

Dieta de aves insectívoras de Bosque Seco Tropical: un enfoque con ADN Metabarcoding

Jimena Ramírez Loaiza

Universidad de Caldas
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Programa de Biología
Manizales, Colombia
2023

Dieta de aves insectívoras de Bosque Seco Tropical: un enfoque con ADN Metabarcoding

Jimena Ramírez Loaiza

Trabajo de investigación presentado como requisito para optar al título de:

Bióloga

Directora:

Ph.D., Maria Fabiola Ospina Bautista

Codirectora:

Ph.D., Paola Pulido Santacruz

Universidad de Caldas

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Programa de Biología

Manizales, Colombia

2023

“La gente suele decir que tengo curiosidad por demasiadas cosas a la vez... ¿Pero realmente se puede prohibir a un hombre albergar el deseo de conocer y abrazar todo lo que le rodea?”

Alexander von Humboldt

Agradecimientos

Quiero agradecer al Programa de Apoyo a la Investigación del convenio FIBRAS, realizado entre Ecopetrol y el Instituto Humboldt por la financiación de este estudio.

Agradezco a mi directora, codirectora y a las personas que, desde su conocimiento y experiencia, aportaron a este proceso tan enriquecedor a nivel personal y profesional. Gracias por su tiempo, dedicación y apoyo.

A mi familia, amigas y amigos gracias por esa fuerza que me permitió llegar a alcanzar este gran sueño.

Resumen

Las interacciones entre especies y sus recursos se han estudiado a través de los gremios tróficos, son agrupaciones de las especies de acuerdo a la similitud de los recursos que consumen. Sin embargo, esta agrupación llegar a ser general, debido al escaso conocimiento detallado de la dieta. En las aves, se ha documentado que los rasgos morfológicos y de historia natural reflejan su ecología trófica. Por ejemplo, las aves insectívoras del neotrópico poseen morfologías especializadas y de forrajeo, que les permite usar diversos tipos de presas en distintos sustratos. Por tanto, este estudio evaluó la relación de la diversidad de la dieta y las diferencias en su composición con respecto a la morfología, hábitat, estrato y estrategia de forrajeo de las aves insectívoras residentes de la Ecoreserva La Tribuna, Huila. Se utilizó una combinación de metodologías: ADN *Metabarcoding* para la identificación y descripción de la dieta, medidas de rasgos morfológicos y recopilación de literatura para la información de forrajeo y hábitat. Se analizaron 44 muestras de contenido estomacal de 24 especies pertenecientes a cinco familias. Se encontró que las aves consumen una gran variedad de presas y que la diversidad de la dieta no está relacionada con su morfología y rasgos de historia natural. No se encontraron diferencias significativas en la composición de la dieta. Estos resultados muestran una generalización en la dieta insectívoras de la Ecoreserva La Tribuna, Huila. Se recomienda replicar este estudio en otras zonas de bosque seco tropical que permita dilucidar patrones del uso del recurso.

Palabras clave: Variantes genéticas, Historia natural, Morfología, Diversidad, Gremio trófico.

Abstract

Interactions between species and their resources have been studied through trophic guilds, which are groupings of species according to the similarity of the resources they consume. However, this grouping becomes general, due to the scarce detailed knowledge of the diet. In birds, morphological and natural history traits have been documented to reflect their trophic ecology. For example, insectivorous birds in the Neotropics have specialized morphologies and foraging morphologies, which allow them to use various types of prey on different substrates. Therefore, this study evaluated the relationship of diet diversity and differences in diet composition with respect to morphology, habitat, stratum, and foraging strategy of resident insectivorous birds of La Tribuna Ecoreserve, Huila. A combination of methodologies was used: DNA Metabarcoding for diet identification and description, morphological trait measurements and literature collection for foraging and habitat information. Forty-four stomach content samples from 24 species belonging to five families were analyzed. It was found that birds consume a wide variety of prey and that diet diversity is not related to their morphology and natural history traits. No significant differences in diet composition were found. These results show a generalization in the insectivorous diet of the La Tribuna Ecoreserve, Huila. It is recommended that this study be replicated in other areas of tropical dry forest to elucidate patterns of resource use.

Keywords: Genetic variants, Natural history, Morphology, Diversity, Trophic guild.

Tabla de contenido

Introducción.....	8
Materiales y métodos	11
Resultados	18
Discusión.....	23
Conclusiones y recomendaciones	25
Referencias	26

Introducción

Estudiar las interacciones entre especies y sus recursos es relevante para describir y entender el funcionamiento de los ecosistemas (Martínez-Falcón et al. 2019). A su vez, es esencial para comprender la selección del hábitat por parte de las especies (Davoren et al. 2003). Estas interacciones se han estudiado tradicionalmente a través del análisis de gremios tróficos, que son agrupaciones de las especies de acuerdo a la similitud de los recursos que consumen (Root, 1967). Sin embargo, esta agrupación puede llegar a ser general, debido al escaso conocimiento detallado de la dieta de las especies, por lo cual se hace necesario estudiar al interior de cada gremio el espacio trófico, ya que permite realizar aproximaciones a mecanismos de coexistencia a nivel local (De León et al. 2014; Dehling et al. 2022)

En las evaluaciones del uso de los recursos, la dieta suele ser un indicador clave de las relaciones competitivas entre los consumidores que pueden impulsar la segregación o superposición de nichos (Pianka 1974). Además, el conocimiento sobre la dieta ha permitido comprender el uso de los recursos, la forma en que seleccionan, explotan o compiten por el recurso y los servicios ecosistémicos que brindan (Sekercioglu, 2006; Barnagaud et al. 2018).

En las aves, los rasgos morfológicos y de historia natural pueden reflejar parcialmente su ecología trófica (Tornberg et al. 2014; Olsen, 2017; Quiroga et al. 2018; Felice et al. 2019). En ese sentido, picos de distintas longitudes van a ejercer fuerzas diferentes sobre la captura y manipulación de la presa (Lederer, 1975); una mayor longitud del ala o cuerda alar, les proporciona una mayor eficiencia en vuelos sostenidos y abarcar mayores distancias, mientras que alas más cortas les brinda un mejor despegue y una mayor

movilidad en vegetaciones densas (Fitzpatrick, 1985); tarsos largos están mejor adaptados al forrajeo en el suelo o en estratos bajos del bosque, y tarsos cortos proporcionan un agarre más firme necesario para el equilibrio de las aves que usan estrategias de forrajeo pasivas (Morse, 1971) y una mayor longitud de cola, está adaptada para maniobrar en la captura de presas aéreas, que al abrirse funciona como un timón que permite giros eficientes (Thomas, 1997). Por lo tanto, utilizar un amplio conjunto de rasgos, permite predecir un espacio trófico más especializado o con una mayor resolución que la ofrecida por las de gremio trófico (Pigot et al. 2020).

En el neotrópico, las especies de aves insectívoras poseen morfologías especializadas y de forrajeo, que les permite detectar, capturar, manipular y digerir diversos tipos de presas en distintos sustratos (Sherry et al. 2020). Por ejemplo, algunos estudios han registrado diferencias en la dieta según las técnicas de forrajeo usadas por las especies, en los cuales se evidencia un consumo restringido para algunos tipos de presa y para otras un consumo generalizado (Sherry 1984; Sigel et al. 2006; Sherry et al. 2016b).

Uno de los ecosistemas característicos del neotrópico es el Bosque Seco Tropical, en adelante BST, el cual presenta una fuerte estacionalidad de lluvias seguida de una prolongada época seca (Bullock et al. 1995). En Colombia, este ecosistema está altamente amenazado, ya que solo se conserva un 8% de su área de distribución original y tan solo el 5% se encuentra bajo alguna figura de área protegida (Pizano y Garcia, 2014). A pesar de la situación crítica que vive el BST, aún es muy poco el conocimiento que se tiene sobre este bioma, siendo necesario contribuir a la generación del mismo que permita diseñar estrategias de conservación.

Este estudio evaluó la relación de la diversidad de la dieta y las diferencias en su composición con respecto a la morfología, hábitat, estrato y estrategia de forrajeo de las aves insectívoras residentes de la Ecoreserva La Tribuna, Huila. Para tal fin, se utilizó una combinación de metodologías: ADN *Metabarcoding* para la identificación y descripción de

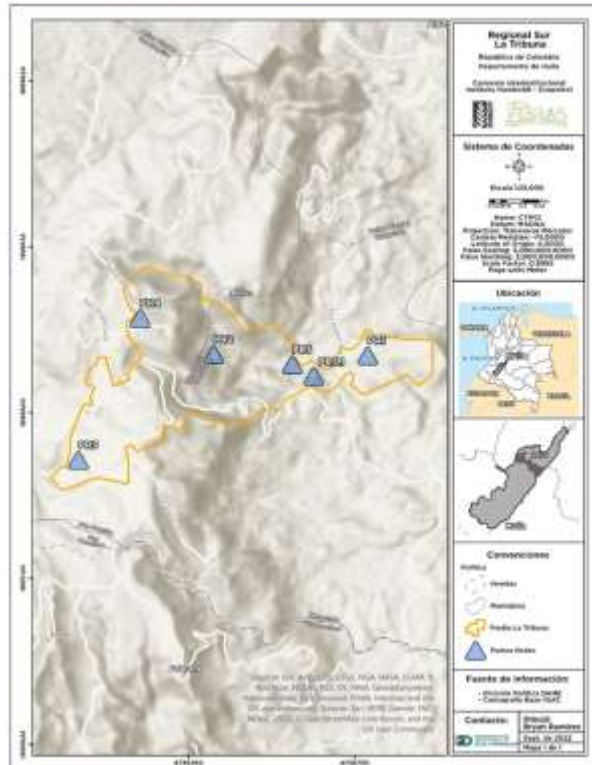
la dieta, medidas de rasgos morfológicos (cúlmen total, tarso, cuerda alar y cola) y recopilación de literatura para categorizar la información de forrajeo y hábitat. Se esperaba que al interior del gremio de los insectívoros de la Ecoreserva La Tribuna, se diera una diferenciación en el uso del recurso, que actuará como un mecanismo de coexistencia de especies, reflejo de las diferencias morfológicas, del hábitat usado, del estrato y estrategia de forrajeo de las mismas.

Materiales y métodos

Diseño de muestreo

El área de estudio comprende la Ecoreserva La Tribuna ubicada en el departamento del Huila, aproximadamente a 26 km de la ciudad de Neiva, entre las veredas Tamarindo y San Francisco. Esta área cuenta con 254 hectáreas de bosque seco tropical con una elevación entre 500 y 900 msnm aproximadamente. Es un área de protección ambiental propiedad de ECOPETROL S.A que hace parte de una estrategia complementaria de conservación en zonas de producción petrolera (Figura 1).

Figura 1. Mapa con la ubicación de las estaciones de redes en el área de estudio, Ecoreserva La Tribuna, Huila.



La captura de aves en campo se realizó en el mes de agosto de 2021, en temporada seca y para ello, se instalaron cinco estaciones de redes, por 10 días efectivos, con 93 metros de redes de niebla por estación. En cada estación, las redes fueron dispuestas en línea de la siguiente manera: seis redes de 6 m, cinco redes de 9 m y una red de dosel que consta de dos redes de 6 m con un izaje hasta de 10 m. El esfuerzo de muestreo por estación fue de dos días. La selección de sitios para ubicar las estaciones de redes se hizo tomando en cuenta los resultados de los censos y capturas en redes realizado por el equipo de la Colección de Aves del Instituto Humboldt en diciembre de 2020, en el marco de la línea de investigación en caracterización de aves y plantas en predios pilotos destinados a ser Ecoreservas del proyecto FIBRAS, entre el Instituto Humboldt y ECOPETROL S.A. Igualmente, se tuvo en cuenta el tipo de cobertura vegetal y la proximidad a las parcelas permanentes donde estuvieron ubicados los puntos de muestreo para insectos del proyecto FIBRAS. Todo esto, con el fin de realizar una retroalimentación de la información obtenida en este estudio con los resultados de las líneas de investigación y monitoreo del grupo de insectos y plantas.

Al interior de la Ecoreserva se instalaron tres estaciones de redes (PR-1, PR-2 y PR-5) y una red de dosel (PR-5.1) (Figura 1). La estación de redes PR-1 se caracterizó por una vegetación de crecimiento secundario con pastizal y rocas de base, dos estratos de vegetación (pastizal y arbusto) un dosel de 5 m aproximadamente y predominancia de la especie *Curatella americana*. La estación PR-2 se caracterizó por una vegetación de crecimiento secundario con un dosel de 15 m aproximadamente y cuatro estratos de vegetación (sotobosque, semi-arbóreo, arbóreo y emergente), abundante hojarasca, lianas y árboles en floración. La estación PR-5 se caracterizó por una vegetación de crecimiento secundario, tres estratos de vegetación (sotobosque, semi arbóreo y arbóreo) un dosel de 8 m aproximadamente, abundante hojarasca y lianas. Y la estación PR-5.1 presentó una vegetación de crecimiento secundario, dos estratos de vegetación (arbusto y semi-arbóreo), abundante hojarasca y árboles en floración.

En los predios La Virginia y Lote 2, en la vereda San Francisco se ubicaron dos estaciones de redes. En el predio La Virginia se instaló la estación PR-3, la zona se caracterizó por tener vegetación de crecimiento secundario con pastizales, rocas de base, arbustos, con 8 m de dosel aproximadamente y abundantes lianas. En el Lote 2 se instaló la estación de redes PR-4 la cual se caracterizó por vegetación de crecimiento secundario, dos estratos de vegetación (arbusto y semi-arbóreo) con un dosel de 5 m aproximadamente, con presencia de tubería de crudo y una carretera a 30 m de la estación de redes.

Toma de muestras para la caracterización molecular

Se recolectaron, en lo posible, tres individuos por especie, priorizando las especies insectívoras y siguiendo el protocolo de montaje y preservación de especímenes de la Colección de Aves del Instituto Alexander von Humboldt. A cada individuo recolectado se le tomaron muestras de contenido estomacal, tejido muscular pectoral y en algunos casos heces fecales, siguiendo el protocolo de métodos de campo y recolección de muestras genéticas para estudios de dieta en aves, desarrollado en el marco de este estudio. Los ejemplares se identificaron con un número de catálogo con código IAvH-A, el cual es usado para su ingreso a la colección de aves del Instituto Humboldt, y las muestras de tejido fueron identificadas con el código IAvH-CT de la Colección de Tejidos del Instituto Humboldt. Los individuos que no fueron recolectados, pero de los cuales se obtuvo muestra fecal, se identificaron con el número de captura y se registraron en el formato de campo.

Toma de datos

De cada ejemplar recolectado en campo se midieron cuatro rasgos morfológicos relacionados con el uso del recurso alimenticio en las aves: longitud del pico o cúlmen total,

(Fitzpatrick, 1985), cuerda alar, longitud de la cola (Luck et al. 2012) y tarso (Botero-Delgado y Bayly, 2012) utilizando una regla milimétrica y calibrador. Se tomaron medidas en ejemplares depositados en las colecciones biológicas del Instituto Humboldt y el Instituto de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional para verificar la media poblacional de las especies estudiadas.

La información sobre hábitat, estrato y estrategia de forrajeo usado por las especies del estudio, se recopiló de literatura reportada en fuentes como la Guía de las Aves de Colombia de Hilty & Brown (1986), Birds of the World (Billerman et al. 2022), All the Birds of the World (del Hoyo, 2021) y AVONET dataset (Tobias et al. 2022). Dicha información se complementó con una descripción general de la cobertura vegetal del sitio de estudio, obtenida por observaciones propias. El hábitat se definió en dos categorías: borde e interior de bosque; los estratos de forrajeo se definieron en tres categorías: herbazal, arbusto y subarbóreo y para la estrategia de forrajeo se establecieron cinco categorías generales: atrapamoscas, espigador, suelo, corteza y seguidor de hormigas.

Procedimiento molecular

Se realizó la extracción de ADN de 55 muestras de contenido estomacal y 37 de heces fecales, que representan 37 especies (Tabla 1), usando el kit QIAmp DNA Stool Mini Kit de la marca Qiagen. El ADN extraído se envió para preparación de librería y secuenciación en los laboratorios de la empresa ARGALY en Francia. Se secuenció el gen citocromo oxidasa I (COI), ya que tiene una alta tasa de sustitución de nucleótidos que generan importantes variaciones en las secuencias entre especies pertenecientes al mismo género y se encuentra ampliamente referenciado en bases de datos de secuencias (Ratnasingham y Hebert, 2013). Tournayre y colaboradores (2020) evaluaron diferentes conjuntos de primers que amplifican el gen COI, en análisis in-silico e in-vivo, y determinaron la eficiencia en la detección de artrópodos en estudios de dieta. Teniendo en cuenta esto, para este estudio se escogieron los primers fwHf1(YTCHACWAAYCAYAARGAYATYGG) y

fwhR1(ARTCARTTWCCRAAHCCHCC) que amplificaron 178 pares de bases del gen citocromo oxidasa I (COI) en insectos (Tournayre et al. 2020).

Análisis bioinformático

Se recibieron dos archivos en formato FASTQ (R1 y R2) con las secuencias crudas y un archivo de texto con la información asociada a cada una de las muestras, incluyendo: etiquetas y primers de cada muestra. Se revisó cada archivo FASTQ en el programa FASTQC. El archivo FASTQ es un texto plano para almacenar información genética que contiene: (i) una línea que inicia con @ y el ID de la secuencia, (ii) una línea con la secuencia, (iii) una línea con el signo + que representa un separador y (iv) una línea que indican las puntuaciones de calidad (Q) representadas con letras que tienen un determinado valor numérico según el código ASCII.

La depuración y análisis de las secuencias, se realizó con el programa de libre acceso OBITools3 3.0.1b20 (Mercier, C, 2022), siguiendo el protocolo bioinformático desarrollado en el marco de este estudio. Dicho programa comprende un conjunto de comandos diseñados para el análisis de datos de secuencias de nueva generación o NGS por sus siglas en inglés Next-Generation Sequencing (Boyer et al. 2014). La presencia de secuencias de adaptadores y primers se revisó en FASTQC. Posteriormente, con el mismo programa se ensamblaron las secuencias del archivo R1 con el R2, para demultiplexar las secuencias (asignar cada secuencia a su muestra origen), y remover secuencias con calidades bajas (calidad normalizada < 0.8), con bases ambiguas, con menos de 10 lecturas de soporte, y con longitudes por fuera de la media esperada (COI: 170-180 pb; ITS: 240-300 pb).

Las secuencias depuradas, denominadas Variante de Secuencia de Amplicón, en adelante ASV, toma el número de veces de lectura de cada secuencia y lo combina con un modelo

de error, que permite la comparación de lecturas similares para determinar la probabilidad de que una lectura dada en una determinada frecuencia no se deba a un error del secuenciador, lo cual crea un valor p para cada secuencia, siendo la hipótesis nula que, la secuencia sea producto de un error de secuenciación.

Por último, se realizó la asignación taxonómica usando el programa Qiime2 (Boylen et al. 2019) mediante un clasificador bayesiano. Se construyó una base de referencia a partir de todas las secuencias públicas disponibles en la plataforma BOLD SYSTEMS v4 (<https://www.boldsystems.org/>) para la clase Insecta, en conjunto con las secuencias del gen COI generadas para insectos y recolectadas en la Ecoreserva en el marco del proyecto FIBRAS. Una vez realizada la asignación taxonómica, en el programa R (2023), se descartaron todas aquellas secuencias no asignadas a nivel de Filo, se descartaron ASV identificadas como potenciales contaminantes de acuerdo con la comparación con los controles negativos o con una composición diferente a las demás réplicas de su muestra.

Análisis estadísticos

Se calculó el índice de Shannon para la dieta de las especies, usando la función diversity del paquete vegan en el software R versión 4.2.3. (Oksanen et al. 2020). Este índice tiene en cuenta el número de especies y su abundancia, en este caso de estudio, las ASV corresponden al número de especies y la abundancia relativa es el número de lecturas de cada variante genética.

Para determinar si existe una relación entre la diversidad de la dieta y los rasgos morfológicos, se realizó un Análisis de Componentes Principales con las medidas de los rasgos: cúlmen total, cuerda alar, tarso y longitud cola, con el fin de tomar los valores del componente que explique el mayor porcentaje de varianza y así, representar la variable

morfología. Luego, para determinar si la diversidad de la dieta está relacionada con la morfología, el hábitat, estrato y estrategia de forrajeo de las especies, se empleó un método comparativo filogenético (PGLS), el cual comprueba si existe una relación entre dos o más variables, teniendo en cuenta el hecho de que los linajes no son independientes (Felsenstein y Felsenstein, 2004).

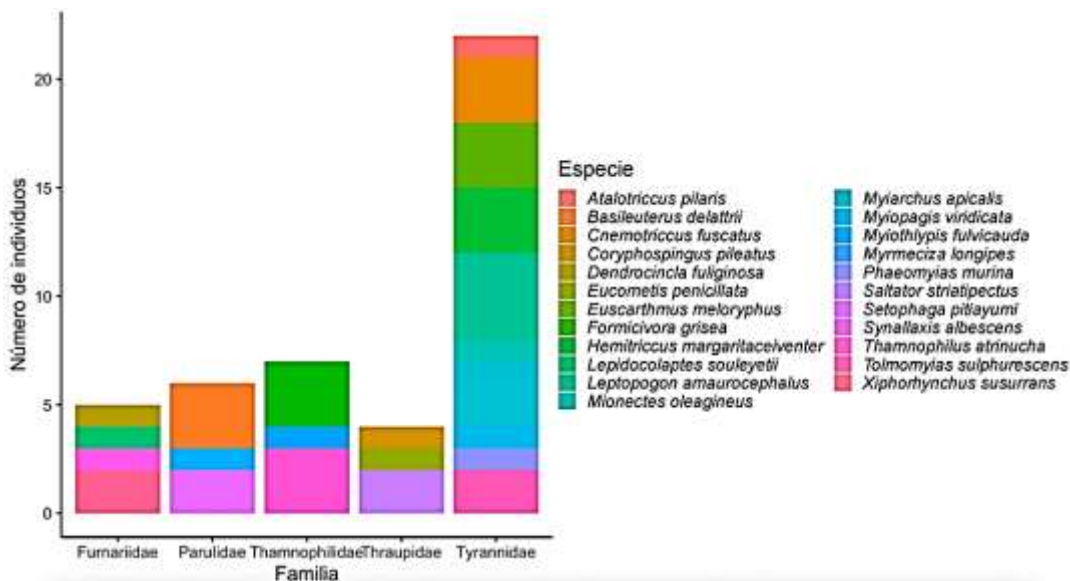
Para determinar si hay diferencias en la composición la dieta según la familia, el hábitat, estrato y estrategia de forrajeo de las especies, se calculó una matriz de disimilitud con el índice Bray-Curtis a través de la función `vegdist` del paquete `vegan` (Oksanen et al. 2020) y posteriormente la disimilitud se evaluó con un `perMANOVA` (`adonis2`), previamente se estandarizó la matriz con el método Hellinger usando la función `decostand` del mismo paquete. Por último, se realizó un NMDS para visualizar gráficamente el espacio trófico de las especies del estudio.

Resultados

Representatividad del muestreo

Se secuenciaron 85 muestras entre contenido estomacal y heces fecales. Para el estudio, solo se tuvieron en cuenta las muestras de contenido estomacal de familias que tuvieran una representatividad igual o mayor a tres individuos (n = 44). Por tanto, se analizaron 24 especies pertenecientes a cinco familias. La familia Tyrannidae fue la de mayor aporte al estudio con 10 especies. De la familia Thraupidae incluimos dos especies, *Coryphospingus pileatus* y *Saltator striatipectus*, que, si bien no son insectívoras estrictas, incluyen dentro de su dieta el consumo de insectos (Figura 2).

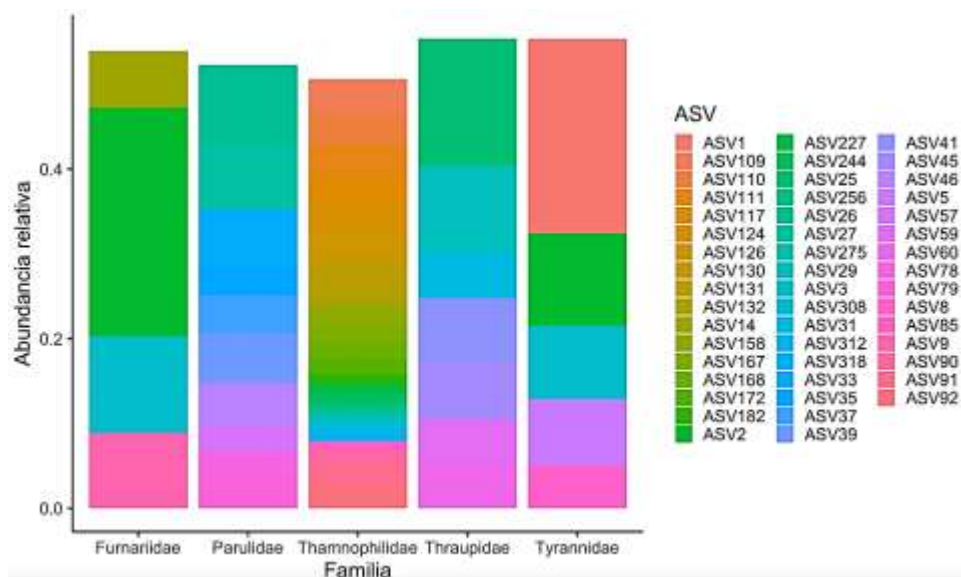
Figura 2. Representatividad del muestreo. El eje Y representa el número de individuos recolectados, el eje X representa las familias muestreadas y los colores representan las especies



Abundancia relativa de ASV

Se descartaron las variantes genéticas con abundancias relativas < 0.001 para limitar las secuencias artificiales. Por tanto, se obtuvieron 1201 ASV, representadas en su mayoría por la clase Insecta (65,46%), seguido del filo Arthropoda (33,94%) y en menor cantidad por la clase Arachnida (0,59%). En la figura 3 se muestran las variantes genéticas o ASV que representaron más del 50% de la abundancia relativa de la dieta. Es así, como se observa que en la familia Tyrannidae ese porcentaje se distribuye en el consumo de cinco ASV, de las cuales cuatro pertenecen a la clase Insecta y una al filo Arthropoda. En la familia Furnariidae la dieta se distribuye en cuatro variantes genéticas, de las cuales comparte tres (Insecta y Arthropoda) con la familia Tyrannidae. En tanto, la dieta de la familia Thamnophilidae se distribuye entre múltiples ASV, al igual que la dieta de las familias Thraupidae y Parulidae.

Figura 3. Abundancia relativa de variantes genéticas que representaron más del 50% de la dieta. El eje Y representa hasta el 50% de la abundancia relativa de la dieta. El eje X representa las familias y los colores representan los ASV.



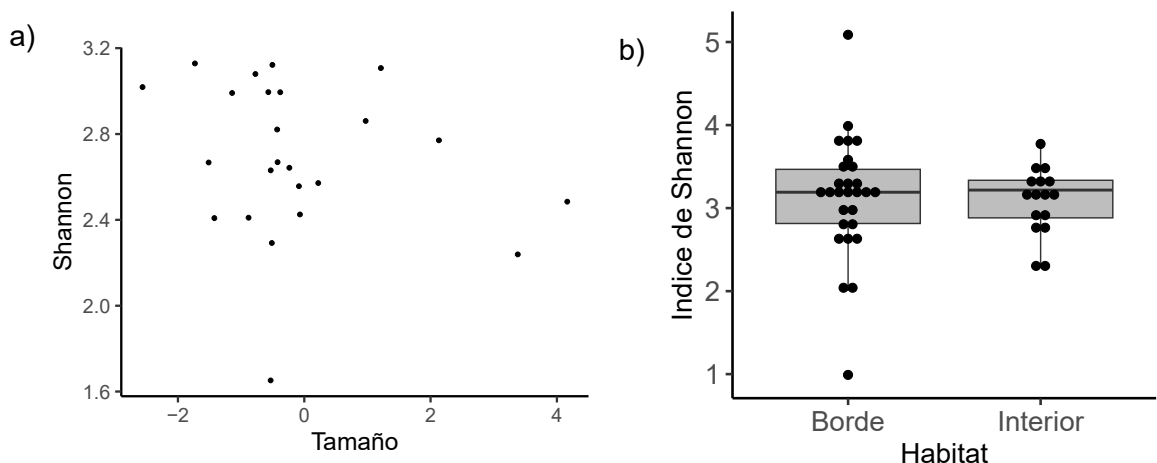
Diversidad de la dieta

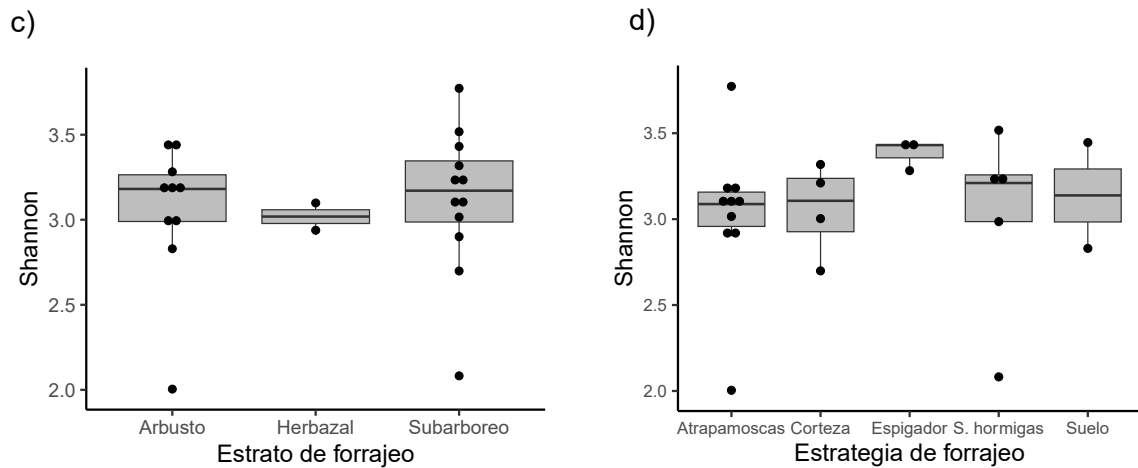
En el análisis de componentes principales de los rasgos morfológicos, el PC1 explicó el 72% de la variabilidad y el PC2 el 18.6%. El primer componente explica la variación de los rasgos morfológicos desde el tamaño de las aves. Es así, como el eje positivo indica individuos de tamaños grandes y el eje negativo individuos de tamaños pequeños. En cuanto al PGLS, el Anova del modelo no dio significancia estadística (Tabla 1), es decir, la diversidad de la dieta en las aves insectívoras no es explicada por el tamaño (rasgos morfológicos), ni por el hábitat y tampoco por el estrato y estrategia de forrajeo (Figura 4).

Tabla 1. Valores de significancia estadística de la diversidad de dieta según cada rasgo

Rasgos	Valor p	Grados de libertad
Morfología	0.1034	1
Hábitat	0.8371	1
Estrato de forrajeo	0.4328	2
Estrategia de forrajeo	0.4165	4

Figura 4. Representación de la diversidad de la dieta. a) Rasgos morfológico explicados desde el tamaño de las aves, el eje Y representa la diversidad de la dieta y el eje X representa los valores del PC1; b) Distribución de la diversidad de la dieta según el hábitat; c) Distribución de la diversidad de la dieta según el estrato de forrajeo; d) Distribución de la diversidad de la dieta según la estrategia de forrajeo (S. hormigas: seguidor de hormigas).





Composición de la dieta

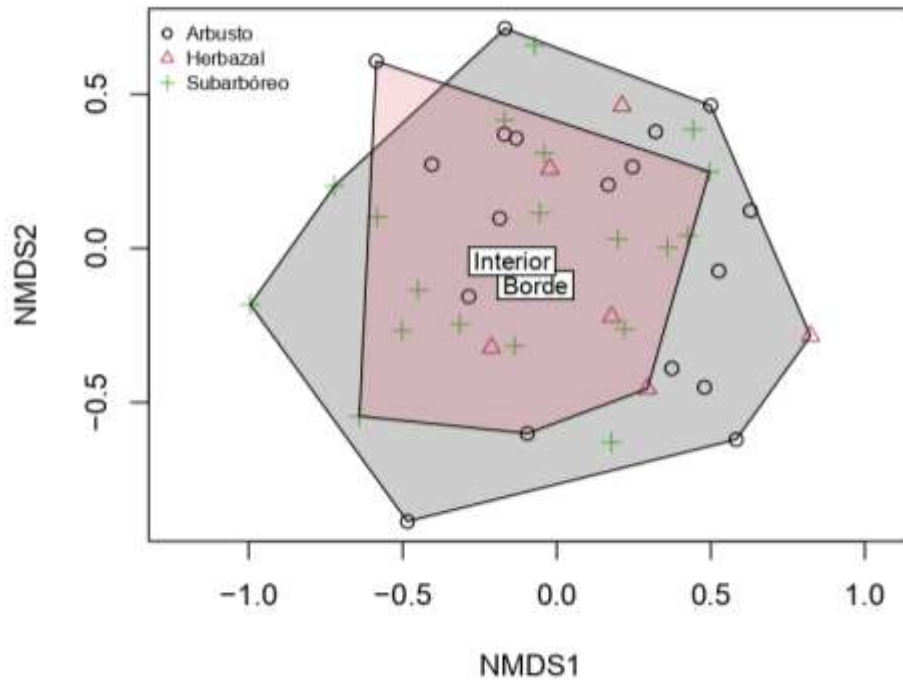
La matriz de disimilitud de la dieta de las especies no fue significativa según la familia, el hábitat, el estrato y estrategia de forrajeo que usan las especies (Tabla 2). En la figura 5 se representa el espacio trófico a través de un NMDS, según las categorías evaluadas.

Tabla 2. Valores de significancia estadística de la matriz de disimilitud de la dieta de las especies según cada categoría

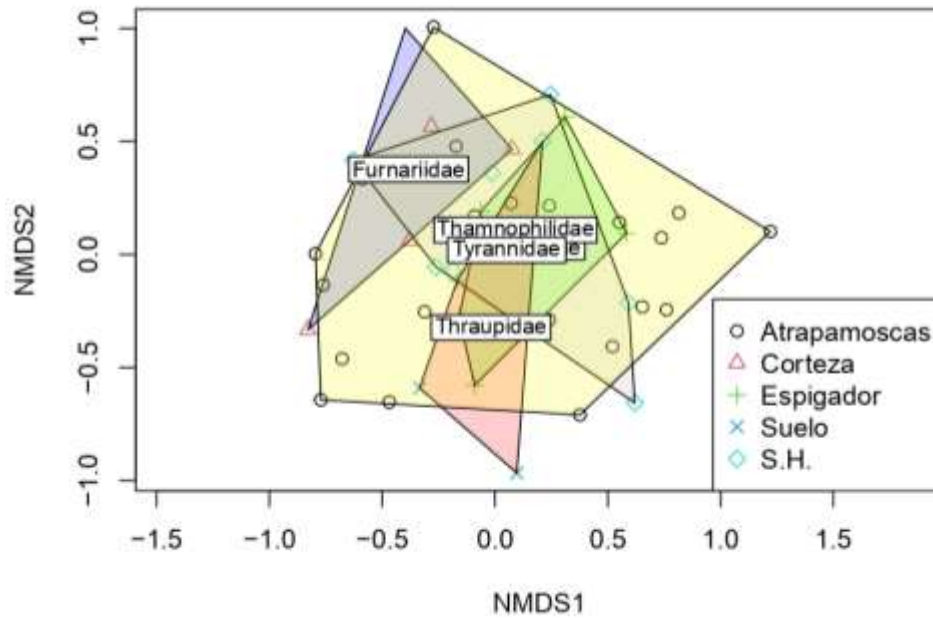
Agrupaciones	Valor p	Grados de libertad
Familia	0.326	4
Hábitat	0.538	1
Estrato de forrajeo	0.485	2
Estrategia de forrajeo	0.258	5

Figura 5. Espacio trófico de las especies de aves insectívoras de la Ecoreserva La Tribuna según la familia, el hábitat, el estrato y estrategia de forrajeo. a) Las formas geométricas representan las categorías del estrato de forrajeo y los polígonos el hábitat. b) Las formas geométricas representan las estrategias de forrajeo, los polígonos las familias. (S.H: seguidor de hormigas).

a)



b)



Discusión

Los gremios alimenticios reúnen especies que consumen recursos similares. Sin embargo, dentro del gremio se pueden dar diferenciaciones en el uso del recurso que favorezcan la coexistencia de las especies, estas diferenciaciones se pueden producir como resultado de variaciones morfológicas entre las especies o por características de su historia natural como su hábitat, estrategia o estrato de forrajeo. Se evaluó esta hipótesis a través de las aves insectívoras de la Ecoreserva La Tribuna, Huila encontrando que, en este caso, las aves son generalistas en el uso de presas y no hay una diferenciación del uso de recurso de acuerdo con la morfología o su historia natural.

Las aves insectívoras de la Ecoreserva La Tribuna, Huila consumen en gran proporción presas de la clase Insecta. Es de resaltar, que tanto la familia Tyrannidae como Furnariidae consumen en mayor proporción un ítem, ASV1 y ASV 2 respectivamente, mientras que las familias Parulidae, Thamnophilidae y Thraupidae consumen diversos ASV. En ese sentido, este estudio es consistente con lo encontrado por otros autores, por ejemplo, Garfinkel y colaboradores (2021) estudiaron la dieta de aves que habitan zonas con algún tipo de perturbación y evidenciaron que, consumen una gran variedad de presas según la disponibilidad del entorno. Es importante resaltar que la Ecoreserva La Tribuna hace 30 años era una zona perturbada, en su mayoría por la ganadería y desde los años 90, inició un proceso de regeneración natural formando parte de los objetivos de responsabilidad ambiental de Ecopetrol.

En cuanto a la diversidad y composición de la dieta, esta última no se relaciona con los rasgos morfológicos, hábitat, estrato y estrategia, indicando que las aves insectívoras de este ecosistema comparten especies de presas, lo cual podría ser discutido desde tres

perspectivas: (i) la abundancia del recurso alimenticio, (ii) la baja especialización de las aves al ecosistema y (iii) la variación espacio temporal de los recursos alimenticios favorece la coexistencia local.

Según los resultados de las caracterizaciones de insectos llevadas a cabo en la Ecoreserva La Tribuna en el marco del convenio FIBRAS, las líneas de investigación encontraron una comunidad de insectos más abundante y con menos riqueza, lo cual puede influir en una menor segregación trófica entre las aves insectívoras. Adicional a esto, existe una baja especialización de las aves a este tipo de bioma (Stotz et al. 1996), ya que ecológicamente este ecosistema es un intermedio entre zonas áridas y bosques húmedos (Murphy y Lugo 1986). Por tanto, las especies que habitan el bosque seco tropical poseen la capacidad de usar una variedad de ecosistemas tales como, bosques montanos, bosques húmedos, áreas abiertas y cultivos (Pizano y Garcia, 2014).

Si bien, en el estudio no se evaluó la variación espacio temporal de los recursos, las líneas de investigación en artrópodos del convenio FIBRAS identificaron un recambio de especies de insectos y artrópodos en las estacionalidades. Teniendo en cuenta lo anterior, De León y colaboradores (2014) identificaron que aves con solapamiento en sus dietas pueden usar otros recursos para los que están mejor adaptados durante los periodos de disminución o escasez de las presas compartidas.

Por otra parte, la variabilidad en tamaños de las aves insectívoras supone que, aves pequeñas se restringen a presas pequeñas y aves grandes pueden usar un amplio rango de tamaños de presas. Además, los diversos rasgos de historia natural les permiten a las aves insectívoras, acceder a los distintos estratos del bosque, a forrajear tanto en borde como en interior de bosque y a usar múltiples estrategias de forrajeo, lo que lleva a suponer que existe una diferenciación en los recursos que consumen. Sin embargo, este estudio muestra una generalización en la dieta.

Conclusiones y recomendaciones

Conclusiones

Las aves insectívoras de la Ecoreserva La Tribuna, Huila están utilizando una gran variedad de ítems en su dieta, tal como se evidencia en el número de variantes genéticas obtenidas, en su mayoría pertenecientes a la clase Insecta.

Los resultados de este estudio, sugieren una dieta generalista de las aves insectívoras que habitan en la Ecoreserva La Tribuna, Huila.

Este estudio representa una primera aproximación del potencial de la técnica ADN *Metabarcoding* para análisis de la dieta en Colombia.

Recomendaciones

Se recomienda replicar este estudio en otras áreas de bosque seco tropical, con el fin de contrastar resultados que permitan dilucidar patrones del uso del recurso por parte de las aves insectívoras en este tipo de bioma.

Referencias bibliográficas

- Barnagaud, J. Y., Mazet, N., Munoz, F., Grenié, M., Denelle, P., Sobral, M., Kissling, W., Sekercioglu, C & Violle, C. (2019). Functional biogeography of dietary strategies in birds. *Global Ecology and Biogeography*, 28(7), 1004-1017. <https://doi.org/10.1111/geb.12910>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., ... & Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature biotechnology*, 37(8), 852-857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Botero-Delgado, E., & Bayly, N. J. (2012). Does morphology predict behavior? Correspondence between behavioral and morphometric data in a Tyrant-flycatcher (Tyrannidae) assemblage in the Santa Marta Mountains, Colombia. *Journal of Field Ornithology*, 83(4), 329-342.
- Boyer F., Mercier C., Bonin A., Taberlet P., Coissac E. (2014) OBITools: a Unix-inspired software package for DNA metabarcoding. *Molecular Ecology Resources*, 16(1), 176-182. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12428>
- Bullock, S. H. (1995). Plant reproduction in neotropical dry forests. *Seasonally dry tropical forests*, 277-303.
- Davoren, G. K., Montevecchi, W. A., & Anderson, J. T. (2003). Distributional patterns of a marine bird and its prey: habitat selection based on prey and conspecific behaviour. *Marine Ecology Progress Series*, 256, 229-242. doi:10.3354/meps256229

- Dehling, D. M., Dalla Riva, G. V., Hutchinson, M. C., & Stouffer, D. B. (2022). Niche packing and local coexistence in a megadiverse guild of frugivorous birds are mediated by fruit dependence and shifts in interaction frequencies. *The American Naturalist*, 199(6), 855-868. <https://doi.org/10.1086/718684>
- Del Hoyo, J. (ed). (2020). All the Birds of the World. Barcelona, España: Lynx Edicions.
- De León, L.F., Podos, J., Gardezi, T., Herrel, A. and Hendry, A.P. (2014), Darwin's finches and their diet niches: the sympatric coexistence of imperfect generalists. *J. Evol. Biol.*, 27(6), 1093-1104. <https://doi.org/10.1111/jeb.12383>
- Felice, R. N., Tobias, J. A., Pigot, A. L., & Goswami, A. (2019). Dietary niche and the evolution of cranial morphology in birds. *Proceedings of the Royal Society B*, 286(1897), 20182677. <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.2677>
- Felsenstein, J., & Felsenstein, J. (2004). *Inferring phylogenies* (Vol. 2, p. 664). Sunderland, MA: Sinauer associates.
- Fitzpatrick, J. W. (1985). Form, foraging behavior, and adaptive radiation in the Tyrannidae. *Ornithological Monographs*, 447-470. <https://doi.org/10.2307/40168298>
- Garfinkel, M., Minor, E., & Whelan, C. J. (2022). Using faecal metabarcoding to examine consumption of crop pests and beneficial arthropods in communities of generalist avian insectivores. *Ibis*, 164(1), 27-43.
- Hilty, S. L., & Brown, W. L. (1986). A guide to the birds of Colombia. Princeton University Press.
- Lederer, R. J. (1975). Bill size, food size, and jaw forces of insectivorous birds. *The Auk*, 92(2), 385-387. <https://doi.org/10.2307/4084573>

- Luck, G. W., Lavorel, S., McIntyre, S., & Lumb, K. (2012). Improving the application of vertebrate trait-based frameworks to the study of ecosystem services. *Journal of Animal Ecology*, *81*(5), 1065-1076.
- Martínez-Falcón, A., Martínez-Adriano, P. C. A., & Dattilo, C. A. (2019). Redes complejas como herramientas para estudiar la diversidad de las interacciones ecológicas. *La biodiversidad en un mundo cambiante: Fundamentos teóricos y metodológicos para su estudio*, 265-283.
- Mercier, C. (2022) OBITools3 3.0. 0b20.
- Morse, D. H. (1971). The insectivorous bird as an adaptive strategy. *Annual Review of Ecology and Systematics*, *2*(1), 177-200. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.02.110171.001141>
- Murphy, P. G., & Lugo, A. E. (1986). Ecology of tropical dry forest. *Annual review of ecology and systematics*, *17*(1), 67-88.
- Oksanen, J., Blanchet, F., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P., O'Hara, B., Simpson, G., Solymos, P., Stevens, M., Szoecs, E., & Wagner, H. (2020). vegan: Community Ecology Package. R package version 2.5-7. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Olsen, A. M. (2017). Feeding ecology is the primary driver of beak shape diversification in waterfowl. *Functional Ecology*, *31*(10), 1985-1995. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12890>
- Pianka, E. R. (1974). Niche overlap and diffuse competition. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *71*(5), 2141–2145.

- Pigot, A. L., Sheard, C., Miller, E. T., Bregman, T. P., Freeman, B. G., Roll, U., ... & Tobias, J. A. (2020). Macroevolutionary convergence connects morphological form to ecological function in birds. *Nature Ecology & Evolution*, 4(2), 230-239.
- Pizano, C. y García, H. (Editores). 2014. El Bosque Seco Tropical en Colombia. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. Bogotá, D.C.: p. 94-127
- Posit team (2023). RStudio: Integrated Development Environment for R. Posit Software, PBC, Boston, MA. URL <http://www.posit.co/>.
- Quiroga, V., Lorenzón, R. E., Maglier, G., & Ronchi-Virgolini, A. L. (2018). Relationship between morphology and trophic ecology in an assemblage of passerine birds in riparian forests of the Paraná River (Argentina). *Avian Biology Research*, 11(1), 44-53. <https://doi.org/10.3184/175815617X15114328596437>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2013). A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PloS one*, 8(7), e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Root RB. (1967) The niche exploitation pattern of the blue-gray gnatcatcher. *Ecol Monogr*; 37:317-350.
- Sekercioglu, C. H. (2006). Increasing awareness of avian ecological function. *Trends in ecology & evolution*, 21(8), 464-471. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.05.007>
- Sherry, T. W. (1984). Comparative dietary ecology of sympatric, insectivorous Neotropical flycatchers (Tyrannidae). *Ecological Monographs* 54:313–338.
- Sherry, T.W., Johnson, M.D., Williams, K.A., Kaban, J.D., McAvoy, C.K., Hallauer, A.M., Rainey, S. & Xu, S. (2016a). Dietary opportunism, resource partitioning, and consumption of coffee

- berry borers by five species of migratory wood warblers (Parulidae) wintering in Jamaican shade coffee plantations. *J. Field Ornithol.* 87: 273–292.
- Sherry, T. W., R. T. Holmes, P. Pyle, and M. A. Patten (2016b). American Redstart (*Setophaga ruticilla*), version 1.0. *In Birds of the World* (P. G. Rodewald, Editor). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA.
- Sherry, T., Kent, C., Sánchez, N., & Şekercioğlu, Ç. (2020). Insectivorous birds in the Neotropics: Ecological radiations, specialization, and coexistence in species-rich communities. *The Auk*, 137(4). doi: 10.1093/auk/ukaa049
- Sigel, B. J., T. W. Sherry, and B. E. Young (2006). Avian community response to lowland tropical rainforest isolation: 40 years of change at La Selva Biological Station, Costa Rica. *Conservation Biology* 20:111–121.
- S. M. Billerman, B. K. Keeney, P. G. Rodewald, and T. S. Schulenberg (Editors) (2022). *Birds of the World*. Cornell Laboratory of Ornithology, Ithaca, NY, USA. <https://birdsoftheworld.org/bow/home>.
- Thomas, A. L. (1997). On the tails of birds. *Bioscience*, 215-225. <https://doi.org/10.2307/1313075>
- Tobias, J. A., Sheard, C., Pigot, A. L., Devenish, A. J., Yang, J., Sayol, F., ... & Schleuning, M. (2022). AVONET: morphological, ecological and geographical data for all birds. *Ecology Letters*, 25(3), 581-597. <https://doi.org/10.1111/ele.13898>
- Tornberg, R., Liuska, L., Rytönen, S., Mutanen, M., & Välimäki, P. (2014). Diet shift induced rapid evolution of size and function in a predatory bird. *Oecologia*, 176, 781-788. <https://doi.org/10.1007/s00442-014-3044-1>
- Tourmayre, O., Leuchtmann, M., Filippi-Codaccioni, O., Trillat, M., Piry, S., Pontier, D., Charbonnel, N., & Galan, M. (2020). In silico and empirical evaluation of twelve

metabarcoding primer sets for insectivorous diet analyses. *Ecology and Evolution*, 10(13), 6310-6332. <https://doi.org/10.1002/ece3.6362>

Stotz, D. F., Fitzpatrick, J. W., Parker III, T. A., & Moskovits, D. K. (1996). *Neotropical birds: ecology and conservation*. University of Chicago Press.