

Reconsideración académica de la Solicitud PAPIIT Ciclo 2024

Clave: IA205024

Título: Entendiendo la especiación e hibridación de aves de México usando herramientas filogenómicas

Adscripción: Instituto de Biología

Dr. Fernando Rafael Castañeda Sabido
Director General de Asuntos del Personal Académico
Presente

En relación con el resultado de la evaluación del proyecto IA205024, del cual soy responsable, solicito a usted se haga del conocimiento del Comité Evaluador respectivo, mi petición de reconsideración que se fundamenta en:

Primeramente, quiero expresar mi agradecimiento a las personas revisoras que evaluaron mi propuesta por su tiempo invertido. Como revisor en los ciclos 2020, 2021 y 2024, conozco de primera mano el esfuerzo de evaluación de pares que invierte nuestra comunidad para cumplir con la misión de la DGAPA y proyectos PAPIIT como motor básico de la investigación en la UNAM. En segundo plano, desafortunadamente, no comparto las conclusiones de las personas revisoras de mi propuesta que las llevaron a recomendar una respuesta negativa. Comento y explico cada punto, donde manifiesto que dichas evaluaciones por un lado son generalmente incompatibles entre sí -por lo cual asumo dos personas revisoras-, y resultan la primera de una lectura somera de mi propuesta, y la segunda en general ignora las reglas operativas, alcances, metas, tiempos, y compromisos realistas para un proyecto categoría “d” de dos años. Este documento es largo, sí, pero atiende a las numerosas confusiones y malas interpretaciones de las revisiones. El sistema que propuse como modelo es la especiación entre las especies de saltapared o matraquitas *Campylorhynchus humilis*, *C. capistratus* y *C. rufinucha* (Aves, Troglodytidae) bajo un modelo de alopatría asociado al surgimiento del Istmo de Tehuantepec. Detallo mis respuestas a continuación.

(1) Formación de recursos humanos y falta de colaboradores. Empiezo por este punto ya que ilustra una inconsistencia gigantesca en las revisiones. La primera persona revisora comenta que no hay compromisos de formación de recursos humanos, y la segunda persona revisora menciona que la meta es formar a una estudiante de maestría cuando sugiero formar una estudiante de doctorado, y que la única estudiante de maestría que incluyo ya acabó créditos, por lo tanto, el rubro es “deficiente”. Esos puntos son incompatibles; o falta la parte de formación de recursos, o es de un nivel confuso entre maestría y doctorado. No pueden ser las dos, y claramente están escritos en las páginas 20, 21 y 25 de la propuesta original. Quiere decir que la primera revisión omitió completamente el compromiso de formar una estudiante de maestría. Al ser Investigador Asociado ‘C’ bajo Art. 51, únicamente se me permite concursar en proyectos individuales con duración de 2 años. ¿Qué investigador responsable podría prometer una tesis y estudiante titulada de doctorado, que duran mínimo cuatro años, bajo un proyecto individual con duración de dos años? La meta y producto confundido por la segunda persona revisora no es realista. Mi propuesta prometa algo factible: una tesis de maestría, que según las reglas del Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM debe de realizarse en dos años; por lo tanto, recomendar un rechazo a mi propuesta es injusto por

una expectativa inadecuada que no sigue reglas de PAPIIT o lineamientos de Posgrado de la UNAM. Así mismo, la propuesta que envié en el sitio GeDGAPA tiene fecha del 27 de julio de 2023. El Posgrado en Ciencias Biológicas me autorizó como tutor de doctorado el 21 de agosto, casi un mes después. ¿No sería irresponsable prometer una tesis de doctorado, si no se me había dado la autorización para dirigir estudiantes de doctorado previo al cierre del Ciclo 2024? Nunca prometí una tesis de doctorado. Dichas expectativas y rechazos no atienden a la realidad. También comentan que solicito una beca de maestría de conclusión de estudios para una estudiante que ya terminó el 100% de créditos, y que prospectivamente dicha estudiante estará en el doctorado haciendo labores para el proyecto actual a pesar de que su proyecto fue financiado con mi proyecto vigente IA205422. La persona revisora confunde a mis estudiantes (plural, LOGROS página 7). Sólo solicité UNA BECA DE CONCLUSIÓN DE PROYECTO (página 25 de la propuesta); NO DE CONCLUSIÓN DE ESTUDIOS. Mi estudiante Camila Martínez en efecto está por defender su tesis de maestría (ver [Anexo Fotográfico](#)). En lo que decide si aplica al doctorado, algo que a lo que nadie puede obligar a una estudiante, DGAPA me da la facultad de becar a una estudiante titulada de posgrado para que me ayude con el siguiente proyecto (actual reconsideración). Incluso, la persona revisora seguramente sabe que es posible cambiar indistintamente de una beca de conclusión de estudios a una de conclusión de proyecto, dependiendo del estado del estudiante porque son la misma partida presupuestal 733, por lo tanto, no puede ser un criterio que resulte en una evaluación negativa. Tengo otra estudiante que la semana que entra presenta su entrevista al doctorado. Por los motivos expuestos con anterioridad, no pude incluirla en la propuesta por la duración de dicho programa. Así mismo, cuento con una nueva estudiante de maestría, Perla Rodríguez, que inició en agosto del presente año (ver [Anexo Fotográfico](#)), y como fue posterior a la fecha de envío de la propuesta original, no pudo ser incluida oficialmente. Las personas revisoras también recordarán que es posible agregar estudiantes adicionales a proyectos justo porque no podemos asegurar al 100% su ingreso o permanencia. Por lo tanto, no pienso que sea justo evaluar mi formación de recursos humanos como “deficiente”. Finalmente, al no haber reconocido la formación de estudiantes, se calificó a mi propuesta como faltante de colaboraciones. Como he mencionado, esta propuesta categoría “d” es individual, por lo tanto, incluir colaboradores como personas académicas adicionales no es obligatorio, como incorrectamente señalan las personas revisoras. Mis dos proyectos financiados IA204220 e IA205422 contaron con ningún y un colaborador académico extra a mi persona, respectivamente, demostrando que de ninguna forma es una obligación agregar a un número determinado de colaboradores. Como Investigador Asociado, necesito demostrar que soy líder e independiente en mi campo para promoverme, y no depender de múltiples colaboraciones para ser exitoso. El proyecto planteado usa principios, técnicas, herramientas y datos en los cuales soy experto como consta en mi CV, por lo tanto, al menos a un inicio, no requiere de colaboraciones adicionales. Las personas revisoras deben recordar que la DGAPA también nos permite agregar colaboraciones si son necesarias según se desarrollen los proyectos, por lo tanto, si fuera necesario, se pueden agregar. La misión fundamental de formar recursos creo he demostrado que sí está considerada y es parte significativa (incluyendo becas), por lo tanto, esta reconsideración me permitiría consolidar mi línea de investigación y al equipo de investigación que estoy formando: mis estudiantes (plural). Eso sí es obligatorio y está en la propuesta, por lo tanto, considero injusta la evaluación negativa del rubro por una lectura somera de mi proyecto. Finalmente, todos mis artículos publicados son en colaboración con distintos colegas en México, el mundo y con mis estudiantes, por lo tanto, no es correcto aseverar que mis proyectos carecen de colaboraciones.

(2) Hibridación en aves de México. La primera persona revisora menciona que en la introducción sólo cito un estudio que realicé en 2009, sentando las bases del modelo de estudio que propuse para la propuesta actual sometida al Ciclo 2024, y que ignoré el fenómeno amplio de la “hibridación”. Este comentario es sumamente confuso, porque implica que la persona revisora tenía la expectativa de que mi propuesta fuera una revisión de la hibridación en biología. En primer lugar, cito varios estudios relevantes así como una revisión del tema (ver Referencias), y una propuesta al programa PAPIIT no es el lugar y menos el objetivo para revisiones bibliográficas. Mi línea de investigación, aprobada por el CTIC de la UNAM es sobre “Filogenómica de Aves de México”, como consta en el título de la propuesta a consideración; NO es el estudio de la hibridación en el mundo biológico. Me parece un poco condescendiente que la persona revisora espere una propuesta que se asemeje más a una actividad complementaria o un examen de candidatura doctoral de un estudiante. En segundo lugar, claramente establecí que hay muy pocos estudios con un marco morfológico y genético (un solo gen) en especies hermanas de aves de México. Los demás estudios, también escasos de por sí, son en especies de aves no-hermanas (p. ej. Sibley 1954, Kingston et al. 2014 donde soy co-autor), por lo tanto, no son relevantes para la pregunta de mi propuesta y los objetivos que plantea. En tercer lugar, guardando las proporciones, escribí la propuesta de manera sucinta similar en extensión a la introducción de revistas de muy alto prestigio, justo pensando en el tiempo de mis colegas revisores. Las reglas de la convocatoria no establecen un mínimo de palabras -exclusivamente establecen un máximo-, por lo que redactar un tratado sobre hibridación sería inapropiado. Uno pensaría que un texto conciso y directo sería apreciado, ya que habla de la complicación de estudiar la especiación en especies de aves de México cuando existe hibridación, y mi estudio de 2009 es prácticamente el único en aves de México que tiene ese marco referencial con una vasta base morfológica (Selander 1964 y 1965), acústica (Sosa-López et al 2023) y con múltiples genes (Vázquez-Miranda et al- 2009, Vázquez-Miranda y Barker 2021 <- resultado del Ciclo 2020). Todo esto está en la propuesta. En particular detallo que es el modelo alopátrida del Istmo de Tehuantepec como motor de la especiación en las especies hermanas focales de la propuesta la pregunta de mi interés en la página 10 de la propuesta original. Algunos otros estudios moleculares relativamente reciente en aves han descubierto una potencial zona de contacto secundario en México, pero no fueron formulados con ese objetivo y carecen de la base sólida de otros caracteres morfológicos y acústicos, por lo tanto, enfocarme en mi estudio de 2009, un sistema que conozco a la perfección desde hace más de una década ubicado en el Istmo de Tehuantepec, debería de ser lo esperado para un proyecto PAPIIT de dos años porque justo hay un enorme marco comparativo, y no como algo negativo porque el objetivo no es estudiar todos los aspectos de la hibridación biológica, o dicho fenómeno en todas las aves, o en todo el país.

(3) Modelos distintos. Aquí la primera persona revisora confundió lo que es un modelo “distinto al flujo génico” -pieza central en un estudio de hibridación de cualquier índole- con otro de los parámetros del modelo de especiación -“tamaño poblacional”- como es el Modelo de Aislamiento con Migración en Teoría de Coalescencia (Hey y Nielsen 2004), el cual calcula la clásica ecuación de equilibrio de islas de Wright y Kingman donde los parámetros justo son tamaño poblacional, tiempo generacional, y migración entre poblaciones (flujo génico), o su extensión con datos genómicos (Excoffier et al. 2021) y Filogenómica (Bryant et al. 2012). Todo esto está referido en los métodos de la propuesta (página 15). Creo que es injusto que la persona revisora confunda modelos con los parámetros del mismo modelo adecuado para contestar las preguntas que formulé, y que recomiende una respuesta negativa ya que dicha confusión es externa a mi proyecto a pesar de que cité referencias relevantes en caso de dudas metodológicas (página 17).

(4) Limpieza de datos genómicos. La segunda persona revisora menciona que no especifiqué cómo se haría el control de calidad y limpieza de los datos de secuenciación genómica. Como el control de calidad en datos NGS está estandarizado, ya no se reporta con detalle en artículos recientes; similar a protocolos conocidos como son los detalles de una extracción de fenol-cloroformo o de Qiagen para DNA. Me parece sorprendente que dado mi CV incluido en la propuesta, la persona revisora pasara por alto que he publicado con anterioridad varios artículos con este tipo de datos genómicos en revistas de alto prestigio como *Systematic Biology*, *Molecular Phylogenetics and Evolution* o *Genome Biology and Evolution*, por lo tanto, tengo el conocimiento, la experiencia y los medios bioinformáticos para hacerlo y evaluarlo sin problema, y hubiera apreciado el beneficio de la duda que se resolvía al leer la página 4 de la propuesta. Existen muchas formas de hacer ese tipo de control de calidad, todas ellas equivalentes. En mis últimos tres artículos sobre filogenómica de aves mexicanas publicados (CV resumido, página 4) y uno en revisión (LOGROS, página 7) detallados en la propuesta, mi grupo de investigación revisó lecturas de NGS (plataforma Illumina HiSeq y NovaSeq) en FASTQC (Andrews 2010), retiró lecturas de baja calidad <33 puntaje PHRED, adaptadores, índices, kmers repetitivos en TRIMMOMATIC 0.33 (Bolger et al. 2014) con los siguientes parámetros: 30GB de memoria RAM total, -6 hilos, cortando las primeras 9 bases, con una ventana deslizante de 4:15, y una longitud mínima de kmer de 36. Haremos lo mismo con este proyecto si la reconsideración es exitosa. Usaremos FASTQC en una segunda ronda para cerciorarnos que la limpieza de datos fue completa, como hemos hecho en varios artículos.

(5) Falta de hipótesis, objetivos y justificación de muestreo. La primera persona revisora nuevamente pasó por alto que en la página 12 de la propuesta original, viene detallada la hipótesis del proyecto y cito: “la especiación entre las especies *C. humilis*, *C. capistratus* y *C. rufinucha* sigue un modelo de alopatría asociado al surgimiento del Istmo de Tehuantepec; los genes que van a permitir detectar independencia/separación de linajes son aquellos ligados a los cromosomas sexuales y mitocondria, mientras que los genes en los autosomas son los que tienden a fluir más entre barreras físicas (12); la variación en genes, cantos y morfología en *Campylorhynchus* están asociados a condiciones climáticas extremas de precipitación y temperatura (13); por lo tanto, la distribución geográfica de especies en dichas condiciones climáticas extremas ha sufrido expansiones y contracciones durante eventos climáticos globales, como el Último Máximo Glaciar (14) que permitieron zonas de contacto y flujo génico entre especies.” Por lo tanto, mi propuesta original tiene hipótesis claras con predicciones que se pueden poner a prueba dada la estrategia metodológica en la página 15 y justificado en la página 24. La primera persona revisora menciona que las metas y objetivos parecen listas enumeradas. En efecto, el formato de la propuesta pide listar metas y objetivos con prioridades; no es un defecto, sino una cualidad de la propuesta que sigue las instrucciones al pie de la letra. También se menciona como aspecto negativo que un objetivo sea compra de materiales, insumos y equipo de cómputo... ¿No es parte de un proyecto contar con los materiales necesarios, dado el desarrollo de cada etapa del proyecto? Incluso la DGAPA tiene la regla de que los equipos de cómputo deben de ser comprados durante el primer semestre del proyecto, por lo tanto, ejercer la partida 514 tan pronto se liberan recursos es una prioridad de cualquier proyecto que la tenga. La queja de que comprar reactivos de laboratorio primero no es un objetivo válido, es paradójico al sugerir que no hay una lógica en las metas y objetivos, debido a que ir al campo por muestras es el paso 1), después extraer DNA con los reactivos es el paso 2), secuenciar genomas es el paso 3) y así como consta en las páginas 13 y 14 de la propuesta original. La página de GeDGAPA las enumera, así que el comentario de que parece “lista de enumeración de antecedentes” no corresponde a cómo funciona el sitio web. También la persona revisora confunde las metas que

son cada paso que debe seguirse en el proyecto, con los objetivos particulares, los cuales detallan cómo se va a desmenuzar y cumplir el objetivo general como está detallado en la propuesta. Así mismo, en la página 15 de la propuesta, viene detallada cada hipótesis de relación entre las especies y el flujo génico entre ellas para poder ponerlas a prueba con el marco de coalescencia correspondiente y los modelos de especiación con datos genómicos, y la generación de modelos de zonas de contacto, que son los dos componentes de los objetivos particulares para poder cumplir el objetivo principal.

La segunda persona revisora menciona que no se aclara la cantidad de muestras en el proyecto, lo cual es incorrecto. En las páginas 15 y 24 de la propuesta, claramente detallo el muestreo a seguir por localidad y los costos asociados de generar genotecas y secuenciación NGS con genomas de baja coberturas (10x) durante el primer año. Por lo tanto, considero injusto que se haya recomendado una respuesta negativa a mi propuesta al pasar por alto dichos rubros cuando la hipótesis, sus predicciones y el muestreo vienen incluidos y justificados en la propuesta. Si la reconsideración es exitosa y el proyecto se renueva para el segundo año, con base en las muestras colectadas durante el primer año y sus datos preliminares, se puede definir el muestreo del segundo año como consta en la página 15 de la propuesta original. Con respecto al comentario de la primera persona revisora sobre el destino, depósito, y resguardo de las muestras y la necesidad de hacer especímenes voucher para cada individuo colectado, según las reglas operativas de la presente convocatoria, no es obligatorio el tomar material de referencia, ni siquiera fotográfico. Si fuere así, muchas y muchos colegas de entidades donde no tienen colecciones no tendrían proyectos financiados, lo cual está muy alejado de la realidad. Sin embargo, me encuentro asociado a la Colección Nacional de Aves en el Instituto de Biología como consta en mi CV, mis artículos, y la página 1 de la propuesta, por lo tanto, concuerdo con la persona revisora relativo a la importancia de depositar vouchers en colecciones y es lo que hago cotidianamente. Que se haya pasado por alto mi entidad de adscripción y la naturaleza del trabajo en taxonomía básica y documentación de la biodiversidad que hacemos en el Instituto de Biología me tiene perplejo. Le aseguro a toda persona revisora que al menos mis proyectos se basan en especímenes voucher en colecciones nacionales e internacionales, como suele ser el trabajo de cualquiera que tenga una línea de investigación similar a la mía y como consta en mis publicaciones. La primera persona revisora desafortunadamente pasó por alto nuevamente la formación de recursos humanos y calificó de injustificable el pedir un equipo de cómputo para que mis estudiantes puedan asistir a talleres o congresos, o si la pandemia repunta y tenemos que suspender nuevamente actividades presenciales, cuando interpretaron incorrectamente que faltaba dicho rubro. Con anterioridad he mencionado que sí hay compromisos de formar estudiantes de maestría claramente especificados (páginas 20, 21 y 25) y el porqué debe ser maestría en lugar de doctorado dado el tiempo de duración de un proyecto categoría “d”. Consecuentemente, es injusto que por una lectura somera de la propuesta original se recomiende una respuesta negativa. Después de la fecha de cierre de la convocatoria 2024 recluté a una nueva estudiante de maestría, por lo tanto, mi compromiso es factible. En la página 7, LOGROS, también consta que tengo a partir de 2023 al menos una estudiante con el grado obtenido y en tres semanas otra estudiante lo conseguirá porque ya tenemos fecha de examen (15 de noviembre). Resulta sorprendente que se hayan pasado por alto tantos detalles por parte de una de las personas revisoras.

(6) Estrategias y modelos de proyección. Sobre la localización de áreas, realmente aprecio la sugerencia de la segunda persona revisora sobre la localización de áreas de contacto análogas y definitivamente es algo que se debe revisar en cualquier estudio. Sin embargo, dicha opinión es,

como dice la revisión, una sugerencia metodológica, y no invalida la estrategia; simplemente sugiere revisar críticamente los modelos extrapolados. Yo estaría en desacuerdo con que la estrategia no es idónea, ya que usar modelos de distribución con algoritmos genéticos de entrenamiento y predicción, como MaxEnt, son los más usados en estudios de este estilo. Por ejemplo, en el estudio base de 2009, los modelos de distribución casi predicen a la perfección la zona de hibridación al sur del Istmo de Tehuantepec en el presente, por lo tanto, al menos para el sistema que propuse, serían sumamente idóneos. La persona revisora tiene razón de ser suspicaz y sugerir que se revisen bien las extrapolaciones en otros intervalos temporales, porque son hipótesis. En biología evolutiva, nuestras inferencias y modelos son meramente correlacionales ya que no podemos regresar en el tiempo y ver si las zonas de contacto fueron predichas con exactitud. Por lo tanto, coincido que debemos de formular interpretaciones cuidadosas. Usualmente en otros campos como la estadística, más allá de los valores de significancia, debemos de ver la coincidencia de tendencias resultantes de múltiples pruebas complementarias para evitar caer en violaciones de supuestos. Los modelos de extrapolación no son distintos, y hay que hacer varios y evaluarlos con las tendencias que sugieren; al fin y al cabo, son hipótesis para poner a prueba. Para identificar regiones con climas no análogos y que podrían incluir extrapolación de curvas de respuesta, mis estudiantes y yo realizaremos el análisis de MESS ((M)ultivariate (E)nvironmental (S)imilarity (S)urface). En esas regiones, las predicciones deben tomarse con cautela debido a la incertidumbre asociada con la extrapolación, aunque debe destacarse que la extensión de estas zonas es reducida o nula en la mayoría de los casos en modelos de otras especies del género *Campylorhynchus* del proyecto IA205422 (página 7 de la propuesta).

(7) Productos de divulgación. La segunda persona revisora determinó que, al no prometer productos de divulgación, mi propuesta carecía de un componente importante. La presente convocatoria no obliga a incluir un determinado número de actividades de divulgación, simplemente son uno de los muchos productos que pueden ser parte de una propuesta, como una memoria, o coreografía, o exposición fotográfica si es relevante para el tema. Por lo tanto, no puede ser un criterio que incline la balanza en contra de mi propuesta, además que no solicité ninguna partida para divulgación o para ir a congresos porque la secuenciación genómica es muy costosa, por lo que el proyecto quedaría incompleto, y suelo pagar mi asistencia a congresos o mi divulgación de mi bolsillo. Para tranquilidad de la persona revisora, en mi actual evaluación PRIDE 2023 reporté **ONCE** actividades de divulgación y **QUINCE** de difusión de la ciencia personales y con mis estudiantes en los últimos cinco años, por lo que concuerdo con la importancia de las actividades de divulgación y las realizo cotidianamente. Así mismo, agrego a esta solicitud de reconsideración sólo tres de ellas como evidencias (ver fotos anexas al final de este documento), donde mis estudiantes y yo hicimos actividades y charlas relativas al proyecto IA205422 y otros proyectos de mi laboratorio en el Pabellón Nacional de la Biodiversidad en septiembre, en la Fiesta de las Ciencias y Humanidades de la DGCC 2023 y una entrevista con ImagenTV en 2021 sobre la extinción de las aves. Como hago actividades de divulgación de forma constante, con gusto comprometo al menos dos eventos relacionados a la especiación de aves de México si mi reconsideración es exitosa. Realmente me entristece que mis colegas revisores no me dieran el beneficio de la duda o hicieran la mínima búsqueda en Google de mi persona dado que en el formato de PAPIIT no se incluye la divulgación: de las primeras diez imágenes de mi persona, cinco son de entrevistas o charlas que he dado en los últimos años en México y el extranjero.

- Charla y actividad sobre matracas del género *Campylorhynchus* y Cambio Climático en México:

<https://www.instagram.com/reel/Cxi4Od1OIKN/?igshid=MWZjMTM2ODFkZg==>

- Actividades con especímenes de aves, plumas y sus colores:

<https://twitter.com/HernanHVM/status/1713267674820604339>

- Entrevista sobre extinción de aves: <https://youtu.be/YR9ofcZdz5o>

En conclusión, considero que el proyecto IA205024 propuesto es robusto, conciso y factible pues emplea varios recursos para trabajo de campo, laboratorio genómico y servicios computacionales ya disponibles en el Instituto de Biología, y cuenta con datos preliminares morfológicos, acústicos y moleculares. Mi proyecto tiene objetivos muy claros sobre qué loci en diferentes cromosomas nos permitirán calcular flujo génico o aislamiento durante el proceso de especiación en el Istmo de Tehuantepec en un grupo de especies de aves hermanas con las herramientas analíticas más sofisticadas en el momento. Enfatizo en que esta propuesta no es una revisión del amplio tema de hibridación en biología, como probablemente lo juzgó una de las personas revisoras, y que la gran mayoría de los comentarios negativos provienen de múltiples faltas de atención a varias secciones de la propuesta, confusiones técnicas, o de las reglas de operación de PAPIIT. Todas las pruebas de hipótesis y análisis de los datos están cuidadosamente planteadas, y cuento con la experiencia en el grupo taxonómico, en campo, laboratorio y bioinformática para llevar a buen puerto el proyecto. Sin embargo, agradezco el esfuerzo y comentarios de las personas revisoras, quien seguramente son expertas en estudios tradicionales en aves, pero que considero no tuvieron a bien leer con detalle mi proyecto y confundieron algunos aspectos de los modelos en Teoría de Coalescencia y Filogenómica.

Atentamente,

Dr. Hernán Vázquez Miranda

Responsable

Instituto de Biología

REFERENCIAS (alta redundancia con la propuesta original).

- Andrews S. 2010. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. *Reference Source Babraham Bioinformatics*.
- Bolger AM, Lohse M, and Usadel B. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*: btu170.
- Bryant, D., Bouckaert, R., Felsenstein, J., Rosenberg, N. A., & RoyChoudhury, A. (2012). Inferring species trees directly from biallelic genetic markers: bypassing gene trees in a full coalescent analysis. *Molecular biology and evolution*, 29(8), 1917-1932.
- Excoffier, L., Marchi, N., Marques, D. A., Matthey-Doret, R., Gouy, A., & Sousa, V. C. (2021). fastsimcoal2: demographic inference under complex evolutionary scenarios. *Bioinformatics*, 37(24), 4882-4885.
- Hey, J., & Nielsen, R. (2004). Multilocus methods for estimating population sizes, migration rates and divergence time, with applications to the divergence of *Drosophila pseudoobscura* and *D. persimilis*. *Genetics*, 167(2), 747-760.
- Kingston, S. E., Navarro-Sigüenza, A. G., García-Trejo, E. A., **Vázquez-Miranda, H.**, Fagan, W. F., & Braun, M. J. (2014). Genetic differentiation and habitat connectivity across towhee hybrid zones in Mexico. *Evolutionary Ecology*, 28, 277-297.
- Selander, R. K. (1964). Speciation in wrens of the genus *Campylorhynchus*. Vol. 2. *University of California, Berkeley*.
- Selander, R. K. (1965). Hybridization of rufous-naped wrens in Chiapas, Mexico. *The Auk*, 206-214.
- Sibley, C. G. (1954). Hybridization in the red-eyed towhees of Mexico. *Evolution*, 252-290.
- Sosa-López, J. R., Mennill, D. J., & Navarro-Sigüenza, A. G. (2013). Geographic variation and the evolution of song in Mesoamerican rufous-naped wrens *Campylorhynchus rufinucha*. *Journal of Avian Biology*, 44(1), 027-038.

- **Vázquez-Miranda, H.**, Navarro-Sigüenza, A. G., & Omland, K. E. (2009). Phylogeography of the Rufous-naped Wren (*Campylorhynchus rufinucha*): Speciation and hybridization in Mesoamerica. *The Auk*, 126(4), 765-778.
- **Vázquez-Miranda, H.**, & Barker, F. K. (2021). Autosomal, sex-linked and mitochondrial loci resolve evolutionary relationships among wrens in the genus *Campylorhynchus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 163, 107242.

ANEXO FOTOGRÁFICO – ACTIVIDADES DE DIVULGACIÓN



Fotos 1, 2 y 3. Mis estudiantes de maestría Perla Rodríguez en el Pabellón, Camila Martínez y de servicio social Andrea Ramos en la FiestaCyH2023 en UNIVERSUM, y mi entrevista en ImagenTV, respectivamente.