



**Acta de liquidación del proyecto:**

*Delimitación de especies y patrones de flujo genético en mariposas del clado sara/sapho del género Heliconius,*  
por el Fondo de Investigaciones de la Universidad del Rosario – Fondos Concursables 2016 modalidad Big Grant

La Universidad del Rosario a través de la Dirección de Investigación e Innovación, representado en este acto por **María Martínez Agüero**, en su condición de Directora de una parte; y de la otra, Camilo Andres Salazar Clavijo, Investigador principal.

**CONSIDERANDO QUE:**

En la convocatoria del Fondo de Investigaciones de la Universidad del Rosario – Fondos Concursables modalidad Big Grant 2016, fue aprobada la cofinanciación del proyecto titulado: **Delimitación de especies y patrones de flujo genético en mariposas del clado sara/sapho del género Heliconius**, con las siguientes características:

I. El valor aprobado de la financiación por Fondo Concursable fue de:

Fecha	Objeto	valor
2016	Estudiar la dinámica de especiación y adaptación en especies con patrón de coloración alar blanco-amarillo del clado de Heliconius sara-sapho.	\$106.091.030

II. Le fue asignado el centro de costo PIN-2017-001 / IV-FGD001

III. El término de duración del proyecto: 36 meses / Fecha formal de finalización: 27 de febrero de 2020

IV. Los resultados esperados y entregados:

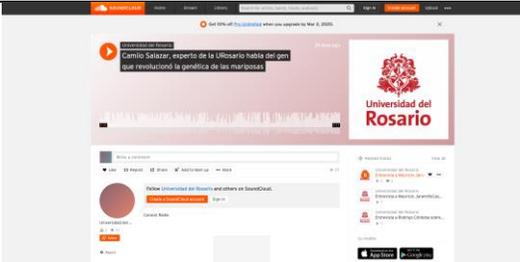
**Generación de nuevo conocimiento:**

Resultado previsto	Resultado entregado
1. Se espera generar al menos 2 publicaciones en revistas científicas especializadas internacionales.	<p><b>Butterfly Genomics</b> (anexo No. 1)</p> <p>Genomic architecture and introgression shape a butterfly radiation</p> <p><b>Science</b> (anexo No. 1)</p> <p>Selective sweeps on novel and introgressed variation shape mimicry loci in a butterfly adaptive radiation</p> <p><b>PLOS Biology</b> (anexo 2)</p> <p>Recombination rate variation shapes barriers to introgression across butterfly genomes</p> <p><b>PLOS Biology</b> (anexo3)</p>
2. Se espera asistir y presentar los resultados del	<p><b>Internacional</b></p> <p>ESEB 2019, participated in the 2019 Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB2019)</p>



<p>presente proyecto en al menos 1 congreso científico internacional y 1 nacional.</p>	<p>in Turku, Finland, and presented the abstract entitled “Environmental variables shaping the distribution and hybridization in <i>Heliconius</i> butterflies”. The congress took place in Logomo, Turku on 19–24 August 2019.</p> <p><b>Nacional</b> Sociedad Colombiana de Entomología – Socolen, participación en el 46 congreso de entomología VII encuentro sobre Lepidópteros Neotropicales, Desafíos entomológicos en la ocupación del territorio 17,18 y 19 de julio de 2019 – Medellín – Colombia</p>																												
<p>3. Se espera que las presentaciones realizadas en los congresos científicos nacionales sean publicadas como resúmenes en las memorias de los eventos.</p>	<p>Ver libro de memorias adjunto, si se hace búsqueda con la palabra <i>Heliconius</i> se encuentran todas. Adjunto pantallazos acá:</p> <p style="text-align: center;"><b>VII ELEN</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Especiación: múltiples factores genéticos o algunos de gran efecto</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Simón H. Martin<sup>1,2</sup>, María F. Gonzalez<sup>3</sup>, Kathy Darragh<sup>1</sup>, John W. Davey<sup>1,4</sup>, Carolina Pardo<sup>3</sup>, Chris D. Jiggins<sup>1*</sup> &amp; Camilo Salazar<sup>3</sup></b></p> <p style="text-align: center;"><small><sup>1</sup>Department of Zoology, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom. <sup>2</sup>Institute of Evolutionary Biology, The University of Edinburgh, Ashworth Laboratories, Charlotte Auerbach Road, United Kingdom. <sup>3</sup>Biology Program, Faculty of Natural Sciences and Mathematics, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. <sup>4</sup>Technology Facility, Department of Biology, University of York, Wentworth Way, York, United Kingdom. &lt;camilo.salazar@urosario.edu.co&gt;</small></p> <p>La especiación puede involucrar pocos genes de gran efecto o muchos loci de menor efecto. La evidencia a favor de menos o más genes a la especiación en estados tempranos es controversial. En mariposas del género <i>Heliconius</i> cambios en el patrón de coloración han generado selección disruptiva y apareamiento asociativo. Las bases genéticas de este rasgo recaen sobre pocas regiones de mayor efecto (Merrill <i>et al.</i>, 2019). Sin embargo, fuerte aislamiento reproductivo existe entre <i>H. melpomene</i> y <i>H. timareta</i> (Mérot <i>et al.</i>, 2017) a pesar de que presentan convergencia fenotípica (Figura 1, Tabla 1). Se demuestra que en este caso la discriminación de las especies reside en mezclas químicas diferentes y la respuesta de las hembras a las mismas (Tabla 2). Al examinar los genomas entre pares de especies con y sin cambio en el patrón de coloración, múltiples regiones que caen en zonas de baja recombinación parecieran albergar loci “barrera” al flujo genético (Figura 2). Esta señal es compatible con el efecto de selección en contra de la introgresión, evitando la acumulación de variantes deletéreas y en concordancia con un modelo de especiación poligénico (Martin <i>et al.</i>, 2019). En conclusión, hay evidencia para ambos tipos de arquitectura genética, loci de mayor efecto o múltiples de menor efecto, pero la temporalidad de su acción es difícil de determinar en comparaciones de un único estado de divergencia. Más estudios sobre los genes de especiación y la heterogeneidad del genoma en distintos niveles de divergencia son necesarios para entender si realmente existen etapas diferenciales en el proceso de la especiación.</p> <p><b>Tabla 1.</b> Probabilidad de apareamiento en experimentos sin escogencia.</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th></th> <th>Cruce</th> <th>N</th> <th>Prob. apareamiento</th> <th>Intervalo de confianza</th> <th>Fuente</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td rowspan="2">Controles</td> <td>Htf x Htf</td> <td>45</td> <td>0.911</td> <td>[0.82 - 0.971]</td> <td>Merot 2017</td> </tr> <tr> <td>Hmm x Hmm</td> <td>35</td> <td>0.857</td> <td>[0.737 - 0.946]</td> <td>Merot 2017</td> </tr> <tr> <td rowspan="2">Interespecíficos</td> <td>Hmm x Htf</td> <td>13</td> <td>0.152</td> <td>[0.04 - 0.363]</td> <td>En prep.</td> </tr> <tr> <td>Htf x Hmm</td> <td>16</td> <td>0.188</td> <td>[0.157 - 0.377]</td> <td>En prep.</td> </tr> </tbody> </table> <p style="text-align: center;">Congreso Soc. Colomb. Entomol, Memorias Resum. (USB) <span style="float: right;">59</span></p>		Cruce	N	Prob. apareamiento	Intervalo de confianza	Fuente	Controles	Htf x Htf	45	0.911	[0.82 - 0.971]	Merot 2017	Hmm x Hmm	35	0.857	[0.737 - 0.946]	Merot 2017	Interespecíficos	Hmm x Htf	13	0.152	[0.04 - 0.363]	En prep.	Htf x Hmm	16	0.188	[0.157 - 0.377]	En prep.
	Cruce	N	Prob. apareamiento	Intervalo de confianza	Fuente																								
Controles	Htf x Htf	45	0.911	[0.82 - 0.971]	Merot 2017																								
	Hmm x Hmm	35	0.857	[0.737 - 0.946]	Merot 2017																								
Interespecíficos	Hmm x Htf	13	0.152	[0.04 - 0.363]	En prep.																								
	Htf x Hmm	16	0.188	[0.157 - 0.377]	En prep.																								



	<p style="text-align: center;"><b>ELEN-O-26. Environmental variables shaping the distribution and hybridization in <i>Heliconius</i> butterflies</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Nicol Rueda-M<sup>1</sup>; Carol X. Garzón – López<sup>1</sup>; Gonzalo Andrade<sup>1</sup>; Carlos Gantiva<sup>1</sup>; Carolina Pardo-Díaz<sup>1</sup>; Camilo Salazar<sup>1</sup></b></p> <p style="text-align: center;"><sup>1</sup>Universidad de Rosario</p> <p style="text-align: center;">Correo electrónico para correspondencia: nicol.rueda@urosario.edu.co</p> <p><b>Resumen</b></p> <p>The impact of ecological variables on natural hybridization is of widespread interest. However, the role of environmental variables on the distribution of hybridization zones is less known. Here we studied the distributional patterns of <i>Heliconius</i> butterflies in Colombia and asked which environmental variables contribute the most to their occurrence and hybridization. To investigate this, we collected 22,421 records on <i>Heliconius</i> in Colombia including 34 species, 110 subspecies and 34 hybrid zones. We modelled the potential distribution ranges of each species, subspecies and hybrids using four methods (GLM, GBM, ANN and Maxent) and five bioclimatic variables, which were selected after conducting a correlation test. We then quantified and compared climatic niches using principal component analyses. Our results indicate that isothermality is the variable that contributes the most to the potential distribution of species, subspecies and hybrids. Additionally, isothermality, altitude and seasonality of precipitation were the variables that best explained natural hybridization. Our findings suggest the importance of temperature in creating horizontal microhabitats that shape distributional ranges in tropical butterflies, and when such microhabitats are suitable for multiple species, interspecific encounters are facilitated and thus hybridization occurs.</p> <p style="text-align: center;">Congreso Soc. Colomb. Entomol, Memorias Resum. (USB) <span style="float: right;">485</span></p>
4. Se espera generar una nota científica-divulgativa en el boletín de la red colombiana de biología evolutiva COLEVOL	

## V. Productos de formación

El presente proyecto vincula como co-investigadora a una estudiante de doctorado colombiana dentro de la Universidad del Rosario (Nicol Rueda). Su trabajo doctoral será dirigido por el Investigador principal de este proyecto (Camilo Salazar). Los resultados del mismo constituirán parte fundamental de su disertación doctoral de la estudiante.	Doctorado de Nicol Rueda
---	-----------------------------

## VI Divulgación de resultados y de apropiación de los conocimientos generados

Resultado previsto	Estado
<p>Se escribirá una nota corta sobre los resultados de la investigación a publicarse en el periódico (Nova et Vetera) semanal de la Universidad del Rosario. Cómo se espera que los resultados derivados del presente estudio tengan relevancia internacional, se espera contar con los espacios de prensa nacionales que normalmente ofrece la Dirección de Investigaciones de la universidad del Rosario al igual que la inclusión de los resultados en la pestaña de noticias de la página web de la universidad. Con toda seguridad de encontrar señales genómicas interesantes o especies nuevas este trabajo contará con difusión en medios internacionales. Todos los datos genómicos obtenidos en el presente estudio serán depositados en bases de datos como ENA: <a href="http://www.ebi.ac.uk/ena">http://www.ebi.ac.uk/ena</a> y los scripts que se desarrollen para análisis particulares serán depositados en repositorios como Github <a href="https://pages.github.com">https://pages.github.com</a>.</p> <p>Estos dos procedimientos suelen hacerse en la comunidad científica para hacer disponibles los datos y compartir estrategias de análisis.</p>	<p><a href="https://www.urosario.edu.co/Periodico-NovaEtVetera/Medio-Ambiente/URosariocontribuyendoal-estudio-de-las-mariposas/">https://www.urosario.edu.co/Periodico-NovaEtVetera/Medio-Ambiente/URosariocontribuyendoal-estudio-de-las-mariposas/</a></p> <p><a href="https://www.urosario.edu.co/Periodico-NovaEtVetera/Medio-Ambiente/Mariposas-llevar-13-millones-de-anos-propiciando-n/">https://www.urosario.edu.co/Periodico-NovaEtVetera/Medio-Ambiente/Mariposas-llevar-13-millones-de-anos-propiciando-n/</a></p>

### Observaciones:

VII. Se ejecutó el 100% de los recursos asignados a través del fondo para un total de \$106.091.030.

VIII. El proyecto cumplió con la totalidad de los resultados esperados.

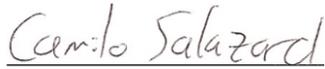
### HAN ACORDADO:

PRIMERO. Dar por liquidado el proyecto: **Delimitación de especies y patrones de flujo genético en mariposas del clado sara/sapho del género Heliconius**

SEGUNDO. Declarar que las partes se encuentran a paz y salvo por todo concepto desarrollado con el proyecto.

Para constancia se firma por las partes, en la ciudad de Bogotá D.C., el 30 de junio de 2020.

  
 María Martínez Agüero  
 Directora  
 Dirección de Investigación e Innovación  
 C.C. 52.078.862

  
 Camilo Andres Salazar Clavijo  
 Investigador principal  
 C.C. 79.873.757  
 Profesor Facultad de Ciencias Naturales