo de los patrones de coloración del pelaje, mediante la obtención de datos colorimétricos a partir de más de 100 especímenes, utilizando un espectrorradiómetro calibrado contra un difusor estándar blanco y una cabina de iluminación difusa. Además, incluimos topotipos. Las relaciones filogenéticas mostraron 4 clados bien soportados, 3 de los cuales presentan una estructura filogeográfica fuerte: uno incluye especímenes de *A. varius*, otro de *A. tartareus* y el tercero de *A. glaucinus*. El cuarto clado incluye especímenes del rango latitudinal completo. Se analiza la diagnosis morfológica basada en la cuantificación de los patrones de coloración del pelaje en este escenario.

Regionalización biogeográfica de la Zona de Transición Mexicana de Montaña, basada en la distribución de plantas y vertebrados

Santiago-Alvarado, Margarita^{1,2*}; Gerardo Rivas³; Isolda Luna-Vega⁴; David Espinosa²

¹ Programa de Posgrado en Ciencias Biológicas, Coordinación de Estudios de Posgrado, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510 Ciudad de México, México.

² Unidad Multidisciplinaria de Investigación Experimental, Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Batalla del 5 de mayo s/n, Col. Ejército de Oriente, 09230, Ciudad de México, México.

³ Departamento de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510, Ciudad de México, México.

⁴ Laboratorio de Biogeografía y Sistemática, Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510, Ciudad de México, México.

* margarita.santiago3391@gmail.com

La Zona de Transición Mexicana de Montaña (ZTMM) es el área en donde se superponen las distribuciones de taxones Neárticos y Neotropicales, sobre las cordilleras no-peninsulares de México y América Central. Algunas propuestas de regionalización biogeográfica han establecido cinco provincias biogeográficas en esta zona (Sierra Madre Occidental, Sierra Madre Oriental, Faja Volcánica Transmexicana, Sierra Madre del Sur y Sierra Madre de Chiapas), sin embargo, no es posible hacer un consenso de estos resultados. Nuestro objetivo fue identificar un esquema de provincias biogeográficas de la ZTMM, con base en datos y modelos de distribución de diferentes grupos de plantas y vertebrados. Se revisaron bases de datos y literatura para conformar una lista de taxones endémicos y con distribución preferencial hacia la zona montañosa del país. La información recopilada se estandarizó, depuró y validó en geografía y taxonomía, con base en literatura especializada. La identificación de las áreas de endemismo presentes dentro de la ZTMM se realizó con el programa *ndm/vndm*. Posteriormente, se utilizaron modelos de distribución de especies (MDE) para establecer los límites de cada área de endemismo reconocida. La base de datos original contenía 622084 registros, mientras la base depurada contiene 89802 registros únicos de 700 especies de plantas vasculares y vertebrados. Se obtuvieron 33 áreas de endemismo que se categorizaron como provincias biogeográficas, distritos y áreas nodales. Nuestros resultados permitieron estructurar una nueva propuesta de regionalización sustentada en la distribución de plantas y vertebrados.

Análisis filogenético de Rhodniini, combinando marcadores moleculares y morfométricos

Soto-Vivas, Ana^{1*}; Jonathan Liria²; Efraín De Luna³

¹ Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Central del Ecuador, Yaguachi EC170136, Quito, Ecuador.

² Grupo de Biogeografía y Ecología Espacial, Universidad Regional Amazónica Ikiam, 7Km vía Muyuna, Napo, Ecuador.

³ INECOL, El Haya, Xalapa 91070, Veracruz, México.

* aysoto@uce.edu.ec

La tribu Rhodniini incluye a *Rhodnius* Stål y *Psammolestes* Bergroth. Evidencias enzimáticas, moleculares y morfométricas sugieren monofilia de la tribu y parafilia de *Rhodnius*. Sin embargo, no se han realizado análisis combinando marcadores moleculares y morfométricos. Hemos reanalizado la filogenia en Rhodniini, adicionado datos como medidas de las cabezas, configuraciones alares, y datos moleculares, en 12 terminales. Se utilizaron cuatro especies de Triatomini como grupos externos y ocho de Rhodniini. Se registraron configuraciones de coordenadas (x, y) del ala y 12 medidas de la cabeza. El alineamiento de las secuencias nucleotídicas de seis marcadores disponibles en GenBank se realizó con MUSCLE. Los análisis filogenéticos se ejecutaron con TNT 1.5 para la matriz combinada mediante 1000 réplicas, alternando el uso de algoritmos de búsqueda, en cada réplica. En estos análisis, las coordenadas se optimizaron con parsimonia, minimizando iterativamente las distancias entre posiciones de los puntos entre configuraciones consensos de ancestros y descendientes. Los análisis cladísticos en la matriz combinada, arrojaron un árbol de mínima longitud (L= 2579,98 IC= 0,86 IR= 0,53). La topología del árbol con matriz combinada y el de datos moleculares, muestran parafilia de Rhodniini. El nodo *pictipes*+*brethesi* es soportado por morfometría de cabeza, 16s y COI. El nodo de Triatomini es soportado por dos caracteres de la cabeza, ala y 16s, 18s, cytb, y monofilia de *Psammolestes* por cabeza y ala. El nodo *neivai*+*prolixus*+*robustus*+*colombiensis* por morfometría alar, cabeza y 16s. Estos resultados contraponen la hipótesis de monofilia en Rhodniini y apoyan posibles eventos cladogénicos que ocasionaron la divergencia de estas especies.

Desenredando los agrupamientos en Anisembiidae (Embioptera)

Szumik, Claudia*; Verónica V. Pereyra; M. Laura Juárez

Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, Tucumán, Argentina.

* szu.claudia@gmail.com

Del primer al último análisis cladístico publicado del Orden Embioptera, la familia Anisembiidae aparece como grupo monofilético. Sin embargo, la mitad de

los géneros de Anisembiidae creados por Edward S. Ross, especialista del orden, aparecen para o polifléuticos (e.g. *Bulbocerca*, *Dactylocerca*, *Pelorembia*, *Stenembia*). Esta familia exclusivamente americana, contaba, a fines de los 90, con un puñado de géneros (4-5) y alrededor de 40 especies. Entre el 2001 y 2004, Ross ya más cerca de los 100 que de los 90, publica en la revista de su museo (Occ. Papers of California Academy Science) seis compendios sobre embiópteros. Uno de ellos es una revisión de la familia Anisembiidae, donde describe alrededor de 70 especies y 15 géneros nuevos (la mitad de ellos monotípicos), como también, grupos, tribus y subfamilias. En este compendio es bien evidente una postura del especialista que estaría en conflicto con un principio básico en sistemática: lograr una clasificación estable; los agrupamientos deben estar sustentados por la evidencia. Como resultado de esta particular interpretación de Ross de la sistemática, este compendio incluye nuevos géneros creados para especies muy autapomórficas o el uso de la geografía política como criterio para redefinir grupos (e.g. *Anisembia* exclusiva de Texas, *Mesembia* exclusiva de Cuba). Por lo tanto, en este trabajo nos proponemos analizar la totalidad del grupo (aprox. 110 especies) y desenmarañar los agrupamientos de Ross en un contexto filogenético.

Filogenia de *Astyanax* (Characiformes: Characidae)

Terán, Guillermo^{1*}; Mauricio Benitez²; J. Marcos Mirande¹

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000.

² Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), Félix de Azara 1552, 3300, Posadas, Misiones, Argentina.

* guilloteran@gmail.com

El género de peces dulceacuícolas *Astyanax*, con más de 150 especies, es uno de los más diversos de la familia Characidae. El género está definido por una combinación de estados de caracteres que se encuentran ampliamente distribuidos dentro de Characidae. Además, es el género con distribución geográfica más amplia en la familia, encontrándose en una gran variedad de ambientes de la región neotropical. Si bien las relaciones filogenéticas se trataron sólo de forma parcial, muchos autores concuerdan que el género no representa una unidad monofilética. El objetivo del trabajo es estudiar las relaciones filogenéticas del género *Astyanax* en el contexto de la filogenia de la familia Characidae, mediante la combinación de datos morfológicos y moleculares. Se analizan un total de 520 caracteres morfológicos, nueve marcadores moleculares y 608 taxones, de los cuales 98 pertenecen a *Astyanax*. De acuerdo con los resultados de nuestros análisis, *Astyanax* no es un género monofilético. Recuperamos especies atribuidas a *Astyanax* en diferentes subfamilias: Gymnocharacinae (incluyendo la especie tipo), Stevardiinae y Tetragonopterinae. Entre las especies recuperadas en Gymnocharacinae, la mayoría de las especies (incluyendo la especie tipo) se obtuvo en Gymnocharacini y las restantes en Probolodini. Se discuten las implicancias y los posibles cambios taxonómicos.

Prediciendo la incongruencia entre parsimonia y verosimilitud en estudios filogenómicos: apoyo, niveles taxonómicos e incongruencia entre genes

Torres, Ambrosio^{1*}; Pablo A. Goloboff¹; Santiago A. Catalano^{1,2}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

* atorresgalvis@gmail.com

En la actualidad no existen estudios empíricos que usen un número considerable de *datasets* para determinar los principales causantes de las diferencias entre los resultados de Máxima Parsimonia (MP) y Máxima Verosimilitud (MV) en análisis filogenómicos. En trabajos previos evidenciamos una alta congruencia entre MP y MV para 149 *datasets* filogenómicos (2,4 movimientos-SPR en promedio) donde en general las diferencias no afectaron las conclusiones de los estudios, y estuvieron asociadas a nodos con bajo apoyo. MP con pesos implícitos en general no produjo mayor congruencia con MV, que MP bajo pesos iguales. Adicionalmente, los taxones con altos niveles de datos faltantes y/o mayores largos de ramas estuvieron involucrados en la mayoría de los nodos incongruentes. En este trabajo por medio de regresiones lineales evaluamos si existe relación entre la incongruencia MP-MV con i) la incongruencia entre los genes de cada *dataset*, y ii) el nivel taxonómico abordado. Encontramos que la incongruencia entre los genes está significativamente relacionada con la incongruencia MP-MV, mostrando que aquellos nodos incongruentes son generalmente aquellos que están presentes en un bajo porcentaje de los árboles obtenidos a partir de cada gen. No encontramos una relación significativa entre el nivel taxonómico y la incongruencia MP-MV, aunque estudios más detallados deben realizarse. Nuestros resultados sugieren que las topologías de MV y MP para datos filogenómicos son, en la práctica, equivalentes. Además, la integración de diferentes análisis de las características de los *datasets* podrían permitir predecir la incongruencia entre MP y MV.

Nuevos descubrimientos de dinosaurios del Jurásico Medio-Tardío de China

Xu, Xing

Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences, Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100044, China.

El Jurásico Medio es un período geológico crítico para la evolución de los tetrapodos. Sin embargo, su registro fósil para este período es pobre. Desde el comienzo

de este siglo hemos realizado diferentes proyectos con el objeto de coleccionar y estudiar la fauna de vertebrados terrestres desde el Jurásico Medio hasta el Jurásico Tardío, tanto en la región norte como en la región sur de China. Estos proyectos han sido productivos y han resultado en la colecta de numerosos fósiles de dinosaurios y otros grupos de vertebrados. Estos nuevos descubrimientos han revelado la presencia de varios clados de dinosaurios previamente desconocidos, han demostrado diferencias regionales significativas en la composición de las faunas y han aumentado fuertemente nuestra comprensión sobre la evolución temprana de varios clados importantes de dinosaurios.

Reconstrucción Filogenética en la paleontología de dinosaurios y sus implicancias en el estudio del origen de las aves

Xu, Xing

Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences, Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100044, China.

Reconstruir la evolución de las principales características de las aves es central para el estudio de los orígenes de las aves y requiere de una filogenia de dinosaurios robusta en la cual enmarcar la discusión. Mientras se han logrado algunos consensos en la filogenia de dinosaurios, obtener una filogenia robusta requiere de resolver diferentes cuestiones. Presento aquí varios ejemplos que muestran cómo las diferentes reconstrucciones filogenéticas afectan nuestra comprensión de la evolución de las plumas, las alas y el vuelo. Una comprensión total de la distribución de las características de las aves en el espacio y el tiempo, y sobre la filogenia, es algo prometedor, pero requiere de esfuerzos considerables tanto desde la aplicación de nuevas técnicas y métodos como de la colección de nuevos datos desde el trabajo multidisciplinario.