

ECOMORPHOLOGICAL ANALYSIS OF THE GRAPTOLITE HABITATS: PRELIMINARY RESULTS

G. A. LO VALVO^{1,2,3}, B. A. TORO^{1,2}, D. BALSEIRO^{1,2}, AND N. C. HERRERA SÁNCHEZ^{1,2*}

¹Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. Vélez Sársfield 1611, Ciudad Universitaria, X5016CGA Córdoba, Córdoba, Argentina. glovalvo@mi.unc.edu.ar; btorogr@mendoza-conicet.gov.ar; balsedie@gmail.com; nexxys.herrera@unc.edu.ar

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro de Investigaciones en Ciencias de la Tierra (CICTERRA), Edificio CICTERRA. Av. Vélez Sársfield 1611, Ciudad Universitaria, X5016CGA Córdoba, Córdoba, Argentina.

³Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación (AGENCIA I+D+i).

The spatial distribution of Ordovician graptolites has been classically partitioned according to both the lateral and the vertical dimensions of their habitats, and different models can be found in the literature. In this work, we analyze, from an ecomorphological perspective, the composition of the endemic, shallow-water pandemic, and deep-water pandemic habitats proposed in the Scandinavian model, based on the 38 graptolite species identified at Mount Hunneberg. We first quantified the tubaria morphology of 117 graptolite species, certainly classified, to create an empirical morphospace. Twenty two characters of ecomorphological relevance were selected, based on the known interaction between the graptolite tubarium and the environment. These characters included different types of variables, including both continuous and discrete characters, while distances were calculated as the Maximum Observable Rescaled Distance. In the resulting forty-four-dimensional morphospace, created with a Principal Components Analysis, both endemic and pandemic faunas present high morphological diversity, sharing some common strategies. The presence of morphologies with different feeding efficiency in the same habitat suggests some level of niche partitioning. Among the pandemic species, those taxa recognized as deep-water elements are morphologically less diverse than the shallow-water ones, which could be related to a uniform environment. The deep-water elements have a minimum morphological overlap with the endemic faunas, sharing multiramous forms and extensiform tetragraptids. The shallow-water pandemic and endemic faunas share multiramous, reclined four-stiped, and horizontal two-stiped forms. However, within the last morphology, only species belonging to *Expansograptus* were considered to be pandemic. On the other hand, pendent, declined, and deflexed two-stiped forms are recognized as endemic, as well as the single-stiped species. Scandent species, present in the empirical morphospace, were not used originally to develop the environmental distribution model at Mount Hunneberg due to their absence, probably because a local bias. This group has a high morphological diversity without overlap with the other recognized groups. Scandent morphologies are considered to have high feeding efficiency and most of them are interpreted as shallow-water dwellers, possibly suggesting that the morphological diversity in this environment was much higher than indicated by the Scandinavian model. These preliminary results put forward that this quantitative approach is useful to explore different perspectives about habitat distribution of the Ordovician graptoloids, providing a taxon-free framework based on ecomorphological data and filling gaps of previous models. In the forthcoming future, further taxa will be added to the dataset to compare different models of habitat distribution, the morphological composition and diversity of similar habitats among regions, and temporal differences within and between them.

*Financial support: AGENCIA I+D+i PICT 2016-0558. It is a contribution to the IGCP 653 and 735 projects.

MODULARIDAD EN LA MORFOLOGÍA EXTERNA DEL GÉNERO *STEINMANELLA* (BIVALVIA: TRIGONIIDA) DEL CRETÁCICO TEMPRANO DE CUENCA NEUQUINA

P. S. MILLA CARMONA^{1,2}, D. G. LAZO¹ E I. M. SOTO^{2*}

¹Laboratorio de Ecosistemas Marinos Fósiles, Instituto de Estudios Andinos “Don Pablo Groeber” (Universidad de Buenos Aires-CONICET), Departamento de Ciencias Geológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Universitaria Pabellón 2, C1428EGA Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. pablomillac@gmail.com; dlazo@glf.cen.uba.ar

²Laboratorio de Biología Integral de sistemas Evolutivos, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Universitaria Pabellón 2, C1428EGA Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. soto@ege.fcen.uba.ar

Aunque el tópico de integración y modularidad es de relevancia paleobiológica, estudios en bivalvos son escasos. Aquí, exploramos la existencia de módulos morfológicos y su posible significado paleobiológico en seis especies de trigonias semi-inafaunales pertenecientes a *Steinmanella*, reconocidas en el Valanginiano–Hauteriviano de la Cuenca Neuquina. Para ello, la variación en la morfología externa (ornamentación y geometría de la conchilla) de 224 especímenes (Colección de Paleontología, Universidad de Buenos Aires) fue cuantificada con morfometría geométrica tridimensional, y usada para evaluar la independencia entre ornamentación y geometría de la conchilla, así como tres hipótesis de modularidad diferentes



para esta última: una hipótesis tradicional (regiones de escudete, área y flanco), una hipótesis funcional (regiones pedal, respiratoria y charnelar), y una hipótesis ontogenética (regiones dorsal, rostral y visceral). Los resultados muestran que 1) la ornamentación se recupera como un módulo separado de la conchilla, 2) tanto la hipótesis funcional como la ontogenética presentan méritos a la hora de explicar los patrones de covariación e independencia entre regiones de la conchilla, y 3) las regiones respiratoria y del flanco de la conchilla emergen de manera consistente como módulos morfológicos separados, independientemente del esquema evaluado. En particular, estos dos últimos módulos coinciden con las porciones de la conchilla que habrían permanecido por encima y por debajo del sedimento según las reconstrucciones paleoecológicas propuestas para *Steinmanella*. En consecuencia, el desacople entre estas regiones reflejaría los entornos heterogéneos a los que se encontraban expuestas en vida y se encontraría por lo tanto determinado por factores funcionales.

*Contribución C-177 del IDEAN.

LA CUENCA ANDINA CENTRAL COMO CENTRO DE DISPERSIÓN DE OLÉNIDOS DURANTE EL CÁMBRICO TARDÍO Y ORDOVÍCICO

D. S. MONTI¹ y V. A. CONFALONIERI^{1*}

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB), Universidad de Buenos Aires-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Intendente Güiraldes 2160, Ciudad Universitaria Pabellón 2, C1428EGA Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. danielamonti@ege.fcen.uba.ar; bibilu@ege.fcen.uba.ar

Durante el Cámbrico tardío y el Ordovícico los cambios tectónicos y climáticos impactaron en la distribución y evolución de la biota marina. En este contexto, se estudiaron las historias biogeográficas de dos grupos cosmopolitas dentro de Olenida, la familia Hypermecaspididae y el género *Parabolinella* (Olenidae). Para analizar los procesos de dispersión de estos dos grupos durante el Cámbrico tardío y Ordovícico, se compararon diferentes modelos biogeográficos con BioGeoBEARS. Las hipótesis filogenéticas propuestas para cada clado fueron calibradas temporalmente con el paquete de *R paleotree*, utilizando el método *Minimum Branch Length*. Luego, estas hipótesis filogenéticas fueron utilizadas para comparar un total de seis modelos biogeográficos para cada taxón: DEC (*Dispersal-extinction-cladogenesis*), DIVALIKE, BAYAREALIKE, y sus variantes que incluyen los eventos de fundación (DEC + j, DIVALIKE + j y BAYAREALIKE + j). Con el fin de incorporar los cambios en las distancias entre las áreas a lo largo del tiempo geológico, se incorporaron matrices de distancia para tres periodos diferentes (Cámbrico tardío, Ordovícico Temprano y Ordovícico Medio). Para el modelo que mostró el mejor ajuste en cada caso, se calcularon la cantidad y tipos de eventos biogeográficos utilizando *Biogeographic Stochastic mapping* implementado en BioGeoBEARS. En los dos casos de estudio, la incorporación de los eventos de fundación (parámetro j) en los diferentes modelos mejora sustancialmente el ajuste de los mismos a los datos. En particular, el modelo DIVALIKE + j es el que presenta un mejor ajuste (*Parabolinella*: AICc= 67,9% e Hypermecaspididae: AICc= 46,1%), aunque para Hypermecaspididae la diferencia entre este modelo y el siguiente de mejor ajuste (DEC + j) es prácticamente despreciable (AICc= 44,3%). En el caso de *Parabolinella* se estima con mayor probabilidad un origen Lauréntico durante el Furongiano. Los eventos de fundación (j= 0,054) y de dispersión (d= 0,0047) prevalecen sobre los eventos de extinción (e= 1e-12). Los primeros ocurren en su mayoría desde la Cuenca Andina Central hacia Avalonia, Báltica, Oaxaca y Laurentia, y en menor medida desde Báltica hacia Avalonia; mientras que las dispersiones ocurren desde la Cuenca Andina Central hacia Avalonia, Famatina, Oaxaca y Spitsbergen; y en menor medida desde Avalonia a la Cuenca Andina Central y desde Laurentia a Oaxaca. En el caso de Hypermecaspididae los dos modelos con mejor ajuste estiman historias biogeográficas similares; un origen Gondwánico durante el Furongiano tardío es más probable en ambos modelos. En este caso, son los eventos de fundación los que juegan el rol más importante (j= 0,1 y 0,098 para DIVALIKE + j y DEC + j, respectivamente) frente a la dispersión y la extinción (d= 1e-12 y e= 1e-12, similar en ambos modelos). La mayoría de los eventos de fundación en Hypermecaspididae ocurren desde la Cuenca Andina Central hacia Avalonia, Báltica, Spitsbergen y Australia, y en menor medida desde Spitsbergen hacia Avalonia y Famatina. Si bien los grupos estudiados presentan historias biogeográficas particulares, en ambos casos la Cuenca Andina Central funciona como centro de dispersión durante el Cámbrico tardío y el Ordovícico Temprano.

*Proyecto subsidiado por: ANPCyT PICT-2019-01214.