

Versión en español de: Stein et al. (2025). Prey selection by *Chordeiles minor* (Common Nighthawk) does not reflect differences in prey availability between breeding and nonbreeding grounds. Ornithology 142: ukae054. <https://doi.org/10.1093/ornithology/ukae054>

Selección de presas por *Chordeiles minor* (Anapero Boreal) no refleja diferencias en la disponibilidad de presas entre las zonas de cría y las de no cría.

Eliza D. Stein,^{1,*} Nestor Fariña,^{2,3} Olga Villalba,^{2,3} Kristina L. Cockle,^{2,3,4} Gastón E. Zubarán,⁵ Allison M. Snider,¹ Diego Baldo,⁶ James A. Cox,⁷ y Sabrina S. Taylor¹

¹School of Renewable Natural Resources, Louisiana State University and Agricultural Center, Baton Rouge, Louisiana, EE.UU.

²Proyecto Atajacaminos, Reserva Natural Provincial Rincón de Santa María, Ituzaingó, Corrientes, Argentina

³Proyecto Selva de Pino Paraná, San Pedro, Misiones, Argentina

⁴Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), Puerto Iguazú, Misiones, Argentina

⁵División Entomología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁶Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina

⁷Estación de Investigación Tall Timbers, Tallahassee, Florida, EE.UU.

*Autor correspondiente elizadstein@gmail.com

RESUMEN

Los depredadores pueden ajustar sus dietas para satisfacer sus necesidades energéticas según la disponibilidad de alimentos, pero no se han explorado estos ajustes en insectívoros aéreos migratorios fuera de sus zonas de reproducción. Encontramos que *Chordeiles minor* (el añapero boreal), un migrante de larga distancia y miembro del gremio de insectívoros aéreos en rápido declive, presentó niveles similares de riqueza de la dieta, diversidad de la dieta y selectividad de presas en las zonas reproductivas y las no reproductivas. Examinamos las dietas y las comunidades de presas de *C. minor* durante dos temporadas de cría en Florida, EE.UU., y dos temporadas no reproductivas en la provincia de Corrientes, Argentina (2020–2022). Utilizamos metabarcoding de ADN para identificar insectos en muestras fecales de *C. minor*, y empleamos trampas malaise y de luz UV para evaluar la abundancia y la composición de las comunidades de presas (insectos aéreos). La abundancia y riqueza de presas disponibles fueron significativamente mayores en las zonas no reproductivas que en las reproductivas. Aun así, *C. minor* mostró una riqueza de dieta, diversidades de Shannon y Simpson y preferencias de presas (dentro de cada muestra y dentro de la población) similares entre ambos sitios. Los adultos diferían en su consumo de lepidópteros entre sitios: los adultos de las zonas no reproductivas prefirieron los lepidópteros a todos los demás órdenes, mientras que los adultos de las zonas reproductivas consumieron lepidópteros con menos frecuencia de lo esperado. Sugerimos que los adultos reproductores pueden entregar lepidópteros a sus crías en lugar de consumirlos. En ambas estaciones, *C. minor* mostró preferencia por presas de gran tamaño y ricas en nutrientes, lo que sugiere que estas aves generalistas muestran menos flexibilidad en su dieta de lo que se pensaba y podrían ser, por tanto, vulnerables a los cambios en las comunidades de presas en múltiples etapas del ciclo anual.

Palabras clave: añapero boreal, *Chordeiles minor*, selección de presas, dieta, metabarcoding de ADN, insectívoro, ciclo anual.

RESUMEN PARA EL PUBLICO GENERAL

- Los depredadores que ajustan su dieta a las necesidades energéticas y a la abundancia de presas pueden ser menos vulnerables a los cambios en la disponibilidad de presas que los depredadores que carecen de flexibilidad dietética.
- Utilizamos metabarcoding de ADN y muestreo de insectos para evaluar la diversidad de la dieta y la selección de presas de *Chordeiles minor* (Añapero Boreal) en sus zonas de cría en Estados Unidos y en las zonas de no cría en Argentina.
- La abundancia, la riqueza y la diversidad de las presas disponibles variaron de un lugar a otro, pero la diversidad y la riqueza de la dieta de *C. minor* no difirieron.
- Las dietas estaban dominadas por Hemípteros e Himenópteros, que se consumían más de lo esperado por su disponibilidad relativa.
- *Chordeiles minor* consumió lepidópteros más de lo esperado en las zonas de no reproducción, pero menos de lo esperado en las zonas de reproducción, donde pueden haber optado por dar lepidópteros a sus crías.
- Nuestros resultados sugieren que *C. minor* podría ser vulnerable a los cambios en las comunidades de insectos tanto en las zonas de cría como en las de no cría.

INTRODUCCION

La teoría de la búsqueda óptima de alimento predice que los depredadores deben alterar sus estrategias de búsqueda de alimento para adaptarse a los cambios en sus necesidades energéticas y en la disponibilidad de presas (Pyke 1984). Durante los periodos de alto consumo energético, como la cría, se prevé que los adultos aumenten su eficiencia buscando alimento en hábitats de mayor calidad (Geary et al. 2020) o buscando presas más ricas en energía (Jenkins y Jackman 1994). Tales ajustes se han observado en aves, incluidas rapaces y passeriformes, y en murciélagos (Tornberg 1997, Naef-Daenzer et al. 2000, Agosta et al. 2003). Comprender la prevalencia de este comportamiento es de particular importancia, ya que el cambio climático y la pérdida y degradación del hábitat pueden crear condiciones en las que las especies que no se alimentan de manera óptima se vuelvan vulnerables a los cambios en su suministro de alimentos (McKinney 1997, Clavel et al. 2011, Crowley et al. 2016).

Los insectívoros aéreos tienen dietas diversas y a menudo flexibles, pero también representan uno de los gremios de aves más amenazados en América del Norte, en parte debido a la disminución a gran escala de las poblaciones de insectos (Spiller y Dettmers 2019, Sauer et al. 2020). Estudios recientes indican que muchos insectívoros aéreos muestran una especialización dietética en forma de selección de presas y pueden ser más sensibles a los cambios en la disponibilidad de presas de lo que se pensaba (Trevelline et al. 2018, McClenaghan et al. 2019, Wray et al. 2020). Los insectívoros aéreos migratorios podrían ser particularmente vulnerables porque las aves individuales deben obtener presas de una serie de hábitats diferentes a lo largo de su ciclo anual.

Las aves migratorias neotropicales-neárticas pasan la mayor parte de sus ciclos anuales en áreas no reproductivas en América Central y del Sur y viajan a latitudes más altas para aprovechar los

pulsos de alimento en primavera y verano (Somveille et al. 2018). Aunque el alimento puede ser abundante en las áreas de reproducción, los costos energéticos de la reproducción son distintos de los costos energéticos que se enfrentan durante los períodos no reproductivos (Cucco y Malacarne 1995). Los reproductores también deben asignar una gran proporción de presas capturadas a sus crías, lo que puede aumentar el tiempo que pasan buscando alimento (Schifferli et al. 2014, Hernández-Pliego et al. 2017). Fuera del período reproductivo, las aves migratorias neotropicales-neárticas gastan energía mudando y reponiendo las reservas de grasa necesarias para la migración de larga distancia (Barta et al. 2008, Kelly et al. 2013). Si bien muchos estudios examinan la disponibilidad de presas y las dietas de los insectívoros aéreos durante la temporada de reproducción, la información comparable de la temporada no reproductiva es escasa. Además, la mayoría de los estudios sobre la dieta se centran en los insectívoros aéreos de cuerpo pequeño que buscan alimento durante períodos prolongados, como las golondrinas y los murciélagos pequeños, que pueden verse menos afectados por los cambios en las comunidades de presas que las especies de cuerpo grande con ventanas de alimentación restringidas.

Estudiamos la variación espaciotemporal en la dieta y la captura de presas de *Chordeiles minor* (Añapero Boreal) a lo largo de 2 temporadas de cría en Norteamérica y 2 temporadas no reproductivas en Sudamérica. Las poblaciones de *C. minor*, al igual que las de muchos otros insectívoros aéreos, están en declive pronunciado, con estimaciones actuales que informan una tendencia promedio de -1,8 % año⁻¹ para *C. minor* en los Estados Unidos y Canadá (Sauer et al. 2017). Esta especie ocupa grandes áreas de distribución desde el norte de Canadá durante la temporada de cría hasta el centro de Argentina durante la temporada no reproductiva (Brigham et al. 2020). Los estudios durante la temporada de cría en Canadá encontraron que los adultos de *C. minor* consumían Coleoptera (escarabajos) e Hymenoptera (hormigas, avispas, abejas y moscas de sierra) con más frecuencia de lo esperado por su disponibilidad relativa, mientras que pareciera que evitaron a Diptera (moscas, mosquitos y jejenes; Brigham 1990, Brigham y Fenton 1991, Todd et al. 1998). En los bosques boreales, los coleopteros constituyeron el 80% de la biomasa de los bolos alimenticios entregados a los polluelos (Knight et al. 2018). Coleópteros e himenópteros son comunes en las dietas de otros insectívoros aéreos y proporcionan altas proporciones de grasa bruta y proteína, mientras que los dípteros aportan menos nutrientes, pero son fáciles de digerir (Levin et al. 2009, Lease y Wolf 2010, Razeng y Watson 2015). Los lepidópteros (polillas) tienen un alto valor nutritivo y son comunes en las dietas de Atajacaminos (Evens et al. 2020, Mitchell et al. 2022, Souza-Cole et al. 2022), pero no fueron preferidos ni evitados por *C. minor* en estudios previos de selección de presas en Canadá (Brigham 1990, Brigham y Fenton 1991, Todd et al. 1998). La selección de tricópteros (frigáneas) como presas es inconsistente entre los estudios de la temporada de reproducción, ya que *C. minor* en un lugar consume más tricópteros de lo esperado (Brigham 1990) y los individuos en otros lugares no muestran preferencia (Todd et al. 1998). Se desconoce si *C. minor* muestra una preferencia y evitación similares de estos órdenes fuera de la parte más septentrional del área de reproducción.

Estudiamos la diversidad de la dieta y la selección de presas en *C. minor* que migra entre las zonas de cría en Florida, EE.UU. (mayo-agosto), y las zonas de no cría en la provincia de Corrientes, Argentina (diciembre-marzo; Cockle et al. 2023). Nuestros objetivos fueron (1) identificar presas importantes para *C. minor* durante estos 2 períodos del ciclo anual y (2) evaluar la flexibilidad de la dieta entre las estaciones reproductiva y no reproductiva. Nuestra hipótesis era que, en ambos lugares, *C. minor* preferiría presas de gran tamaño y alto contenido en grasa bruta y proteínas a presas de pequeño tamaño y menor valor energético. En consecuencia, predijimos que los modelos de selección mostrarían una mayor abundancia relativa de presas himenópteros, lepidópteros y coleópteros en las muestras fecales de *C. minor* y una menor abundancia relativa de dípteros de lo

esperado en función de la abundancia relativa de cada orden en el entorno. También planteamos la hipótesis de que la dieta de *C. minor* se volvería más selectiva en las zonas de cría que en las que no lo son, debido a los elevados requisitos energéticos asociados a la reproducción y la cría. Según esta hipótesis, predijimos que las dietas de *C. minor* serían menos diversas y los modelos de selección de presas mostrarían preferencia por menos órdenes en las zonas de cría que en las de no cría.

MÉTODOS

Áreas de estudio

Citrus Wildlife Management Area (en adelante Citrus) es una extensión de 200 km² en el centro de Florida dominada por pinos de hoja larga (*Pinus palustris*) nativos (28,778°N, 82,406°O). Se realizan quemas prescritas cada 2 a 5 años en parcelas de ~260 ha, creando un mosaico de zonas forestales quemadas y no quemadas con sotobosques herbáceos y parches de suelo desnudo donde anida *C. minor*. Una hembra adulta marcada con GPS en la Reserva Natural Rincón de Santa María (ver más abajo) pasó una temporada de cría en Citrus y parecía tener 2 nidos, cada uno en una parcela quemada <6 meses antes (Cockle et al. 2023). *C. minor* se encuentra en Citrus desde mediados de abril hasta finales de septiembre, aunque los individuos más precoces y los más tardíos pueden criar en otros lugares (eBird 2024). Encontramos nidos tempranos en la primera semana de junio y crías con plumón natal hasta el 21 de julio.

La Reserva Natural Rincón de Santa María (en adelante Santa María) es una reserva natural de 35 km² de protección provincial ubicada en la margen sur del embalse de Yacyretá, Corrientes, Argentina (27.530°S, 56.600°O). Las comunidades vegetales actuales de la reserva incluyen pastizales nativos, pantanos de agua dulce, remanentes dispersos de bosques ribereños secundarios y rodales de eucaliptos (*Eucalyptus* spp.) y pinos exóticos (*Pinus* spp.; Bauni et al. 2015). Santa María es un sitio importante para la conservación de Atajacaminos (Caprimulgidae), alberga 9 especies, incluyendo *C. minor*, de diciembre a marzo. *C. minor* forrajea principalmente en lo alto de un mosaico de pastizales y rodales de pinos y eucaliptos.

Disponibilidad de presas

Cuantificamos la disponibilidad de presas muestreando las comunidades de insectos aéreos al atardecer en ambas áreas de estudio. Los *C. minor* son crepusculares y tienen períodos cortos de búsqueda de alimento (<2 horas) al amanecer y al anochecer (Cockle et al. 2023). Al igual que en otros estudios de insectívoros aéreos, utilizamos trampas ligeras malaise para insectos (Bioquip Products, Rancho Dominguez, CA) para interceptar insectos diurnos y nocturnos que vuelan cerca del suelo (p. ej., Diptera, Trichoptera, Blattodea, Orthoptera e Hymenoptera). Utilizamos trampas de luz ultravioleta con bombillas de 20 vatios para capturar insectos nocturnos que vuelan hasta 30 m por encima del suelo y son fototácticos o se sienten atraídos por la luz (p. ej., Coleoptera, Lepidoptera y Odonata; van Grunsven et al. 2014, Montgomery et al. 2021). Las trampas Malaise y las trampas de luz ultravioleta se colocaron a más de 10 m de distancia para minimizar la interferencia entre trampas. Las trampas se abrieron 1 h antes de la puesta de sol y se cerraron 3 h después. Las trampas contenían etanol al 95% para matar y preservar los insectos antes de su procesamiento.

Rotamos las trampas de insectos entre las zonas de ambos lugares de estudio donde se observó a *C. minor* forrajeando. Las trampas en Citrus se colocaron en 10 puntos a lo largo de 27 km de camino de tierra que abarcaban las 20.000 ha del área de estudio. Las trampas en Santa María se colocaron en 11 puntos a lo largo de un tramo de 5 km en el borde sur del embalse. En el primer año (en adelante 2021), muestreamos cada punto una vez (del 8 de diciembre de 2020 al 25 de febrero de 2021 en Santa María y del 7 de junio al 3 de agosto de 2021 en Citrus). En el segundo año (en

adelante 2022), muestreamos todos los puntos dos veces (del 6 de diciembre de 2021 al 16 de febrero de 2022, en Santa María, y del 24 de mayo al 27 de julio de 2022, en Citrus). El muestreo de insectos coincidió con los periodos en los que *C. minor* estaba presente en cada punto. Se identificaron los insectos por orden y se midió la longitud del cuerpo con una precisión de 0,1 mm. En el caso de morfoespecies muy abundantes (es decir, especies diferenciadas por una morfología distintiva), medimos 5 individuos de cada una y aplicamos la longitud media a otros individuos. Todos los análisis se realizaron por separado para las trampas Malaise y UV.

Dieta *Chordeiles minor*

Recogimos muestras fecales de *C. minor* capturado en Citrus (del 7 de junio al 6 de agosto de 2021, y del 26 de mayo al 27 de julio de 2022) y Santa María (4 de diciembre de 2020 a 5 de marzo de 2021, y del 7 de diciembre de 2021 al 15 de febrero de 2022). En Citrus, capturamos principalmente adultos con redes de niebla y playback, pero también capturamos hembras incubando o criando con un foco y una red de mano. Instalamos redes de niebla y dispositivos de reproducción ~20 min después de la puesta de sol y los hicimos funcionar hasta que cesó toda actividad de *C. minor* (normalmente ~45 min después de la puesta de sol). En Santa María, donde los individuos descansan regularmente en caminos de tierra y plataformas rocosas después del anochecer buscamos *C. minor* conduciendo por el circuito de caminos de la reserva durante ~2 h a partir del anochecer, y capturamos individuos con focos y una red de mano. Utilizamos pinzas limpias o un palito de paleta para recoger una muestra fecal directamente de la cloaca o del interior de una bolsa de tela blanqueada para pájaros. Clasificamos una muestra como "limpia" si se recogía de la cloaca o de la bolsa para pájaros y como "sucia" si la muestra se caía y se recogía de otra superficie. Las muestras se conservaron en etanol al 95% a 4°C. Se secuenciaron por separado varias muestras recogidas del mismo individuo por si fallaba la secuenciación.

Extrajimos ADN de presas de muestras fecales siguiendo a Snider et al. (2022), con la excepción de que secamos las muestras en una campana extractora durante la noche para asegurarnos de que se evaporara todo el etanol. A continuación, sumergimos la muestra en tampón de lisis con perlas de zirconia-sílica de 0,1 y 0,5 mm y homogeneizamos la mezcla en un mini-BeadBeater 24 (BioSpec Products, Bartlesvill, OK, EE.UU.) para romper los exoesqueletos de los insectos y las membranas celulares. Aislamos el ADN utilizando perlas SPRI y una serie de lavados con etanol antes de eluir el ADN con Tris-HCl 10 mM. Se cuantificó el ADN de cada muestra utilizando un espectrómetro Denovix y el kit dsDNA High Sensitivity Assay (Denovix, Wilmington, DE, EE.UU.), concentrando cualquier muestra <0,2 ng μL^{-1} en una centrífuga de vacío. Se realizaron extracciones en grupos de 6 a 16 muestras, y cada grupo incluyó un negativo de extracción sin material fecal.

La preparación de bibliotecas incluyó 2 rondas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en un Mastercycler ProS (Eppendorf North America, Enfield, CT, EE.UU.): (1) amplificación de una secuencia diana (PCR1); y (2) recocido de índices (PCR2). Para la PCR1 amplificamos una sección de 180 pares de bases (pb) del gen de la subunidad 1 del citocromo c oxidasa (COI) utilizando el conjunto de cebadores universales ANML (Jusino et al. 2019), que se dirige a una amplia gama de secuencias de artrópodos que suelen formar parte de la dieta de *C. minor* (Wray et al. 2020). Añadimos salientes de Illumina a los cebadores para permitir el recocido de los índices durante la preparación de la biblioteca posterior a la PCR (Illumina 2013) y realizamos la PCR1 por triplicado (Vo y Jedlicka 2014, Alberdi et al. 2019). Incluimos negativos de extracción en PCR1 e incluimos un negativo de PCR en cada placa (agua de grado molecular en lugar de ADN). Las concentraciones de reactivos y las condiciones del termociclador siguieron las de Jusino et al. (2019; Tabla 1 del material suplementario). Visualizamos un subconjunto del producto de la PCR1 en un gel de agarosa al 1,2% para garantizar una amplificación satisfactoria antes de combinar todos los triplicados. A

continuación, limpiamos el producto PCR1 agrupado con microesferas SPRI a una concentración de microesfera: producto PCR de 1,2x para aislar el amplicón de interés. Por último, confirmamos el éxito de la limpieza visualizando un subconjunto de productos PCR1 en agarosa.

En la PCR2 (recocido de índices), utilizamos el Nextera XT Index Kit v2 y seguimos el protocolo de preparación de bibliotecas de secuenciación metagenómica 16S de Illumina (Illumina 2013) para la secuenciación por pares (para más detalles, véase la Tabla 2 del material suplementario). Tras visualizar un subconjunto de productos de PCR2 para confirmar que los índices se habían recocido correctamente, limpiamos el producto de PCR2 con microesferas SPRI a una de microesfera: producto de PCR de 0,9x para eliminar el dímero adaptador residual. Normalizamos las bibliotecas limpiadas a 4 nM combinando los volúmenes calculados de producto PCR2 limpiado y Tris-HCl. Utilizamos una centrífuga de vacío para concentrar las muestras <4 nM en un volumen final de 5 µl. Por último, combinamos 5 µl de cada biblioteca normalizada para crear una única biblioteca agrupada que se envió al Pennington Biomedical Research Center (Baton Rouge, LA, EE.UU.) para su secuenciación. La biblioteca agrupada se cuantificó en un bio-analizador Agilent, se le añadió un 15% de PhiX (Alberdi et al. 2017, Trevelline et al. 2018), se ejecutó en una plataforma Illumina MiSeq con un kit de reactivos v2 (Illumina 2013) utilizando secuenciación de extremo pareado y se demultiplexó en el centro. Las secuencias sin procesar se pueden encontrar en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>, BioProject: RJNA1120945, números de acceso SAMN41721490SAMN41721561 (Citrus) y SAMN41739139-SAMN41739234 (Santa María).

Biblioteca de referencia personalizada

Desarrollamos una biblioteca de referencia para asignar identidades taxonómicas a las secuencias de código de barras de Santa María porque las bibliotecas de referencia públicas como la base de datos Barcode of Life (BOLD; <https://boldsystems.org/>) y el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI; <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) carecían de entradas para muchos insectos encontrados en el norte de Argentina. Seleccionamos 175 de nuestros insectos capturados con mayor frecuencia e identificamos 129 por género, 3 por familia y 43 por orden. Luego extrajimos ADN de 1 a 4 patas de un espécimen de referencia utilizando un kit Quick-DNA™ Miniprep Plus (Zymo Research, Irvine, CA, EE. UU.) y realizamos PCR para apuntar al gen COI con los mismos cebadores y condiciones utilizados para PCR1 fecal descritos anteriormente. Limpiamos el producto de PCR con un protocolo Exo-SAP (Tabla 3 del Material complementario) y realizamos la secuenciación cíclica en el producto limpio en dirección directa e inversa (Tabla 4 del Material complementario). El producto de la secuenciación cíclica se limpió con Sephadex G50 (Cytiva, Marlborough, MA, EE. UU.) y luego se realizó la secuenciación de Sanger en un Analizador Genético ABI 3130xl en la Instalación de Genómica de la Universidad Estatal de Louisiana.

Se utilizó Geneious 2022.1 para recortar las secuencias y excluir las lecturas de baja calidad, y se alinearon las lecturas directa e inversa mediante el método de consenso. Los insectos de muestra se depositaron en la colección de entomología del Museo de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia de Buenos Aires, Argentina. Todas las secuencias de códigos de barras están a disposición del público en <http://boldsystems.org>, Sequence Pages CAI001-24-CAI128-24. Las secuencias de códigos de barras de más de 200 pb también están disponibles en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>, números de acceso PQ299157-PQ299179.

Aprovisionamiento de nidos

Recolectamos de manera oportunista bolos alimenticios de *C. minor* adultos que fueron capturados en redes de niebla mientras intentaban entregar comida a los polluelos. Recolectamos

cada bolo que se cayó al ser capturados y almacenamos el contenido en etanol al 95% a 4°C. Identificamos visualmente los insectos en los bolos alimenticios hasta el orden.

Análisis estadístico

Bioinformática

Importamos las secuencias de ADN demultiplexadas a Qiime2 2023.5 (Bolyen et al. 2019) y recortamos los cebadores utilizando la función *Cutadapt* (Martin 2011), que también eliminó las lecturas que no contenían secuencias de cebadores. Realizamos la eliminación de ruido y el control de calidad utilizando *DADA2* (Callahan et al. 2016), que filtró las lecturas con puntuaciones Phred <30, eliminó las quimeras (método de consenso), unió las lecturas de extremo pareado y colapsó las lecturas en variantes de secuencia de amplicón (ASV; Alberdi et al. 2017, Snider et al. 2022). Eliminamos las lecturas que aparecían <10 veces en total para minimizar las posibilidades de incluir contaminantes o fauna simbiótica no diana (p. ej., ácaros en insectos aéreos; Leray y Knowlton 2017). Clasificamos las ASVs restantes mediante un clasificador Naive Bayes, que entrenamos con todas las secuencias de artrópodos del NCBI (Robeson II et al. 2020), todas las secuencias de metazoos de BOLD (O'Rourke et al. 2020) y nuestra biblioteca de referencia personalizada.

Revisamos manualmente el conjunto de datos clasificados para asegurarnos de que las asignaciones taxonómicas alcanzaban los niveles de confianza adecuados y resolvimos cualquier conflicto entre las bibliotecas de referencia. Asignamos una ASV a una especie si coincidía con una confianza >99%, a un género si la confianza estaba entre 97% y 99%, a una familia si la confianza estaba entre 95% y 97% y a un orden si la confianza estaba entre 90% y 95%. Se eliminaron todas las ASV con una confianza <90%. Este enfoque representa un compromiso entre los métodos menos conservadores utilizados por Jusino et al. (2019) para clasificar presas y los métodos más conservadores utilizados por Evens et al. (2020). Cuando una ASV coincidió con múltiples bibliotecas de referencia, seleccionamos la entrada de la biblioteca con la mayor confianza. Si una asignación taxonómica entraba en conflicto entre bibliotecas, seleccionamos la asignación taxonómica común más baja. No se sabe que *C. minor* se alimente de taxones que no sean insectos (Brigham et al. 2020), por lo que eliminamos las ASV para Araneae (arañas; n= 2), Ixodida (garrapatas; n= 1) y Trombidiformes (ácaros; n= 4). Se trataba probablemente de ectoparásitos de insectos consumidos (Ixodida y Trombidiformes) o de contaminación de la muestra (Araneae).

Composición y diversidad de la dieta

Presentamos la composición de la dieta como abundancia de lectura relativa (RRA, una métrica basada en la abundancia) y frecuencia de ocurrencia (FOO, una métrica basada en la incidencia). La RRA refleja la proporción de secuencias dentro de una muestra individual que pertenecen a una presa determinada y aumenta proporcionalmente con la abundancia del taxón en la dieta (Deagle et al. 2019, Verkuil et al. 2022). Sin embargo, el RRA puede cuantificar las presas de forma inexacta porque no todos los insectos se digieren por igual, la cantidad de ADN mitocondrial varía entre especies y los cebadores pueden amplificar el ADN de algunas especies más fácilmente que otras (Elbrecht y Leese 2015, Jusino et al. 2019). También presentamos FOO, que es la proporción de muestras fecales individuales que contienen cada elemento de presa. La FOO tiene sesgos que incluyen dar el mismo peso a las especies de presas raras y comunes, ignorar las contribuciones relacionales de las presas dentro de una misma muestra y, a menudo, requerir un mayor esfuerzo de muestreo para sacar conclusiones (Cuff et al. 2022). La FOO sólo puede calcularse a nivel poblacional, mientras que la RRA puede calcularse a nivel poblacional y para muestras individuales.

Para evaluar la composición de la dieta, evaluamos la riqueza (el número total de taxones únicos en una comunidad; no considera la abundancia relativa) junto con la diversidad de Shannon (una medida de incertidumbre sobre la identidad de los individuos muestreados; considera la abundancia relativa; Shannon 1948) y la diversidad de Simpson (la probabilidad de que 2 individuos muestreados sean del mismo taxón; considera la abundancia relativa; Simpson 1949). Utilizamos métodos descritos en Hill (1973) para estimar índices (conocidos como números de Hill) para la riqueza de la comunidad (q_0), la diversidad de Shannon (q_1) y la diversidad de Simpson (q_2) obteniendo así valores escalados con magnitudes que los investigadores pueden comparar fácilmente (Hill 1973, Jost 2006). Los números de Hill concuerdan con las definiciones tradicionales de riqueza, diversidad de Shannon y diversidad de Simpson, aunque no son idénticas. Los índices de Hill para la riqueza proporcionan medidas de la composición de la comunidad que solo tienen en cuenta el número de taxones en un ensamble, mientras que los índices de Hill para la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson tienen en cuenta las abundancias relativas de los taxones presentes (Alberdi y Gilbert 2019).

Realizamos todos los análisis utilizando R 4.3.2 (R Core Team 2023) y consideramos que las métricas eran significativamente diferentes si los intervalos de confianza (ICs) del 95% no se superponían. En primer lugar, comparamos la diversidad y riqueza de las muestras fecales limpias y sucias para evaluar si la contaminación del campo aumentaba las estimaciones de diversidad de las muestras sucias. Se utilizó el paquete *iNEXT.beta3D* (Chao et al. 2023) para calcular los números de Hill para la riqueza, la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson a nivel alfa (diversidad dentro de la muestra; D_α) y a nivel beta (diversidad entre muestras; D_β).

diversidad de la muestra; D_{fi}) utilizando datos dietéticos basados en la abundancia, y a nivel gamma (diversidad de toda la población; D_γ) utilizando datos dietéticos basados tanto en la abundancia como en la incidencia. Convertimos

Realizamos todos los análisis utilizando R 4.3.2 (R Core Team 2023) y consideramos que las métricas eran significativamente diferentes si los intervalos de confianza (ICs) del 95% no se superponían. Primero, comparamos la diversidad y la riqueza de muestras fecales limpias y sucias para evaluar si la contaminación de campo aumentaba las estimaciones de diversidad para las muestras no limpias. Utilizamos el paquete *iNEXT.beta3D* (Chao et al. 2023) para calcular los números de Hill para la riqueza, la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson a nivel alfa (diversidad dentro de la muestra; D_α) y nivel beta (diversidad entre muestras; D_β) utilizando datos de dieta basados en la abundancia, y a nivel gamma (diversidad de toda la población; D_γ) utilizando datos de dieta basados tanto en la abundancia como en la incidencia.

Convertimos las abundancias ASV brutas se convirtieron en RRA para tener en cuenta las diferencias en la profundidad de secuenciación (McMurdie y Holmes, 2014); los RRA representaban la proporción del total de lecturas de una muestra fecal que pertenecían a cada orden de insectos. Para calcular D_α y D_β , construimos 2 matrices (limpia y sucia) que contenían los RRA de los órdenes de insectos (filas) detectados en las muestras fecales (columnas). Utilizamos la función *iNEXTbeta3D* para calcular la diversidad taxonómica usando `datatype = abundance`, y aumentamos las réplicas de bootstrap del valor predeterminado (10) a 50 para mejorar la precisión. Para calcular D_γ , repetimos este procedimiento utilizando tanto ARR como FOO. Para el análisis de FOO, convertimos todos los ARR a presencia (1) o ausencia (0) en cada muestra fecal y ejecutamos la función *iNEXTbeta3D* con 50 bootstraps y `datatype = incidence`. Evaluamos la salida para la integridad de la muestra utilizando una cobertura uniforme, en lugar de tamaños de muestra uniformes, para rarefactar los datos (Chao et al. 2020, Roswell et al. 2021).

Esta técnica requirió identificar la cobertura máxima de la muestra (es decir, la proporción estimada de la comunidad verdadera detectada mediante muestreo) que podría alcanzarse en Citrus y Santa María creando una curva de rarefacción que fuera $\leq 2\times$ el tamaño real de la muestra recogida en cada sitio. A continuación, utilizamos el valor de cobertura de la muestra del sitio con la cobertura más baja para obtener estimaciones de diversidad e ICs del 95% para ambos sitios.

Las estimaciones de diversidad y riqueza fueron mayores en las muestras limpias que en las sucias (Tabla 5 del Material Suplementario), lo que sugiere que la contaminación potencial no condujo a estimaciones de diversidad mayores en las muestras sucias. En consecuencia, combinamos los datos de las muestras limpias y sucias para calcular los números finales de Hill para la riqueza, la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson. Aplicamos los procedimientos descritos anteriormente para comparar D_{α} , D_{β} y D_{γ} entre Citrus y Santa María. Medimos la similitud en la riqueza de la dieta entre sitios y años utilizando los índices de Jaccard y de Sørensen desarrollados por Chao et al. (2019). Para visualizar la riqueza de la dieta y la superposición entre sitios y años, utilizamos el escalamiento multidimensional no métrico (NMDS), que traza muestras en un espacio bidimensional basado en distancias de similitud ordenadas por rango (Shepard 1962).

Disponibilidad y selección de presas

Calculamos la media y el error estándar ($\mu \pm SE$) para los recuentos brutos de insectos capturados en las trampas Malaise y UV, y calculamos la diversidad de las comunidades de presas por separado para cada tipo de trampa. Se estimaron los números de Hill para la riqueza, las diversidades de Shannon y Simpson, la similitud de Sørensen y la similitud de Jaccard, asegurando una muestra completa igual entre Citrus y Santa María para cada año.

Para evaluar si *C. minor* consumía presas en proporción a su disponibilidad en cada sitio, modelamos la selección de presas utilizando el paquete R *econullnet* (Vaughan et al. 2018). Este paquete utiliza datos de disponibilidad de presas para crear un modelo nulo para la abundancia esperada de cada elemento de presa en las dietas de los depredadores, asumiendo que no hay selección de presas. Debido a que los métodos utilizados para estimar la disponibilidad de presas pueden afectar a los modelos nulos (Cuff et al. 2024) creamos 2 modelos nulos para cada sitio, uno utilizando datos de trampas Malaise y el otro utilizando datos de trampas UV. A continuación, utilizamos la función *generate_null_net* para determinar si la abundancia relativa observada de presas en las muestras fecales de *C. minor* recogidas en ese lugar se encontraba dentro del intervalo de confianza (IC) del 95% de la abundancia relativa esperada predicha por cada uno de los modelos nulos (simulaciones= 500, tipo de datos= cantidades). Dado que la cantidad de ADN recuperado en las muestras fecales puede aumentar con el tamaño de la presa, dimos más peso a los insectos más grandes en nuestros modelos nulos (1) incorporando la longitud del cuerpo a las estimaciones de la abundancia relativa esperada y (2) utilizando datos RRA en lugar de datos FOO para estimar la abundancia relativa observada. Específicamente, para (1), la abundancia relativa esperada se estimó sumando las longitudes corporales de todos los individuos de cada orden capturados en cada tipo de trampa y dividiendo las longitudes sumadas de cada orden (una aproximación a la biomasa) por el total de todos los órdenes (véase Verkuil et al. 2022, que muestra que los RRA en el ADN fecal de las aves están altamente correlacionados con las longitudes corporales de los insectos presa). Específicamente, para (2), la abundancia relativa observada se estimó sumando la RRA para cada orden (calculada durante el análisis de la diversidad de la dieta) en todas las muestras fecales. Sólo los órdenes de insectos detectados en las dietas de *C. minor* se incluyeron en los modelos de selección de presas, aunque algunos órdenes consumidos por *C. minor* no se capturaron en trampas para insectos y, por tanto, no pudieron evaluarse.

También se utilizó la función *generate_null_net* para calcular el tamaño del efecto estándar (SES) entre la abundancia de presas observada y la esperada. Identificamos una diferencia significativa entre las abundancias relativas observadas y esperadas cuando se cumplían 2 criterios: (1) la abundancia observada caía fuera del IC del 95% para la abundancia esperada; y (2) $SES > |2|$ (es decir, SES era estadísticamente diferente de 0; Gotelli y McCabe 2002). Una presa era "preferida" si se consumía significativamente más de lo esperado y "evitada" si se consumía significativamente menos de lo esperado. Durante la época de cría, "evitado" también puede reflejar elementos capturados por adultos y entregados a las crías, ya que no se encontrarían en una muestra fecal de adultos.

RESULTADOS

Disponibilidad de presas

Para evaluar la dieta y la selección de presas de *C. minor* en función de la disponibilidad de presas, evaluamos la abundancia, riqueza y diversidad de insectos aéreos en ambos lugares. Nuestras trampas aéreas capturaron 14 órdenes de insectos en Citrus y 13 órdenes en Santa María (Tabla 6 del Material Suplementario). Las trampas en ambos sitios contenían Blattodea, Coleoptera, Diptera, Ephemeroptera, Hemiptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Mantodea, Neuroptera, Odonata, Orthoptera, Psocodea y Trichoptera. Las trampas de Citrus también contenían Dermaptera. La abundancia media de insectos fue más de 6 veces mayor en las trampas Malaise de Santa María que en las de Citrus (345 ± 78 frente a 55 ± 13 , respectivamente) y más de 20 veces mayor en las trampas UV de Santa María que en las de Citrus (11.938 ± 3.193 frente a 505 ± 4 , respectivamente). Los dípteros dominaron las trampas Malaise, constituyendo más del 50% de la biomasa en ambos sitios; los coleópteros dominaron las trampas UV, constituyendo el 52% de la biomasa en Citrus y el 74% en Santa María. Los lepidópteros representaron más del 20% de la biomasa de Malaise y UV en Citrus, pero representaron <5% de la biomasa en Santa María.

Las estimaciones de diversidad para las presas disponibles fueron mayormente consistentes entre los tipos de trampas (Figura 1). Tanto las trampas Malaise como las UV estimaron una mayor riqueza D_α y D_γ en Santa María en comparación con Citrus, pero los índices de Shannon y Simpson D_α y D_γ fueron menores en Santa María. En otras palabras, las trampas capturaron más órdenes con biomasas menos uniformes en Santa María en comparación con Citrus. Los índices de Shannon y Simpson D_β fueron ambos mayores en Santa María, lo que indica una mayor variación de biomasa entre trampas que en Citrus. Las trampas UV tuvieron mayores similitudes de Sørensen y Jaccard entre trampas en Citrus que en Santa María (Sørensen: Citrus = 0.02 ± 0.00 , Santa María = 0.01 ± 0.00 ; Jaccard: Citrus = 0.37 ± 0.01 , Santa María = 0.27 ± 0.00), pero los índices de similitud para las trampas Malaise no mostraron diferencias (Sørensen: Citrus = 0.03 ± 0.00 , Santa María = 0.03 ± 0.01 ; Jaccard: Citrus = 0.50 ± 0.03 , Santa María = 0.52 ± 0.05).

Metabarcoding y clasificación de presas

Obtuvimos 9.949.645 secuencias de 167 muestras fecales: 71 de Citrus y 96 de Santa María (Tabla 7 del material suplementario). Tuvimos 8 individuos en Santa María para los que ≥ 2 muestras fecales secuenciaron con éxito, por lo que seleccionamos una muestra fecal de cada individuo para el análisis. Tras eliminar las muestras duplicadas ($n=19$) y las muestras que solo contenían ADN de *C. minor* ($n=85$), nuestras muestras finales incluían 13 individuos de Citrus en 2021, 15 de Citrus en 2022, 25 de Santa María en 2021 y 10 de Santa María en 2022. Eliminamos 73 ASV de todas las muestras porque estaban presentes en los negativos de extracción.

Un total de 174 ASV coincidieron con al menos un insecto de referencia a nivel de orden (todos los insectos clasificados se enumeran en la Tabla 8 de material suplementario). La profundidad de secuenciación media total fue significativamente mayor en las muestras de Citrus (100.230 ± 11.865 lecturas) que en las muestras de Santa María (29.514 ± 4.256 lecturas; prueba de rango con signo de Wilcoxon; $P < 0,001$), a pesar de que Santa María tenía más del doble de ASV de insectos (126 en Santa María frente a 51 en Citrus). A pesar de la mayor cobertura media, hubo un número significativamente menor de ASV por muestra en Citrus en comparación con Santa María para todas las combinaciones de años excepto entre Citrus 2021 y Santa María 2022, para la cual $P = 0.05$; no hubo diferencia dentro de cada sitio entre años (prueba de rangos con signo de Wilcoxon por pares; Tabla 9 del Material Suplementario). Aunque detectamos un número total similar de órdenes y familias en los 2 sitios (Citrus= 17 familias y 9 órdenes, Santa María= 19 familias y 9 órdenes), las muestras fecales individuales de Santa María promediaron aproximadamente el doble de órdenes y familias que las muestras fecales de Citrus (Citrus= 1.40 ± 0.17 familias y $1,32 \pm 0,12$ pedidos, Santa María= $3,09 \pm 0,42$ familias y $2,49 \pm 0,28$ órdenes; Material suplementario Tabla 10).

Composición y Diversidad de la Dieta

La proporción de cada orden que contribuye a la dieta general difirió según el modo de cálculo (FOO o RRA), pero la importancia relativa de cada orden (es decir, qué órdenes tenían la frecuencia/abundancia más alta versus la frecuencia/abundancia más baja) solo difirió para Orthoptera, que tuvo mayor FOO pero menor RRA que otros órdenes en Santa María (Figura 2).

Cuando se combinaron las muestras limpias y no limpias, Citrus mostró una D_β significativamente mayor que Santa María (es decir, los contenidos de la dieta diferían más entre las muestras dentro de Citrus que entre las muestras dentro de Santa María), mientras que D_α y D_γ fueron similares entre los sitios (Figura 3, Tabla 11 del Material Suplementario). En ambos sitios, D_β varió entre las diversidades de riqueza, Shannon y Simpson, lo que indica una desigualdad en la dieta entre las muestras (es decir, los órdenes de presas estaban presentes en diferentes cantidades entre las muestras). Dentro de cada sitio, D_α y D_γ fueron similares para las diversidades de riqueza, Shannon y Simpson, lo que indica una uniformidad en la dieta a estos niveles (es decir, los órdenes de presas estaban presentes en cantidades similares dentro de las muestras y dentro de la población). Nuevamente, la integridad de la muestra D_γ fue mayor cuando se calculó utilizando datos basados en la abundancia (RRA; 100% de integridad) que cuando se calculó utilizando datos basados en la incidencia (FOO; 92% de integridad).

Los análisis de similitud indicaron mayores similitudes entre años para las muestras de Santa María que para las muestras de Citrus. Los valores de estrés del análisis NMDS fueron $\leq 0,1$ para FOO y RRA, lo que indica un buen ajuste de ordenación (Shepard 1980). Los gráficos NMDS mostraron una alta superposición de identidades de presas de muestras en Santa María entre años, con menos superposición de muestras en Citrus entre años (Figura 4A, B). Las muestras de Citrus de 2021 se superpusieron altamente con las muestras de Santa María de ambos años, lo que indica una alta similitud, pero las muestras de Citrus de 2022 no lo hicieron. Los índices de similitud de Sørensen para la riqueza de la dieta (que evaluaron la similitud entre muestras dentro de cada sitio y año) fueron mayores para Citrus en 2021 y 2022 que, para Santa María en 2021, pero la gran incertidumbre para Santa María en 2022 impidió la detección de significancia estadística para ese año (Figura 4C). La similitud de Sørensen no difirió dentro de los sitios, y la similitud de Jaccard no difirió entre ninguna combinación de sitio y año (Figura 4D).

Selección de presas

La selección de presas por parte de *C. minor* varió en función del tipo de trampa utilizado para construir el modelo nulo, pero tanto los modelos Malaise como UV indicaron patrones similares para Orthoptera, Lepidoptera, Hymenoptera, y Hemiptera (Figura 5, Material suplementario Tabla 12). En particular, el análisis con ambos tipos de trampas indica una preferencia por los Lepidópteros en Santa María por un amplio margen ($SES > 14$), mientras que los Lepidópteros parecen evitarse (es decir, no se consumen) en Citrus. Los modelos construidos a partir de ambos tipos de trampas también sugirieron que *C. minor* en Citrus prefería Hymenoptera y Hemiptera, mientras que en Santa María prefería Orthoptera, Hemiptera e Hymenoptera. Diptera y Coleoptera presentaron la mayor disparidad en los resultados de selección entre los tipos de trampas: los datos recogidos utilizando trampas Malaise indicaron la evitación de Diptera en ambos sitios, mientras que los datos recogidos utilizando trampas UV indicaron una preferencia en ambos. Los datos de las trampas Malaise también indicaban una preferencia por los coleópteros en Citrus y ninguna selección en Santa María, mientras que los datos de las trampas UV indicaron la evitación de coleópteros en ambos sitios.

Aprovisionamiento de nidos

Recogimos 5 bolos alimenticios de forma oportunista de *C. minor* capturados con redes de niebla en Citrus (Tabla 1). Los himenópteros representaron el 84,4% de todas las presas encontradas en los 5 bolos, mientras que los lepidópteros (el segundo orden más abundante) representaron el 5,6%, los coleópteros el 4,7%, los hemípteros el 2,6%, los dípteros el 1,7% y los neurópteros <0,1%.

DISCUSIÓN

Evaluamos las dietas y las comunidades de presas de *C. minor* en sitios de reproducción y no reproducción para evaluar sus preferencias de presas y si estas preferencias cambiaron en función de la disponibilidad de presas y la etapa del ciclo anual. Planteamos la hipótesis de que *C. minor* en ambos sitios de reproducción (Citrus, EE. UU.) y no reproducción (Santa María, Argentina) preferiría presas ricas en nutrientes como Lepidoptera, Coleoptera e Hymenoptera. Nuestros resultados mostraron que *C. minor* prefería Hemiptera (chinches verdaderos) e Hymenoptera (hormigas) en ambas estaciones, pero sus preferencias por Lepidoptera y Coleoptera fueron más matizadas. Sorprendentemente, *C. minor* prefirió Lepidoptera en los terrenos de no reproducción, pero no en los de reproducción. También planteamos la hipótesis de que *C. minor* mostraría más selectividad en los terrenos de reproducción que en los de no reproducción debido a las mayores demandas de energía. Contrariamente a nuestra predicción, la diversidad y riqueza de las dietas no difirieron dentro de las muestras o dentro de las poblaciones entre los terrenos de reproducción y no reproducción, a pesar de las diferencias en la abundancia, riqueza y diversidad de las presas disponibles. Estos resultados indican que *C. minor* no acomoda los cambios en las necesidades energéticas y la disponibilidad de presas cambiando su selectividad de presas, como predice la teoría del forrajeo óptimo. A continuación, presentamos interpretaciones adicionales de nuestros resultados de diversidad de la dieta y selección de presas, que creemos están vinculadas a diferencias generales en la ecología de *C. minor* en reproducción y no reproducción, junto con los desafíos asociados con el muestreo de presas.

Preferencia de Presas Durante Todo el Año

Chordeiles minor mostró preferencia durante todo el año por Hymenoptera y Hemiptera. Esta preferencia por Hymenoptera concuerda con estudios previos en el área de reproducción del norte (Brigham 1990, Brigham y Fenton 1991), pero nuestro estudio proporciona nueva información sobre una preferencia por Hemiptera. Todos los Hymenoptera consumidos por *C. minor* en nuestro estudio pertenecían a la familia Formicidae (hormigas), que son de cuerpo grande y se reproducen en

grandes enjambres voladores al atardecer y al amanecer (Wheeler 1910), presentando a *C. minor* un medio para capturar eficientemente grandes cantidades de presas. Otros estudios han encontrado Hemiptera en muestras de estómago de *C. minor* (Caccamise 1974) y bolos alimenticios (Knight et al. 2018) en las áreas de reproducción, pero no evaluaron la disponibilidad de presas. En nuestro estudio *C. minor* consumió una variedad de familias dentro del orden Hemiptera: Clastopteridae (chinchas escupidoras), Cydnidae (chinchas excavadoras) y Pentatomidae (chinchas hediondas) en las áreas de reproducción; y Cicadidae (cigarras verdaderas), Delphacidae (saltahojas), Notonectidae (notonectas) y Rhyparochromidae (chinchas de semillas) en las áreas de no reproducción.

Contrariamente a nuestra predicción, encontramos que los Lepidópteros eran menos comunes en las muestras fecales de lo previsto por su disponibilidad en las áreas de reproducción, pero eran mucho más comunes de lo esperado en las áreas de no reproducción. Sugerimos que *C. minor* probablemente capturó Lepidópteros en las áreas de reproducción, pero entregó las presas a sus crías. Dos de los 5 bolos alimenticios que recuperamos contenían Lepidópteros (uno compuesto por un 69% y otro por un 18% de Lepidópteros).

TABLA 1. Número y porcentaje (%) de individuos de cada orden de insectos encontrados en los bolos alimenticios de *C. minor* adultos recolectados durante la temporada de reproducción en Citrus.

Insect order	July 9, 2021 (Female)	June 13, 2022 (Female)	July 26, 2021 (Female)	July 1, 2022 (Female)	July 5, 2022 (Male)
Coleoptera	3 (18.8%)	7 (60.0%)	–	1 (9.1%)	–
Diptera	–	1 (10.0%)	–	3 (27.3%)	–
Hemiptera	1 (6.3%)	1 (10.0%)	–	4 (36.4%)	–
Hymenoptera	–	1 (20.0%)	37 (100%)	1 (9.1%)	155 (100%)
Lepidoptera	11 (68.8%)	–	–	2 (18.2%)	–
Neuroptera	1 (6.3%)	–	–	–	–

Los adultos pueden capturar y almacenar selectivamente Lepidópteros y otras presas ricas en nutrientes al final de sus salidas de forrajeo para entregarlos a sus crías en forma de bolos alimenticios (los adultos pueden optar por no forrajear selectivamente para sí mismos, posiblemente explicando por qué los Lepidópteros no eran comunes en las dietas de los adultos en las áreas de reproducción). Esta interpretación se basa en la suposición de que los adultos varían su selectividad de forrajeo a lo largo de la noche, controlando así qué presas terminan en los bolos alimenticios. Otros estudios también han detectado Lepidópteros en las dietas de los polluelos de *C. minor* (Knight et al. 2018), así como en otras aves insectívoras (Hoenig et al. 2021, Verkuil et al. 2022, Nell et al. 2023). En contraste con nuestra inferencia, observamos que Knight et al. (2018) encontraron que los coleópteros representaban mayores proporciones de las dietas de los polluelos que los lepidópteros en el bosque boreal, lo que puede reflejar una menor abundancia relativa de lepidópteros de cuerpo grande en ese entorno, en lugar de una selección de coleópteros.

La disponibilidad relativa de Coleoptera varió entre las trampas Malaise y UV, lo que llevó a predicciones contradictorias sobre la selección de presas para este orden. Los datos de la trampa Malaise de nuestro estudio sugirieron que *C. minor* consumió más Coleoptera de lo esperado en Citrus, mientras que los datos de la trampa UV sugirieron que los coleópteros se consumieron menos de lo esperado en ambos sitios. Sin embargo, el SES para Coleoptera fue menor en Santa María que en Citrus en ambos modelos, lo que respalda la conclusión de que *C. minor* mostró menos preferencia por Coleoptera en Santa María que en Citrus. La escasez de Coleoptera en las dietas de *C. minor* en Santa María (encontrada en solo 4 de 35 individuos, RRA = 3%) contrastó con las muestras de dieta de otros Atajacaminos (familia Caprimulgidae) en Santa María, donde los coleópteros

representaron el 88% de las presas encontradas en los estómagos y el 32% en las bocas (Fariña et al. en revisión). Las Coleoptera y Lepidoptera contienen algunas de las mayores cantidades de proteína cruda y grasa en relación con el tamaño corporal, pero los coleópteros tienen exoesqueletos quitinosos, mientras que los lepidópteros son fácilmente digeribles (Lease y Wolf 2010, Razeng y Watson 2015).

No pudimos determinar el tamaño de las presas consumidas porque requiere la identificación a nivel de especie (esto estaba más allá de la resolución de nuestros datos de metabarcoding de ADN). Un estudio previo del forrajeo de *C. minor* observó que los individuos no discriminaban entre presas grandes y pequeñas o entre objetivos voladores comestibles y no comestibles (Brigham y Barclay 1995). En lugar de discriminar entre presas en vuelo, inferimos que *C. minor* muestra selección de presas buscando áreas de forrajeo donde las presas preferidas son abundantes. Determinar los efectos del tamaño de las presas en la preferencia es un siguiente paso importante para la investigación sobre la selección de presas por insectívoros aéreos.

Encontramos que las dietas de *C. minor* tenían diversidades de Shannon y Simpson similares dentro de los individuos (D_{α}) y dentro de la población (D_{γ}) entre Citrus y Santa María, a pesar de que las comunidades de insectos en Citrus mostraban diversidades de Shannon y Simpson más altas que en Santa María dentro de las trampas (D_{α}) y dentro del sitio (D_{γ}). Aunque los D_{α} y D_{γ} de Shannon y Simpson eran más altos para las comunidades de insectos de Citrus, la riqueza de la comunidad de presas era mayor en Santa María, mientras que la riqueza de la dieta era similar entre los sitios. En otras palabras, las comunidades de insectos en Santa María contenían más órdenes (mayor riqueza) que las comunidades en Citrus, pero los órdenes estaban presentes en abundancias menos equitativas (menores diversidades de Shannon y Simpson). Aunque *C. minor* tenía acceso a comunidades de presas más ricas en Santa María, no tenían una mayor riqueza de la dieta; de manera similar, las dietas en Citrus no tenían diversidades de Shannon y Simpson más altas que en Santa María, a pesar de que las comunidades de insectos eran más diversas. También encontramos una mayor riqueza y diversidad de la dieta entre individuos (D_{β}) en Citrus que, en Santa María, a pesar de que la variación entre trampas en la diversidad de insectos aéreos era menor en Citrus.

Encontramos alguna evidencia que respalda nuestra segunda predicción de que *C. minor* prefería menos órdenes de presas en las áreas de reproducción que en las áreas de no reproducción. Los modelos de selección de presas mostraron que los individuos en Citrus preferían Hymenoptera y Hemiptera, mientras que los individuos en Santa María preferían Orthoptera, Lepidoptera, Hemiptera y Hymenoptera. Sin embargo, los sesgos de muestreo asociados con las trampas Malaise y UV probablemente enmascararon otros patrones potenciales, particularmente para Coleoptera y Diptera, para los cuales los modelos de selección de presas eran contradictorios dependiendo de qué datos de trampa se utilizaron para construir el modelo nulo. Por ejemplo, las trampas UV solo atraían insectos después del anochecer y, por lo tanto, no lograron muestrear la disponibilidad de presas durante la primera hora de actividad del Añapero Boreal. La efectividad de la captura de luz también depende de la longitud de onda utilizada, ya que los insectos difieren en las longitudes de onda a las que son atraídos, y algunos insectos no muestran fototaxis en absoluto (los bajos niveles de fototaxis pueden explicar la tendencia de las trampas de luz UV a submuestrear Diptera; Kim et al. 2019). Las trampas Malaise, por otro lado, no están limitadas por la hora del día y utilizan un método de muestreo pasivo que intercepta una alta diversidad de insectos voladores (Skvarla et al. 2020). Sin embargo, las trampas Malaise están limitadas por su altura de muestreo, ya que solo interceptan insectos dentro de los 2 m del suelo, y tienden a submuestrear Coleoptera (que caen al suelo en lugar de subir a la botella de recolección; Montgomery et al. 2021).

Evaluación de la Composición y Diversidad de la Dieta

El análisis de la composición de la dieta utilizando tanto FOO como RRA llevó a conclusiones similares sobre la prominencia de los órdenes de presas: en general, los órdenes con el FOO más alto también tenían el RRA más alto. Solo Orthoptera en Santa María varió entre las dos métricas (Orthoptera fue el cuarto orden consumido con mayor frecuencia, pero representó el sexto RRA más alto). Estos resultados respaldan otros estudios recientes que encontraron fuertes correlaciones entre FOO y RRA en muestras fecales de insectívoros (Wray et al. 2020, Verkuil et al. 2022). Aunque los datos cuantitativos obtenidos del metabarcoding de ADN se ven afectados por sesgos de cebadores y diferencias en la digestión de las presas y la profundidad de secuenciación (Alberdi et al. 2019, Jusino et al. 2019), algunos estudios han validado el uso de RRA para cuantificar la biomasa de invertebrados cuando se utilizan cebadores apropiados (Elbrecht y Leese 2015, Piñol et al. 2019, Verkuil et al. 2022). Nuestro modelo de selección de presas utilizó la longitud del cuerpo de los insectos como un proxy de la biomasa en las estimaciones de la disponibilidad de presas, lo que se traduce más fácilmente a RRA que a FOO en las estimaciones de la composición de la dieta (Cuff et al. 2024).

Ya sea que se utilice RRA o FOO para evaluar la riqueza y diversidad de la dieta, es importante estandarizar los datos en función de la profundidad de secuenciación (el número de lecturas de ADN por muestra) y la integridad de la muestra (el porcentaje estimado de la verdadera diversidad de la comunidad capturada en el muestreo; McMurdie y Holmes 2014, Chao et al. 2020, Roswell et al. 2021). En nuestro estudio, los recuentos brutos de riqueza de órdenes a nivel D_α implicaban que las dietas de *C. minor* en Santa María eran al menos dos veces más ricas que las dietas en Citrus. Sin embargo, una vez que se estandarizaron las estimaciones, no se observaron diferencias estadísticas. Del mismo modo, la riqueza y diversidad de la comunidad de insectos aéreos estimadas con trampas Malaise y UV se estandarizaron para garantizar una integridad uniforme de la muestra: la integridad de la muestra era menor en Citrus; por lo tanto, las estimaciones se enrarecieron en Santa María con un método que redujo las extrapolaciones. También encontramos que los métodos basados en la abundancia superaron a los métodos basados en la incidencia en términos de integridad de la muestra de la dieta y las muestras de la comunidad de insectos y, en algunos casos, produjeron IC más pequeños para las estimaciones de D_γ .

Conclusión

En general, nuestros resultados no respaldan investigaciones previas que muestran que los insectívoros aéreos ajustan la selectividad de presas para adaptarse a las diferencias en las necesidades energéticas o la disponibilidad de presas, como predice la teoría del forrajeo óptimo. La discrepancia entre nuestro estudio y la investigación previa sobre insectívoros aéreos puede explicarse por las diferencias en los requisitos de presas entre *C. minor* (un ave de cuerpo grande para la cual el forrajeo se restringe al crepúsculo y al amanecer) y las aves pequeñas que forrajean durante todo el día, como las golondrinas y los vencejos. También observamos que nuestro sitio de reproducción estaba en una latitud más baja que los sitios de reproducción en otros estudios de *C. minor*. Las latitudes bajas tienen períodos crepusculares más cortos que las latitudes altas y, por lo tanto, pueden proporcionar a *C. minor* períodos de forrajeo más cortos. Los períodos de forrajeo cortos pueden restringir la selectividad de presas si el aumento asociado en el tiempo de búsqueda de presas significa que los Añapero Boreal no pueden satisfacer sus necesidades energéticas. Nuestros hallazgos sugieren que *C. minor* carece de flexibilidad en la dieta en las latitudes estudiadas y, por lo tanto, podría ser más vulnerable a los cambios en la abundancia y composición de las presas que otros insectívoros aéreos, o incluso las poblaciones de *C. minor* que se reproducen en latitudes

más altas. Este estudio se restringió a un sitio de reproducción y un sitio de no reproducción, y la aplicación de nuestras interpretaciones a *C. minor* en otras áreas debe hacerse con precaución.

Si las aves migratorias son particularmente vulnerables a los cambios en las comunidades de presas durante la temporada de reproducción, cuando las necesidades energéticas son altas, entonces la disminución de las presas preferidas durante la reproducción puede disminuir la condición corporal, la supervivencia, la productividad y la condición y supervivencia de las crías. Los estudios futuros deberían examinar si los cambios en las comunidades de presas tienen tales efectos y si estos efectos son más pronunciados en las aves reproductoras que en las no reproductoras. Además, recomendamos que los estudios futuros examinen la selección de presas por parte de *C. minor* y otros insectívoros aéreos durante la migración para determinar su vulnerabilidad a los cambios en las comunidades de insectos durante este período de gran consumo de energía.

Material complementario

El material complementario está disponible en Ornitología en línea.

Agradecimientos

Quisiéramos agradecer a las numerosas entidades que apoyaron este proyecto en Argentina y Estados Unidos. Varios técnicos de campo y estudiantes en prácticas (Sarah Lloyd, Dane Shackelford, Grace Rosseau, Laura Porter, Henry Gasperecz y Leigh Ann LaFrance) contribuyeron a la recolección de muestras en Estados Unidos. Bernardo Holman ayudó a gestionar los permisos de investigación y las pautas para la transferencia de especímenes de insectos obtenidos en la provincia de Corrientes. Lisandro Cardinale y Helen Pargeter colaboraron en el trabajo de campo en Argentina. La Dra. Cecilia Kopuchian y el Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” prestaron la trampa Malaise utilizada para muestrear insectos en Argentina. Carlos Climent y el Centro de Capacitación Forestal de Withlacoochee proporcionaron alojamiento e instalaciones en Estados Unidos. Jon Hoch, del Servicio Forestal de Florida, proporcionó mapas y orientación sobre los lugares de muestreo en el Área de Manejo de Vida Silvestre de Citrus. Los vehículos y el alojamiento para el trabajo de campo en Argentina fueron proporcionados por la Reserva Natural Rincón de Santa María.

Declaración de Financiamiento

La financiación fue proporcionada por la Fundación Gilbert en la Universidad Estatal de Louisiana, el Premio de Investigación de Ayuda Covid de la Sociedad Ornitológica Americana, la Subvención de Micro-Escala del eDNA Collaborative, el Premio de Investigación Cruickshank de la Sociedad Ornitológica de Florida, la Subvención de Investigación de Posgrado de Phi Kappa Phi, las Subvenciones de Ayuda a la Investigación de Sigma Xi's, la Subvención de Investigación de la Sociedad Ornitológica Wilson, y Environment and Climate Change Canada (otorgada al Centro de Investigaciones del Bosque Atlántico para el Proyecto Atajacaminos).

Declaración de Ética

Se obtuvo un permiso federal de anillamiento de aves del Servicio Geológico de los Estados Unidos (permiso n.º 22648). Los permisos para capturar *C. minor* y muestrear insectos en Florida fueron proporcionados por el Servicio Forestal de Florida (LOA n.º 2022-01-003) y la Comisión de Conservación de Pesca y Vida Silvestre de Florida (permiso n.º LSSC-21-00020). En Argentina, la captura de *C. minor* y el muestreo de insectos se realizaron en la Reserva Natural Rincón de Santa María con permisos y acceso al sitio de campo proporcionados por la Dirección de Parques y Reservas de la Provincia de Corrientes y la Entidad Binacional Yacypetá. Los permisos de exportación

e importación para muestras fecales de *C. minor* y productos de PCR de insectos se obtuvieron de la República Argentina (permiso n.º IF-2021-125981324-APN-DNBI#MAD), el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (permiso n.º 147538) y el Servicio de Pesca y Vida Silvestre de los Estados Unidos (permiso n.º MB27257C). El manejo de *C. minor* siguió el protocolo número A2021-03 del Comité Institucional de Cuidado y Uso de Animales del AgCenter de la Universidad Estatal de Louisiana.

Declaración de Conflicto de Intereses

Los autores no declaran ningún conflicto de intereses.

Contribuciones de los Autores

E.D.S., K.L.C., N.F., O.V. y S.S.T. concibieron la idea, y J.A.C. y G.E.Z. contribuyeron adicionalmente a la formulación de las preguntas e hipótesis de investigación. E.D.S., K.L.C., N.F., O.V., S.S.T., J.A.C., G.E.Z. y A.M.S. contribuyeron al diseño del estudio y al desarrollo de los métodos de campo y laboratorio. E.D.S., N.F., O.V. y G.E.Z. recopilaron datos. S.S.T. y D.B. aportaron espacio de laboratorio, materiales y recursos. E.D.S. analizó los datos y escribió el artículo, y todos los autores contribuyeron a la edición del artículo.

LITERATURE CITED

- Agosta, S. J., D. Morton, and K. M. Kuhn (2003). Feeding ecology of the bat *Eptesicus fuscus*: “Preferred” prey abundance as one factor influencing prey selection and diet breadth. *Journal of Zoology* 260:169–177.
- Alberdi, A., O. Aizpurua, K. Bohmann, S. Gopalakrishnan, C. Lynggaard, M. Nielsen, and M. T. P. Gilbert (2019). Promises and pitfalls of using high-throughput sequencing for diet analysis. *Molecular Ecology Resources* 19:327–348.
- Alberdi, A., O. Aizpurua, M. T. P. Gilbert, and K. Bohmann (2017). Scrutinizing key steps for reliable metabarcoding of environmental samples. *Methods in Ecology and Evolution* 9:134–147.
- Barta, Z., J. M. McNamara, A. I. Houston, T. P. Weber, A. Hedenström, and O. Feró (2008). Optimal moult strategies in migratory birds. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 363:211–229.
- Bauni, V., F. Schivo, V. Capmourteres, and M. Homberg (2015). Ecosystem loss assessment following hydroelectric dam flooding: The case of Yacyretá, Argentina. *Remote Sensing Applications: Society and Environment* 1:50–60.
- Bolyen, E., J. R. Rideout, M. R. Dillon, N. A. Bokulich, C. C. Abnet, G. A. Al-Ghalith, H. Alexander, E. J. Alm, M. Arumugam, F. Asnicar, Y. Bai, et al (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology* 37:852–857.
- Brigham, R. M (1990). Prey selection by big brown bats (*Eptesicus fuscus*) and Common Nighthawks (*Chordeiles minor*). *American Midland Naturalist* 124:73–80.
- Brigham, R. M. and R. M. Barclay (1995). Prey detection by Common Nighthawks: Does vision impose a constraint? *Ecoscience* 2:276279.
- Brigham, R. M., and M. B. Fenton (1991). Convergence in foraging strategies by two morphologically and phylogenetically distinct nocturnal aerial insectivores. *Journal of Zoology* 223:475–489.
- Brigham, R. M., J. W. Ng, R. G. Poulin, and S. D. Grindal (2020). Common Nighthawk (*Chordeiles minor*), version 1.0. In *Birds of the World* (A. F. Poole, Editor). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. <https://doi.org/10.2173/bow.comnig.01>

- Caccamise, D. F (1974). Competitive relationships of the Common and Lesser Nighthawks. *The Condor* 76:1–20.
- Callahan, B. J., P. J. McMurdie, M. J. Rosen, A. W. Han, A. J. A. Johnson, and S. P. Holmes (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods* 13:581–583.
- Chao, A., C.-H. Chiu, S.-H. Wu, C.-L. Huang, and Y.-C. Lin (2019). Comparing two classes of alpha diversities and their corresponding beta and (dis)similarity measures, with an application to the Formosan sika deer *Cervus nippon taiouanus* reintroduction programme. *Methods in Ecology and Evolution* 10:1286–1297.
- Chao, A., Y. Kubota, D. Zelený, C.-H. Chiu, C.-F. Li, B. Kusumoto, M. Yasuhara, S. Thorn, C.-L. Wei, M. J. Costello, and R. K. Colwell (2020). Quantifying sample completeness and comparing diversities among assemblages. *Ecological Research* 35:292–314.
- Chao, A., S. Thorn, C.-H. Chiu, F. Moyes, K.-H. Hu, R. L. Chazdon, J. Wu, L. F. S. Magnago, M. Dornelas, D. Zelený, R. K. Colwell, and A. E. Magurran (2023). Rarefaction and extrapolation with beta diversity under a framework of Hill numbers: The iNEXT.beta3D standardization. *Ecological Monographs* 93:e1588.
- Clavel, J., R. Julliard, and V. Devictor (2011). Worldwide decline of specialist species: Toward a global functional homogenization? *Frontiers in Ecology and the Environment* 9:222–228.
- Cockle, K. L., O. Villalba, N. Fariña, A. Bodrati, L. G. Pagano, E. D. Stein, and A. R. Norris (2023). Non-breeding ecology of a Neotropical–Nearctic migrant, the Common Nighthawk (*Chordeiles minor*): Habitat, activity patterns, molt, and migration. *Journal of Field Ornithology* 94:8.
- Crowley, P. H., S. M. Ehlman, E. Korn, and A. Sih (2016). Dealing with stochastic environmental variation in space and time: bet hedging by generalist, specialist, and diversified strategies. *Theoretical Ecology* 9:149–161.
- Cucco, M., and G. Malacarne (1995). Increase of parental effort in experimentally enlarged broods of Pallid Swifts. *Canadian Journal of Zoology* 73:1387–1395.
- Cuff, J. P., M. P. Tercel, F. M. Windsor, B. S. Hawthorne, P. A. Hambäck, J. R. Bell, W. O. Symondson, and I. P. Vaughan (2024). Sources of prey availability data alter interpretation of outputs from prey choice null networks. *Ecological Entomology* 2024:1–15.
- Cuff, J. P., F. M. Windsor, M. P. T. G. Tercel, J. J. N. Kitson, and D. M. Evans (2022). Overcoming the pitfalls of merging dietary metabarcoding into ecological networks. *Methods in Ecology and Evolution* 13:545–559.
- Deagle, B. E., A. C. Thomas, J. C. McInnes, L. J. Clarke, E. J. Vesterinen, E. L. Clare, T. R. Kartzinell, and J. P. Eveson (2019). Counting with DNA in metabarcoding studies: How should we convert sequence reads to dietary data? *Molecular Ecology* 28:391–406.
- eBird (2024). eBird: An online database of bird distribution and abundance. eBird, Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. <http://www.ebird.org>.
- Elbrecht, V., and F. Leese (2015). Can DNA-based ecosystem assessments quantify species abundance? Testing primer bias and biomass—sequence relationships with an innovative metabarcoding protocol. *PLoS One* 10:e0130324.
- Evens, R., G. Conway, K. Franklin, I. Henderson, J. Stockdale, N. Beenaerts, K. Smeets, T. Neyens, E. Ulenaers, and T. Artois (2020). DNA diet profiles with high-resolution animal tracking data reveal levels of prey selection relative to habitat choice in a crepuscular insectivorous bird. *Ecology and Evolution* 00:1–13.
- Geary, B., P. L. Leberg, K. M. Purcell, S. T. Walter, and J. Karubian (2020). Breeding Brown Pelicans improve foraging performance as energetic needs rise. *Scientific Reports* 10:1686.
- Gotelli, N. J., and D. J. McCabe (2002). Species co-occurrence: A meta-analysis of J. M. Diamond's assembly rules model. *Ecology* 83:2091–2096.

- van Grunsven, R. H. A., M. Donners, K. Boeke, I. Tichelaar, K. G. van Geffen, D. Groenendijk, F. Berendse, and E. M. Veenendaal (2014). Spectral composition of light sources and insect phototaxis, with an evaluation of existing spectral response models. *Journal of Insect Conservation* 18:225–231.
- Hernández-Pliego, J., C. Rodríguez, and J. Bustamante (2017). A few long versus many short foraging trips: Different foraging strategies of lesser kestrel sexes during breeding. *Movement Ecology* 5:1–16.
- Hill, M. O (1973). Diversity and evenness: A unifying notation and its consequences. *Ecology* 54:427–432.
- Hoenig, B. D., B. K. Trevelline, T. Nuttle, and B. A. Porter (2021). Dietary DNA metabarcoding reveals seasonal trophic changes among three syntopic freshwater trout species. *Freshwater Biology* 66:509–523.
- Illumina (2013). 16S Metagenomic sequencing library preparation. https://www.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16smetagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf
- Jenkins, J., and R. Jackman (1994). Field experiments in prey selection by resident bald-eagles in the breeding and nonbreeding season. *Journal of Field Ornithology* 65:441–446.
- Jost, L (2006). Entropy and diversity. *Oikos* 113:363–375.
- Jusino, M. A., M. T. Banik, J. M. Palmer, A. K. Wray, L. Xiao, E. Pelton, J. R. Barber, A. Y. Kawahara, C. Gratton, M. Z. Peery, and D. L.
- Lindner (2019). An improved method for utilizing high-throughput amplicon sequencing to determine the diets of insectivorous animals. *Molecular Ecology Resources* 19:176–190.
- Kelly, J. F., E. S. Bridge, W. F. Frick, and P. B. Chilson (2013). Ecological energetics of an abundant aerial insectivore, the Purple Martin. *PLoS One* 8:e76616.
- Kim, K., Q. Huang, and C. Lei (2019). Advances in insect phototaxis and application to pest management: a review. *Pest Management Science* 75:3135–3143.
- Knight, E. C., J. W. Ng, C. E. Mader, R. M. Brigham, and E. M. Bayne (2018). “An inordinate fondness for beetles”: First description of Common Nighthawk (*Chordeiles minor*) diet in the boreal biome. *The Wilson Journal of Ornithology* 130:525–531.
- Lease, H. M., and B. O. Wolf (2010). Exoskeletal chitin scales isometrically with body size in terrestrial insects. *Journal of Morphology* 271:759–768.
- Leray, M., and N. Knowlton (2017). Random sampling causes the low reproducibility of rare eukaryotic OTUs in Illumina COI metabarcoding. *PeerJ* 5:e3006.
- Levin, E., Y. Yom-Tov, and A. Barnea (2009). Frequent summer nuptial flights of ants provide a primary food source for bats. *Naturwissenschaften* 96:477–483.
- Martin, M (2011). Cutadapt removes adapter sequences from highthroughput sequencing reads. *EMBnet.journal* 17:10–12.
- McClenaghan, B., E. Nol, and K. C. R. Kerr (2019). DNA metabarcoding reveals the broad and flexible diet of a declining aerial insectivore.
- The Auk: Ornithological Advances 136:uky003.
- McKinney, M. L (1997). Extinction vulnerability and selectivity: Combining ecological and paleontological views. *Annual Review of Ecology and Systematics* 28:495–516.
- McMurdie, P. J., and S. Holmes (2014). Waste not, want not: Why rarefying microbiome data is inadmissible. *PLoS Computational Biology* 10:e1003531.
- Mitchell, L. J., G. J. Horsburgh, D. A. Dawson, K. H. Maher, and K. E. Arnold (2022). Metabarcoding reveals selective dietary responses to environmental availability in the diet of a nocturnal, aerial insectivore, the European Nightjar (*Caprimulgus europaeus*). *Ibis* 164:60–73.
- Montgomery, G. A., M. W. Belitz, R. P. Guralnick, and M. W. Tingley (2021). Standards and best practices for monitoring and benchmarking insects. *Frontiers in Ecology and Evolution* 8:579193.

- Naef-Daenzer, L., B. Naef-Daenzer, and R. G. Nager (2000). Prey selection and foraging performance of breeding Great Tits *Parus major* in relation to food availability. *Journal of Avian Biology* 31:206–214.
- Nell, C., R. Pratt, J. Burger, K. Preston, K. Treseder, D. Kamada, K. Moore, and K. Mooney (2023). Consequences of arthropod community structure for an at-risk insectivorous bird. *PLoS One* 18:e0281081.
- O'Rourke, D. R., N. A. Bokulich, M. A. Jusino, M. D. MacManes, J. T. Foster (2020). A total crapshoot? Evaluating bioinformatic decisions in animal diet metabarcoding analyses. *Ecology and Evolution* 00: 1– 19.
- Piñol, J., M. A. Senar, and W. O. C. Symondson (2019). The choice of universal primers and the characteristics of the species mixture determine when DNA metabarcoding can be quantitative. *Molecular Ecology* 28:407–419.
- Pyke, G. H (1984). Optimal foraging theory: A critical review. *Annual Review of Ecology and Systematics* 15:523–575.
- R Core Team (2023). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Razeng, E., and D. M. Watson (2015). Nutritional composition of the preferred prey of insectivorous birds: Popularity reflects quality. *Journal of Avian Biology* 46:89–96.
- Robeson II, M. E., D. R. O'Rourke, B. D. Kaehler, M. Ziemski, M. R. Dillon, J. T. Foster, N. A Bokulich (2020). RESCRIPT: Reproducible sequence taxonomy reference database management for the masses. *bioRxiv* 10.05.326504.
- Roswell, M., J. Dushoff, and R. Winfree (2021). A conceptual guide to measuring species diversity. *Oikos* 130:321–338.
- Sauer, J. R., W. A. Link, and J. E. Hines (2020). The North American Breeding Bird Survey, Analysis Results 1966–2019: U.S. Geological Survey Data Release.
- Sauer, J. R., D. K. Niven, J. E. Hines, J. Ziolkowski, K. L. Pardieck, J. E. Fallon, and W. A. Link (2017). The North American Breeding Bird Survey, Results And analysis 1966–2015. USGS Patuxent Wildlife Research Center, Laurel, MD, USA. Schifferli, L., M. U. Gruebler, H. A. Meijer, G. H. Visser, and B. Naef
- Daenzer (2014). Barn Swallow *Hirundo rustica* parents work harder when foraging conditions are good. *Ibis* 156:777–787.
- Shannon, C. E (1948). A mathematical theory of communication. *The Bell System Technical Journal* 27:379–423.
- Shepard, R. N (1962). The analysis of proximities: Multidimensional scaling with an unknown distance function. *Psychometrika* 27:125–140.
- Shepard, R. N (1980). Multidimensional scaling, tree-fitting, and clustering. *Science* 210:390–398.
- Simpson, E. H (1949). Measurement of diversity. *Nature* 163(4148):688–688.
- Skvarla, M. J., J. L. Larson, J. R. Fisher, A. P. G. Dowling, and G. V. P. Reddy (2020). A review of terrestrial and canopy malaise traps. *Annals of the Entomological Society of America* 114:27–47.
- Snider, A. M., A. Bonisoli-Alquati, A. A. Pérez-Umphrey, P. C. Stouffer, and S. S. Taylor (2022). Metabarcoding of stomach contents and fecal samples provide similar insights about Seaside Sparrow diet. *Ornithological Applications* 124:duab060.
- Somveille, M., A. S. L. Rodrigues, and A. Manica (2018). Energy efficiency drives the global seasonal distribution of birds. *Nature Ecology & Evolution* 2:962–969.
- Souza-Cole, I., M. P. Ward, R. L. Mau, J. T. Foster, and T. J. Benson (2022). Eastern Whip-poor-will abundance declines with urban land cover and increases with moth abundance in the American Midwest. *Ornithological Applications* 124:duac032.
- Spiller, K. J., and R. Dettmers (2019). Evidence for multiple drivers of aerial insectivore declines in North America. *The Condor: Ornithological Applications* 121:duz010.

- Stein, E. D., N. Fariña, O. Villalba, K. L. Cockle, G. E. Zubarán, A. M. Snider, D. Baldo, J. A. Cox, S. S. Taylor (2024). Data from: Prey selection by *Chordeiles minor* (Common Nighthawk) does not reflect differences in prey availability between breeding and nonbreeding grounds. *Ornithology* 142: ukae054. <https://doi.org/10.5061/dryad.q83bk3jsg> [Dataset].
- Todd, D. L., R. G. Poulin, and R. M. Brigham (1998). Diet of Common Nighthawks (*Chordeiles minor*: Caprimulgidae) relative to prey abundance. *The American Midland Naturalist* 139:20–28.
- Tornberg, R. (1997). Prey selection of the Goshawk *Accipiter gentilis* during the breeding season: The role of prey profitability and vulnerability. *Ornis Fennica* 74:15–28.
- Trevelline, B. K., T. Nuttle, B. D. Hoenig, N. L. Brouwer, B. A. Porter, and S. C. Latta (2018). DNA metabarcoding of nestling feces reveals provisioning of aquatic prey and resource partitioning among Neotropical migratory songbirds in a riparian habitat. *Oecologia* 187:85–98.
- Vaughan, I. P., N. J. Gotelli, J. Memmott, C. E. Pearson, G. Woodward, and W. O. C. Symondson (2018). econulnetr: An r package using null models to analyse the structure of ecological networks and identify resource selection. *Methods in Ecology and Evolution* 9:728–733.
- Verkuil, Y. I., M. Nicolaus, R. Ubels, M. W. Dietz, J. M. Samplonius, A. Galema, K. Kiekebos, P. de Knijff, and C. Both (2022). DNA metabarcoding quantifies the relative biomass of arthropod taxa in songbird diets: Validation with camera-recorded diets. *Ecology and Evolution* 12:e8881.
- Vo, A. E., and J. A. Jedlicka (2014). Protocols for metagenomic DNA extraction and Illumina amplicon library preparation for faecal and swab samples. *Molecular Ecology Resources* 14:1183–1197.
- Wheeler, W. M (1910). *Ants: Their Structure, Development and Behavior*. Columbia University Press, New York, NY, USA.
- Wray, A. K., M. Z. Peery, M. A. Jusino, J. M. Kochanski, M. T. Banik, J. M. Palmer, D. L. Lindner, and C. Gratton (2020). Predator preferences shape the diets of arthropodivorous bats more than quantitative local prey abundance. *Molecular Ecology* 30:855–873.

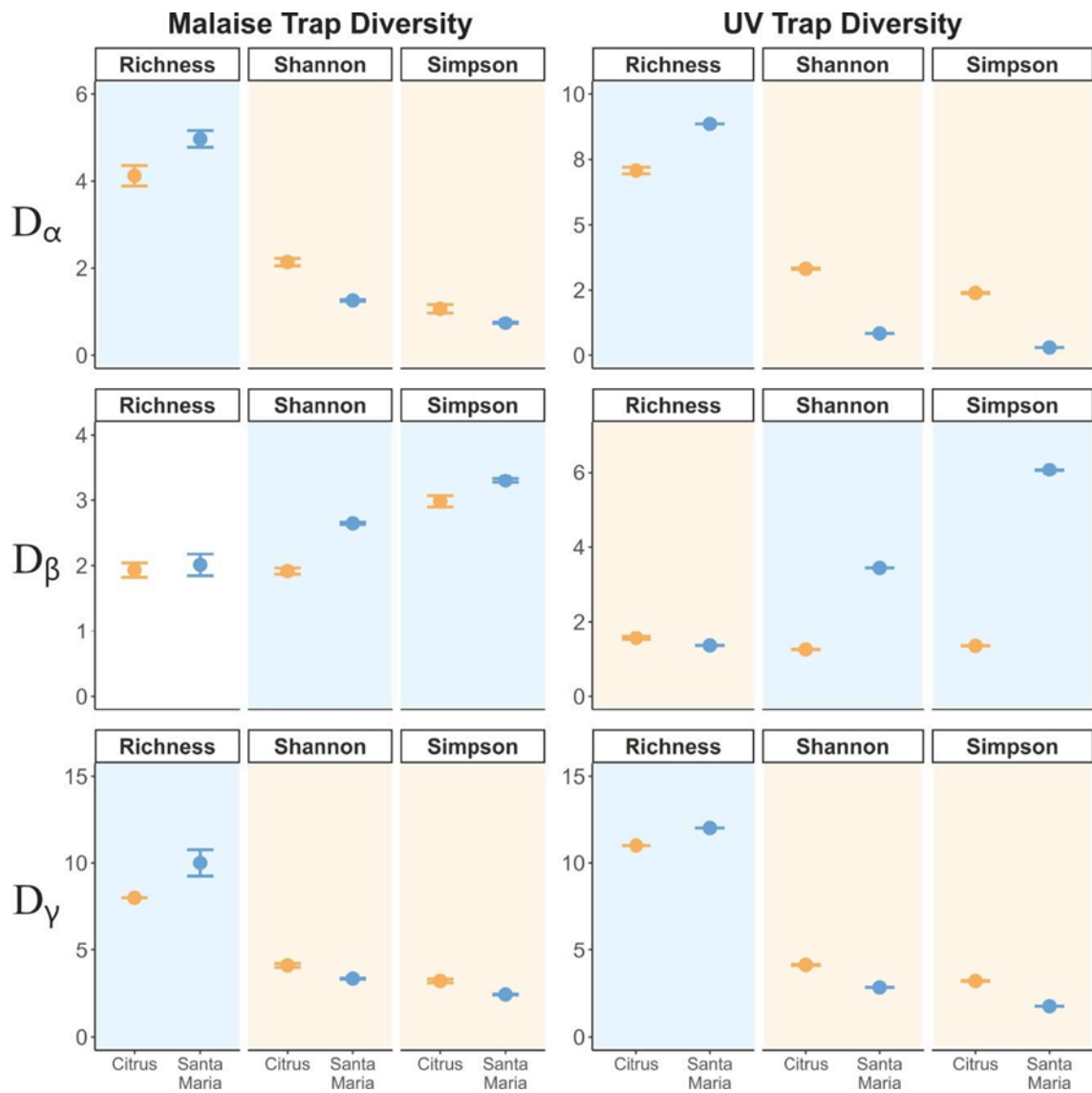


FIGURA 1. Estimaciones de Hill (con IC del 95%) para la diversidad de Shannon y Simpson a nivel alfa (D_α) y gamma (D_γ) fueron significativamente mayores en Citrus que en Santa María, pero las estimaciones a nivel beta (D_β) fueron mayores en Santa María. Por el contrario, las estimaciones de riqueza a los niveles D_α y D_γ fueron mayores en Santa María que en Citrus, mientras que las estimaciones de riqueza a nivel D_β fueron mayores en Citrus. El color de fondo del gráfico indica el sitio con el valor de diversidad significativamente mayor (naranja = Citrus, azul = Santa María). Tenga en cuenta que las escalas del eje y difieren entre los gráficos.

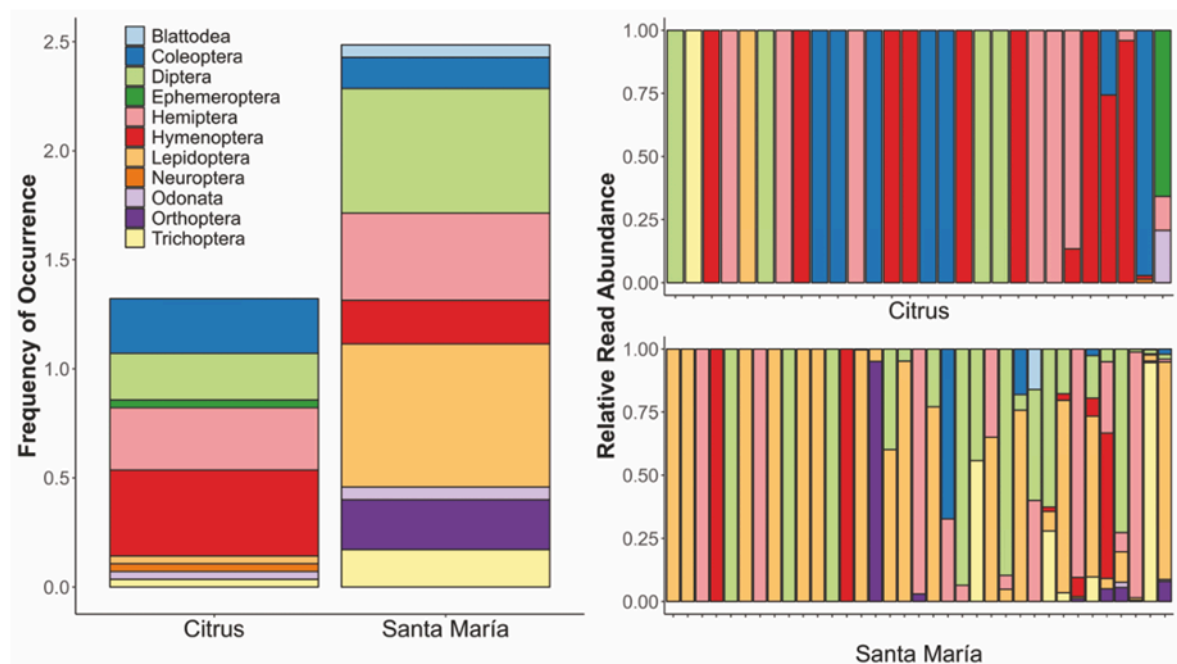


FIGURA 2. Frecuencias de ocurrencia (izquierda) y ARR (derecha) para los órdenes de insectos detectados en las muestras fecales de *C. minor* difirieron entre Citrus ($n = 28$) y Santa María ($n = 35$). La FOO se calculó para toda la población (las sumas son >1 porque algunos órdenes se detectaron en múltiples muestras fecales). Para RRA, las barras representan muestras fecales individuales; el número de órdenes detectados en cada muestra aumenta de izquierda a derecha.

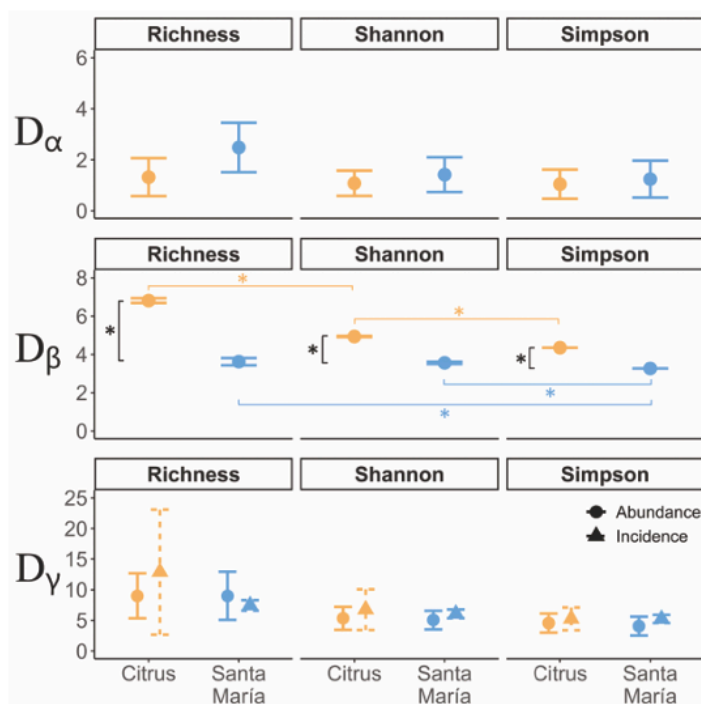


FIGURA 3. Los números de Hill para las muestras fecales de *C. minor* difieren a nivel beta (D_β) entre Citrus (naranja; $n = 28$) y Santa María (azul; $n = 35$), y entre las diversidades de riqueza, Shannon y Simpson a nivel (D_β). Las diversidades no difirieron a nivel alfa (D_α) o gamma (D_γ). Las barras de error muestran IC del 95%; los corchetes negros con asteriscos denotan diferencias significativas entre sitios; y los corchetes de colores con asteriscos denotan diferencias significativas entre los tipos de diversidad. Los círculos con líneas continuas indican que D_γ se calculó utilizando datos basados en la abundancia (RRA), mientras que los triángulos con líneas discontinuas indican que D_γ se calculó utilizando datos basados en la incidencia (FOO).

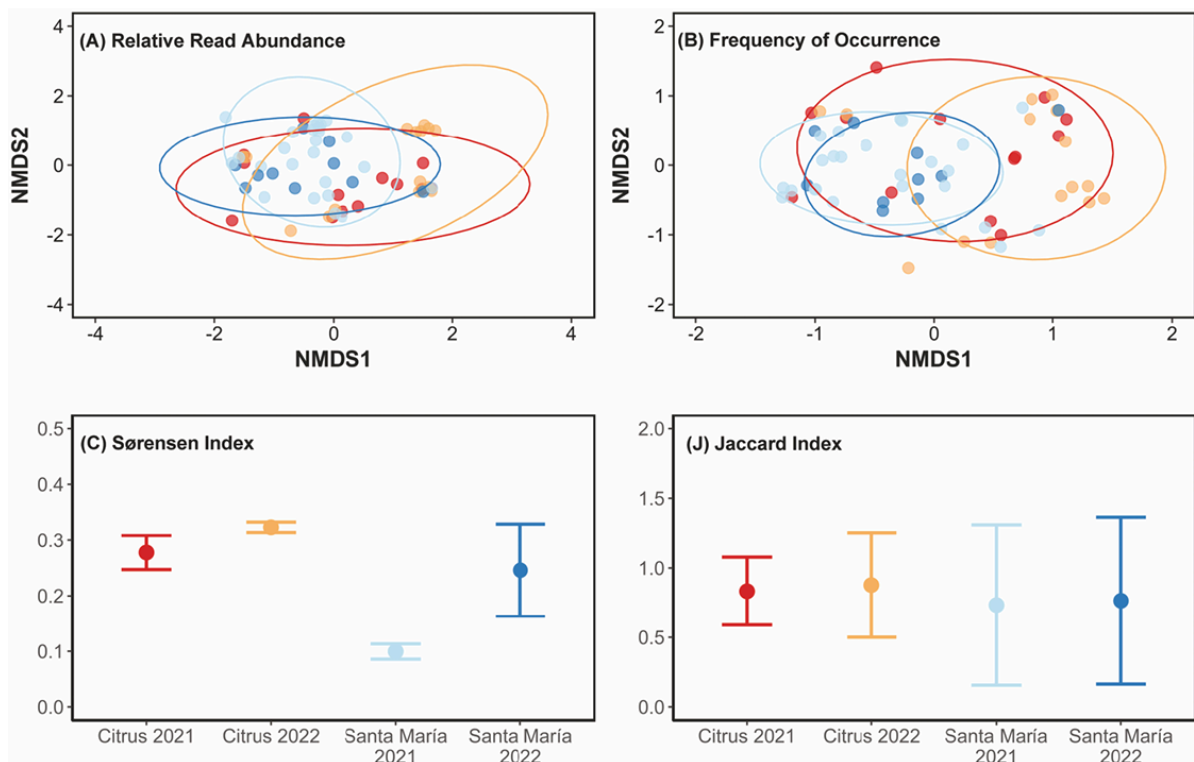


FIGURA 4. Similitudes en la dieta a través de sitios y años. Arriba: Ordenación de la dieta basada en escalamiento multidimensional no métrico, calculado usando (A) RRA y (B) FOO. Los puntos son muestras únicas (algunos puntos muy similares se superponen), y las elipses proporcionan niveles de confianza del 95% para las ordenaciones. Los ejes proporcionan escalas para la similitud ordenada por rango entre los puntos. Abajo: Índices de similitud de Sørensen y (D) Jaccard para la riqueza de la dieta entre muestras dentro de cada sitio y año. Los puntos representan medias de 50 réplicas bootstrap, y las barras de error representan IC del 95%. Rojo = Citrus 2021 (n = 13), naranja = Citrus 2022 (n = 15), azul claro = Santa María 2021 (n = 25), azul oscuro = Santa María 2022 (n = 10).

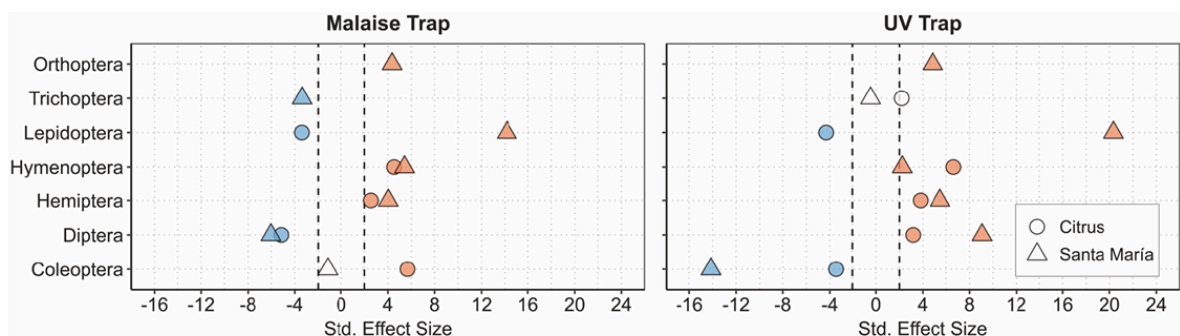


FIGURA 5. SES de la abundancia relativa de insectos detectados en muestras fecales de *C. minor* en comparación con la abundancia relativa esperada basada en muestras de insectos recolectadas utilizando trampas Malaise (izquierda) y trampas UV (derecha). Los puntos rojos y azules indican un valor observado que cae por encima (rojo) o por debajo (azul) del IC del 95% de la expectativa bajo el modelo nulo, mientras que los puntos blancos caen dentro del IC del 95%. Los puntos con SES > |2| (líneas discontinuas) tienen un tamaño del efecto significativamente diferente de 0