Revista de Zoología. 41: 32-49. 2026.

Variación longitudinal de la diversidad taxonómica y funcional de los ensambles de aves en un corredor ribereño Pampeano altamente transformado

Longitudinal variation in the taxonomic and functional diversity of bird assemblages along a highly transformed Pampean riparian corridor

Pablo G. Rimoldi, Julia Gastaudo

Dirección: Centro de Estudios Ambientales en Veterinaria (CEAV) y Cátedra de Biología y Ecología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Boulevard Ovidio Lagos y Ruta Nacional 33, S2170 Casilda, Santa Fe, Argentina. Pablo G. Rimoldi (autor de correspondencia): rimoldipablo@fcv.unr.edu.ar; teléfono móvil: +54 9 3464 500359; ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3717-7649.

RESUMEN

Los corredores ribereños pueden concentrar biodiversidad en paisajes agrícolas transformados, pero los cambios en riqueza no siempre reflejan cambios equivalentes en la estructura funcional. Evaluamos la reorganización taxonómica y funcional de los ensambles de aves a lo largo del Arroyo Canal Candelaria (ACC, ~42 km, sur de Santa Fe, Argentina), mediante conteos por puntos en seis sitios longitudinales, entre invierno de 2024 y otoño de 2025 (24 muestras; 1.236 individuos detectados, 95 especies). La riqueza aumentó significativamente hacia los sectores inferiores, con evidencia más débil para la diversidad de especies comunes y dominantes. La composición taxonómica mostró señal longitudinal significativa tras controlar la estación, y la diversidad beta combinó reemplazo de especies con diferencias de riqueza y abundancia. La riqueza funcional también aumentó, sin tendencias equivalentes en dispersión funcional. La disimilitud taxonómica aumentó con la separación longitudinal, pero no la diferenciación funcional. Los resultados son consistentes con un desacoplamiento parcial entre respuestas taxonómica y funcional, y resaltan la necesidad de considerar la diversidad beta y múltiples facetas de biodiversidad al valorar ambientes ribereños en matrices agrícolas.

Palabras clave: aves; diversidad beta; diversidad funcional; ecología ribereña; región pampeana; rasgos funcionales.

ABSTRACT

Riparian corridors can concentrate biodiversity within transformed agricultural landscapes, but changes in species richness do not necessarily mirror equivalent changes in functional structure. We assessed the longitudinal taxonomic and functional reorganization of bird assemblages along the Arroyo Canal Candelaria (ACC, ~42 km, southern Santa Fe, Argentina), using point counts at six longitudinal sites, between winter 2024 and autumn 2025 (24 samples; 1,236 individuals detected, 95 species). Species richness increased significantly toward the lower reaches, with weaker evidence for the diversity of common and dominant species. Taxonomic composition showed a significant longitudinal signal after accounting for season, and beta diversity combined species replacement with differences in richness and abundance. Functional richness also increased, without equivalent trends in functional dispersion. Taxonomic dissimilarity increased with longitudinal separation, but functional differentiation did not. These results are consistent with a partial decoupling between taxonomic and functional responses, and highlight the need to consider beta diversity and multiple facets of biodiversity when assessing riparian environments within agricultural matrices.

Key words: birds; beta diversity; functional diversity; riparian ecology; Pampean region; functional traits.

INTRODUCCIÓN

La intensificación agrícola y la expansión urbana han transformado extensas áreas de los paisajes templados, simplificando la estructura del hábitat y modificando la composición de las comunidades biológicas. En este contexto, los elementos seminaturales remanentes pueden adquirir una importancia desproporcionada para la conservación al aportar heterogeneidad y recursos dentro de matrices dominadas por usos productivos. Los ambientes ribereños constituyen uno de estos elementos: además de su función hidrológica, pueden sostener comunidades terrestres y acuáticas, incrementar la heterogeneidad local y aportar hábitat dentro de paisajes fuertemente modificados. Una síntesis global reciente mostró que las franjas de amortiguación ribereña con cobertura arbórea mantienen mayor biodiversidad animal que riberas convertidas en paisajes humanizados, particularmente en contextos agrícolas, aunque la magnitud del efecto depende del taxón y del bioma (Dala-Corte y col., 2026).

La evaluación de estas estructuras mediante riqueza específica, sin embargo, describe sólo una dimensión de la respuesta comunitaria. Dos comunidades con números semejantes de especies pueden diferir marcadamente en identidad taxonómica, abundancias relativas o estrategias ecológicas; inversamente, un recambio taxonómico importante puede ocurrir sin una modificación proporcional de la estructura funcional si las especies que se reemplazan poseen rasgos similares. La integración de diversidad taxonómica y funcional permite, por tanto, distinguir cambios en el número e identidad de especies de cambios en el espacio de rasgos ocupado por la comunidad (Villéger y col., 2008; Laliberté y Legendre, 2010).

La diversidad beta aporta una perspectiva adicional porque permite evaluar cómo se reorganiza la composición entre localidades. En datos de presencia-ausencia, la disimilitud puede descomponerse en reemplazo de especies (*turnover*) y anidamiento (*nestedness*), separando el reemplazo de especies de las diferencias asociadas con pérdidas o ganancias de riqueza (Baselga, 2010). En datos cuantitativos, la disimilitud de Bray-Curtis puede a su vez descomponerse en variación balanceada de abundancias y gradientes de abundancia (Baselga, 2013). Estas particiones son especialmente relevantes en sistemas longitudinales, donde ensambles con niveles semejantes de disimilitud global pueden responder a mecanismos ecológicos distintos.

Las aves son particularmente adecuadas para explorar estas relaciones porque responden a la estructura de la vegetación, a la disponibilidad de ambientes acuáticos y seminaturales y al contexto de paisaje. En bosques ribereños de las Yungas australes argentinas, los cambios en la matriz y en la estructura del hábitat se asociaron con diferencias en la diversidad taxonómica y funcional de aves (Gomez y col., 2021). En una cuenca árida de Chile, las comunidades presentaron alta diferenciación taxonómica pero baja diferenciación funcional, mientras que la cobertura y calidad de la vegetación ribereña contribuyeron a estructurar la avifauna regional (Petit y col., 2023). Estudios recientes en agroecosistemas europeos también muestran que las trayectorias de riqueza taxonómica y de distintas métricas funcionales pueden divergir, y que elementos seminaturales y humedales influyen de modo diferente sobre las facetas del espacio funcional (Tirozzi y col., 2026).

En la región pampeana, esta cuestión resulta especialmente relevante por la extensa transformación histórica del paisaje. En la cuenca del Arroyo Canal Candelaria (ACC), una clasificación de coberturas para 2024 estimó que aproximadamente 83% de la superficie

correspondía a agricultura, 12% a usos ganaderos, 3,5% a superficies urbanas, rutas y caminos, y sólo 1,5% a otros tipos de vegetación (Gastaudo, 2026). El ACC se extiende aproximadamente 42 km desde las proximidades de Sanford, atraviesa la ciudad de Casilda y desemboca en el Arroyo Saladillo, drenando una cuenca de alrededor de 935 km² (Rimoldi, 2026). A lo largo de ese recorrido integra sectores rurales agrícolas, un tramo urbano-periurbano y sectores inferiores relativamente más húmedos, vegetados y asociados con tierras bajas.

Un antecedente regional inmediato refuerza el interés de estos ambientes: en la cuenca media del Arroyo Saladillo, el componente fluvial presentó mayor riqueza, abundancia y diversidad de aves que la matriz simplificada circundante (Alesio y col., 2026). Sin embargo, aún se conoce poco acerca de cómo se reorganizan simultáneamente las dimensiones taxonómica y funcional dentro de un mismo corredor ribereño pampeano altamente modificado. Esta escala interna es importante porque evita tratar al ambiente ribereño como una unidad homogénea y permite evaluar si los cambios longitudinales en identidad específica se traducen o no en cambios equivalentes en estructura funcional.

Nuestro objetivo fue evaluar los cambios longitudinales en la diversidad taxonómica y funcional de los ensambles de aves del ACC, determinando si las variaciones en riqueza, composición y estructura funcional representan respuestas concordantes o desacopladas a lo largo del corredor ribereño. Planteamos cuatro hipótesis. H1: la riqueza (q = 0) aumentará más intensamente que la diversidad efectiva de especies comunes (q = 1) y dominantes (q = 2), y el contraste persistirá después de controlar la completitud del muestreo. H2: la reorganización composicional reflejará una combinación de reemplazo, anidamiento y cambios cuantitativos de abundancia, más que un simple patrón de empobrecimiento. H3: la composición presentará una señal longitudinal detectable después de controlar la variación estacional, mientras que la evidencia de una estructura estacional uniforme será más débil. H4: las dimensiones taxonómica y funcional responderán de manera parcialmente desacoplada: se espera un incremento de FRic hacia los sectores inferiores, acompañado por respuestas menores de FDis y RaoQ y por un desplazamiento funcional central más débil que el recambio taxonómico.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

El estudio se realizó en el Arroyo Canal Candelaria (ACC), sur de la provincia de Santa Fe, Argentina. El sistema posee aproximadamente 42 km de longitud, se origina en las proximidades de Sanford, atraviesa la ciudad de Casilda y confluye con el Arroyo Saladillo. Su cuenca comprende aproximadamente 935 km² e integra sectores rurales y urbanos (Rimoldi, 2026). La matriz territorial es predominantemente agrícola; una clasificación supervisada realizada para 2024 mediante imágenes Sentinel-2, índices espectrales, SRTM y Random Forest estimó 83% de agricultura, 12% de ganadería, 3,5% de superficies urbanas, rutas y caminos y 1,5% de otras coberturas vegetales (Gastaudo, 2026).

Se establecieron seis puntos de muestreo distribuidos a lo largo del eje longitudinal, dos por cada sector operativo del sistema: superior (sitios 1–2), medio (3–4) e inferior (5–6). Los sectores representan contextos ambientales contrastantes: el superior se encuentra inmerso principalmente en la matriz agrícola; el medio incluye el tramo urbano y periurbano de Casilda; y el inferior atraviesa tierras bajas relativamente más húmedas y vegetadas y

culmina en la confluencia con el Arroyo Saladillo. Estos sectores se utilizaron para síntesis descriptivas, pero la inferencia espacial principal mantuvo a los seis sitios como unidades y al orden 1→6 como eje longitudinal. La ubicación geográfica de los sitios se muestra en la Fig. 1 y sus coordenadas se detallan en el Cuadro 1.

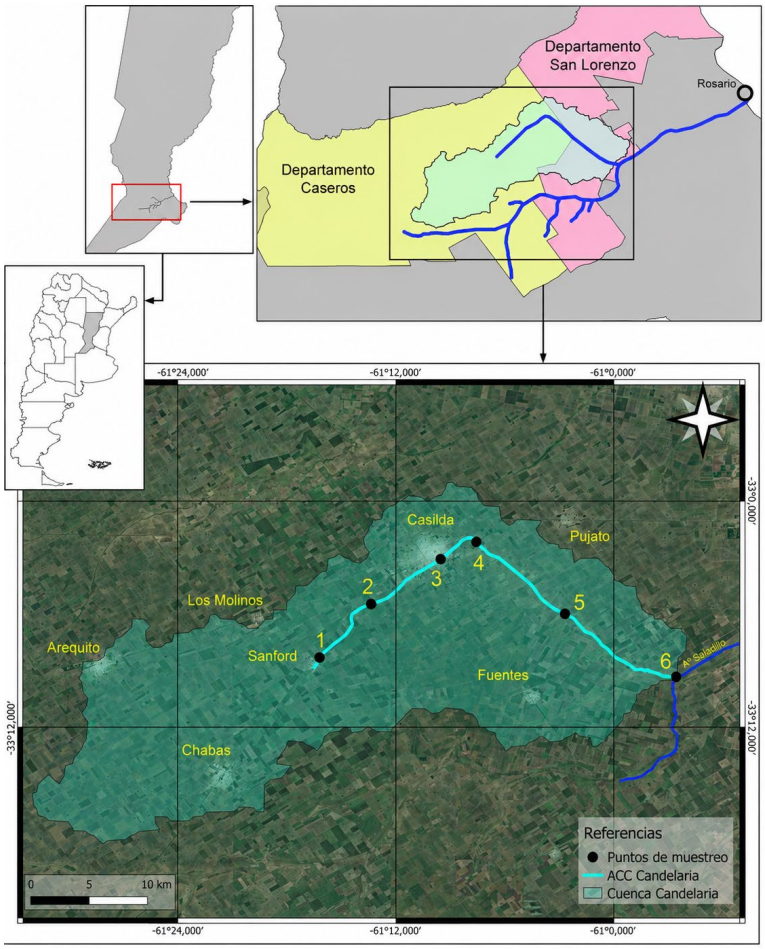


Figura 1. Área de estudio y ubicación de los seis sitios de muestreo en la cuenca del Arroyo Canal Candelaria (ACC), sur de Santa Fe, Argentina. Los sitios 1–2 corresponden al sector superior, 3–4 al sector medio y 5–6 al sector inferior; el sitio 6 se localiza en la confluencia del Arroyo Canal Candelaria con el Arroyo Saladillo.

Cuadro 1. Ubicación geográfica y contexto ambiental de los seis sitios de muestreo en la cuenca del Arroyo Canal Candelaria (ACC), sur de Santa Fe, Argentina.

Sitio	Sector	Latitud	Longitud	Contexto general
1	Superior	33°08’16.8” S	61°16’12.0” W	Matriz rural agrícola
2	Superior	33°05’27.6” S	61°13’22.8” W	Matriz rural agrícola
3	Medio	33°03’03.6” S	61°09’32.4” W	Contexto urbano/periurbano
4	Medio	33°02’09.6” S	61°07’33.6” W	Contexto urbano/periurbano
5	Inferior	33°06’00.0” S	61°02’42.0” W	Tierras bajas relativamente más húmedas
6	Inferior	33°09’18.0” S	60°56’34.8” W	Confluencia del ACC con el Arroyo Saladillo

Muestreo de aves

La avifauna se relevó mediante conteos por puntos fijos. Cada uno de los seis puntos fue visitado una vez por estación —invierno de 2024, primavera de 2024, verano de 2025 y otoño de 2025—, totalizando 24 unidades de muestreo. Cada campaña estacional comprendió el relevamiento de los seis sitios distribuido en tres jornadas, a razón de dos sitios por jornada. El orden de visita se mantuvo constante en las cuatro campañas: sitios 1–2, 3–4 y 5–6, respectivamente. Los seis puntos permanecieron georreferenciados y sin

modificaciones durante todo el estudio. En cada visita se registraron todas las especies detectadas visual o auditivamente dentro de un radio de 50 m durante 10 min. Los conteos se realizaron durante las primeras cuatro horas de la mañana y bajo condiciones meteorológicas favorables, siguiendo criterios estandarizados para conteos por puntos (Ralph y col., 1995). Todos los conteos y la identificación de las aves fueron realizados por la misma observadora (J. Gastaudo). Debido a que el diseño no incluyó réplicas intraestacionales ni procedimientos específicos para estimar probabilidades de detección, los conteos se interpretaron como índices estandarizados de ocurrencia y abundancia registrada y no como estimaciones de densidad poblacional.

La matriz biológica utilizada en todos los análisis correspondió exclusivamente a la hoja "curvas_acu" del archivo de datos original, compuesta por 95 especies × 24 muestras. Los ceros fueron tratados como ausencia de detección en unidades efectivamente muestreadas y no como valores faltantes o imputaciones de esfuerzo.

Diversidad taxonómica alfa y completitud

Para cada muestra se calcularon números de Hill de orden q = 0, 1 y 2. q = 0 corresponde a la riqueza observada; q = 1 pondera las especies según sus abundancias relativas y es equivalente a la exponencial de Shannon; q = 2 otorga mayor peso a las especies dominantes. Este conjunto permite evaluar si los cambios en número de especies se acompañan de cambios equivalentes en la estructura de abundancias.

La completitud del inventario se evaluó mediante cobertura de muestra y rarefacción/extrapolación basada en cobertura, siguiendo a Chao y Jost (2012). Las comparaciones principales se realizaron por sitio acumulando las cuatro campañas y, de manera complementaria, por sector longitudinal. También se inspeccionaron curvas de acumulación de especies a través de las cuatro campañas. La estandarización por cobertura se utilizó como control de robustez de las diferencias de riqueza, no como sustituto de la inferencia basada en las 24 unidades estandarizadas.

Para probar una tendencia direccional predefinida a lo largo de los seis sitios se utilizó el test de Page (Page, 1963), considerando las cuatro estaciones como bloques y los sitios 1→6 como tratamientos ordenados. La variación estacional de q0, q1, q2 y abundancia registrada se evaluó mediante pruebas de Friedman, utilizando los sitios como bloques. La obtención exacta de los valores de p, el tratamiento de empates y el control de comparaciones múltiples se detallan en la sección 2.10.

Diversidad beta taxonómica

La reorganización composicional se examinó con datos de incidencia y abundancia. Para presencia-ausencia se calculó disimilitud de Sørensen y se descompuso en reemplazo (*turnover*) y anidamiento (*nestedness*) (Baselga, 2010). Para abundancias se empleó Bray-Curtis, con raíz cuadrada como transformación principal de abundancias, y se descompuso la disimilitud cuantitativa en variación balanceada de abundancias y gradientes de abundancia (Baselga, 2013). Las particiones por sector se utilizaron para describir mecanismos de diferencia entre los tramos superior, medio e inferior.

Además, se evaluó si la disimilitud taxonómica entre pares de sitios aumentaba con la separación longitudinal. La asociación se cuantificó mediante correlación de Spearman entre

las matrices correspondientes y la significancia se obtuvo mediante permutación exacta de las etiquetas de los seis sitios.

Estructuración longitudinal y estacional

La estructura multivariada se evaluó con modelos basados en distancias. Para el análisis principal se utilizaron abundancias transformadas mediante raíz cuadrada y disimilitud de Bray-Curtis. La posición longitudinal se representó por el orden numérico de los sitios (1–6) y se evaluó después de controlar la estación. La significancia del componente longitudinal se obtuvo mediante permutaciones exactas de la identidad de los seis sitios, manteniendo juntas las cuatro observaciones estacionales de cada sitio (6! = 720 ordenamientos posibles). Los valores de p exactos se calcularon como la proporción de permutaciones con un pseudo-F igual o mayor que el observado. El efecto estacional se evaluó en un contraste separado, manteniendo la identidad espacial como bloque y restringiendo las permutaciones dentro de sitio. Como control de robustez se repitió la evaluación sobre datos transformados mediante Hellinger. Esta estrategia evita tratar las 24 observaciones como réplicas espaciales independientes.

Rasgos funcionales y armonización taxonómica

La nomenclatura taxonómica siguió la clasificación del South American Classification Committee (SACC), versión del 4 de julio de 2026 (Remsen y col., 2026), consultada el 25 de julio de 2026. La lista original de 95 especies fue auditada en nombre científico, familia y orden, y se construyó una tabla maestra de correspondencia con AVONET. Los nombres de AVONET se emplearon exclusivamente para la extracción de rasgos funcionales. La correspondencia fue directa para 93 de las 95 especies; dos casos requirieron una correspondencia nomenclatural explícita: *Phalacrocorax brasilianus* ↔ *Nannopterum brasilianum* y *Troglodytes musculus* ↔ *Troglodytes aedon*.

Los rasgos se obtuvieron de AVONET (Tobias y col., 2022) y se seleccionaron seis variables con cobertura completa para las 95 especies: masa corporal, índice mano-ala (*Hand-Wing Index*, HWI), densidad del hábitat (*Habitat Density*), migración (*Migration*), nicho trófico (*Trophic Niche*) y modo de vida principal (*Primary Lifestyle*). La masa se transformó a log10. La densidad del hábitat y la migración se trataron como variables ordinales; el nicho trófico y el modo de vida principal, como nominales. El nivel trófico no se incorporó al conjunto principal para evitar redundancia conceptual con el nicho trófico.

Construcción del espacio funcional

Las distancias funcionales entre especies se calcularon con Gower, apropiada para combinar rasgos continuos, ordinales y nominales. A partir de la matriz de Gower se construyó un espacio multidimensional mediante análisis de coordenadas principales (PCoA), conservando ejes con autovalores positivos. La calidad de espacios de diferente dimensionalidad se evaluó comparando las distancias Euclidianas en el espacio PCoA con las distancias funcionales originales, siguiendo el enfoque de Maire y col. (2015).

Se seleccionó un espacio principal de cuatro dimensiones porque ofreció una representación adecuada de las distancias originales (correlación = 0,878; desviación absoluta media = 0,061) y, simultáneamente, fue el máximo número de dimensiones compatible con el cálculo de FRic en todas las muestras, dado que la muestra de menor riqueza contenía cinco especies. Los resultados de FRic se repitieron en espacios de dos y tres dimensiones como análisis de sensibilidad.

Diversidad funcional alfa

Se calcularon riqueza funcional (FRic), dispersión funcional (FDis) y entropía cuadrática de Rao (RaoQ) en el espacio funcional PCoA seleccionado. FRic cuantifica el volumen de la envolvente convexa ocupada por las especies de un ensamble; FDis representa la distancia media ponderada por abundancia de las especies al centroide funcional; y RaoQ sintetiza la disimilitud funcional esperada entre dos individuos seleccionados al azar. FRic y FDis se calcularon sin reescalar el espacio funcional, de modo que los valores reportados corresponden directamente a las unidades del espacio PCoA. RaoQ se calculó a partir de las distancias euclidianas entre especies en el espacio funcional de cuatro dimensiones y de sus abundancias relativas.

Las tendencias longitudinales de las tres métricas se evaluaron mediante test de Page con las estaciones como bloques. Debido a la dependencia conocida de FRic respecto de la riqueza, se implementaron dos modelos nulos de sensibilidad con 9.999 aleatorizaciones por nivel de riqueza, manteniendo constante el número de especies observado en cada muestra. En el primer modelo, las especies se extrajeron sin reemplazo y con igual probabilidad desde el conjunto regional de especies (*pool* regional) de 95 especies. En el segundo, la extracción también se realizó sin reemplazo, pero la probabilidad de selección de cada especie fue proporcional a su frecuencia de ocurrencia en las 24 muestras. Para cada muestra se calculó SES-FRic = (FRic observado − media nula) / DE nula. Estos modelos representan supuestos alternativos sobre el proceso de ensamblaje y se interpretaron como análisis de sensibilidad, no como evidencia inferencial principal de agrupamiento funcional o redundancia funcional.

Desacoplamiento taxonómico–funcional

Para evaluar si el recambio taxonómico se acompañaba de un desplazamiento funcional equivalente, se calcularon centroides funcionales de cada sitio en el espacio de cuatro dimensiones, ponderando las coordenadas de las especies por su abundancia. La distancia Euclidiana entre centroides se interpretó como diferenciación de la composición funcional central y no como una medida exhaustiva de beta diversidad funcional.

Se evaluaron dos asociaciones: (i) diferenciación funcional entre pares de sitios versus separación longitudinal y (ii) disimilitud taxonómica Bray-Curtis versus diferenciación funcional. En ambos casos se empleó correlación de Spearman con significancia obtenida por permutación de etiquetas de sitio. Los análisis de tendencias de rasgos individuales se consideraron exploratorios y, cuando correspondió, se controló la tasa de falsos descubrimientos mediante el procedimiento de Benjamini-Hochberg.

Criterio estadístico y reproducibilidad

Las siete pruebas longitudinales de Page —q0, q1, q2, abundancia registrada, FRic, FDis y RaoQ— se consideraron una única familia confirmatoria y sus valores de p se ajustaron conjuntamente mediante el procedimiento secuencial de Holm para controlar la tasa de error familiar (Holm, 1979). Las cuatro pruebas estacionales de Friedman —q0, q1, q2 y abundancia registrada— constituyeron una segunda familia y se ajustaron independientemente mediante el mismo procedimiento. Se informan tanto los valores de p sin ajustar como los valores de p ajustados por Holm. Los análisis de sensibilidad que repitieron una misma métrica bajo especificaciones alternativas —por ejemplo, Hellinger o espacios funcionales 2D–3D— no se trataron como hipótesis confirmatorias adicionales.

Los valores de p del test de Page se obtuvieron mediante una prueba unilateral exacta para la alternativa ordenada 1→6. Los rangos se calcularon dentro de cada bloque estacional, asignando rangos promedio en presencia de empates. La distribución nula se construyó de forma exacta, condicionada a la estructura de rangos observada, ¡mediante la enumeración de las 6! permutaciones de las etiquetas de sitio dentro de cada bloque y la combinación por convolución de las distribuciones específicas de los cuatro bloques; por tanto, no se utilizó aproximación chi-cuadrado ni Monte Carlo. Las pruebas de Friedman se evaluaron también mediante distribuciones exactas obtenidas por permutación de las cuatro estaciones dentro de cada sitio, preservando los empates observados. Ambos procedimientos se implementaron mediante funciones específicas desarrolladas en Python, incluidas en el código reproducible, sin depender de un paquete externo para estas pruebas.

Los análisis se estructuraron en un único flujo reproducible a partir de la matriz "curvas_acu", la tabla taxonómica maestra y la base de rasgos de AVONET. Todos los análisis se realizaron en Python 3.13.5. La organización y manipulación de los datos se efectuó mediante pandas 2.2.3 y NumPy 2.3.5; los cálculos numéricos, matrices de distancia, ordenaciones y procedimientos estadísticos se implementaron mediante SciPy 1.17.0 y funciones específicas desarrolladas para este estudio. Las figuras se generaron con Matplotlib 3.10.8 y los archivos de datos en formato Excel se procesaron mediante openpyxl 3.1.5. La matriz de comunidad, la tabla de armonización taxonómica, la matriz funcional y el código utilizado para los análisis se encuentran disponibles a solicitud del autor de correspondencia.

3. RESULTADOS

3.1. Completitud del muestreo y diversidad taxonómica

Durante las 24 unidades de muestreo se detectaron 1.236 individuos pertenecientes a 95 especies. La riqueza acumulada por sitio aumentó de 26 especies en el sitio 1 a 58 en el sitio 6, con valores intermedios de 31, 32, 38 y 47 especies en los sitios 2–5. El número acumulado de individuos detectados fue de 100, 141, 170, 240, 212 y 373, respectivamente.

La cobertura de muestra acumulada por sitio fue elevada: 89,1% en el sitio 1, 94,4% en el sitio 2, 97,1% en el sitio 3, 93,3% en el sitio 4, 93,9% en el sitio 5 y 95,7% en el sitio 6. Al estandarizar a la menor cobertura común (89,1%), las riquezas esperadas fueron aproximadamente 26,0; 27,1; 26,7; 26,9; 41,0 y 43,2 especies. Por lo tanto, las diferencias entre los sitios 1–4 disminuyeron, pero el contraste de los sitios 5–6 persistió.

Por sector longitudinal se acumularon 41 especies y 241 individuos detectados en el sector superior, 46 especies y 410 individuos detectados en el medio, y 76 especies y 585 individuos detectados en el inferior. Las coberturas fueron 95,9%, 97,6% y 96,8%, respectivamente. A una cobertura común de 95,9%, las riquezas estimadas fueron aproximadamente 41,0; 42,3 y 72,7 especies. Las curvas de acumulación continuaron incrementándose después de la cuarta campaña en los seis sitios, por lo que el inventario, aunque de alta cobertura, no alcanzó una asíntota completa.

La riqueza media por campaña (q = 0) aumentó marcadamente a lo largo del eje longitudinal (Fig. 2). El test exacto de Page confirmó una tendencia positiva para q = 0 (L = 348; p exacta = 0,0000472; p ajustada por Holm = 0,000330) y para la abundancia registrada (L = 344; p exacta = 0,000299; p ajustada por Holm = 0,00179). La evidencia fue más débil para q = 1 (L

= 319; p exacta = 0,0596; p ajustada por Holm = 0,239) y q = 2 (L = 315; p exacta = 0,0976; p ajustada por Holm = 0,293). Por lo tanto, el incremento en número de especies fue más marcado que los cambios detectables en la diversidad efectiva de especies comunes y dominantes. Los valores acumulados y promedio por sitio se resumen en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Riqueza y número acumulado de individuos detectados, cobertura de muestra y valores promedio de diversidad taxonómica (q0, q1, q2) y funcional (FRic) por sitio.

Sitio	S acum.	N acum.	Cobertura (%)	q0 medio	q1 medio	q2 medio	FRic medio
1	26	100	89,1	11,75	9,28	7,64	0,00344
2	31	141	94,4	11,75	9,31	7,73	0,00269
3	32	170	97,1	12,75	10,77	9,27	0,00252
4	38	240	93,3	17,25	12,69	9,99	0,00592
5	47	212	93,9	18,75	11,58	7,52	0,00597
6	58	373	95,7	24,25	14,68	10,65	0,00821

Reorganización taxonómica y diversidad beta

La composición específica cambió a lo largo del ACC. Veintitrés especies estuvieron presentes en los tres sectores longitudinales; 7 fueron exclusivas del sector superior, 10 del medio y 33 del inferior. La disimilitud de Sørensen fue 0,425 entre superior y medio, 0,453 entre superior e inferior y 0,443 entre medio e inferior.

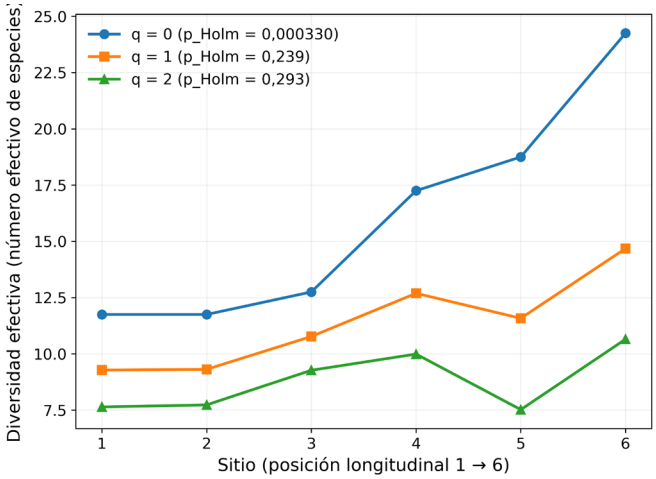


Figura 2. Variación longitudinal de la diversidad taxonómica efectiva (números de Hill q = 0, q = 1 y q = 2) en los seis sitios del Arroyo Canal Candelaria. Los valores corresponden a la media de las cuatro campañas estacionales por sitio. Los valores indicados dentro de la figura corresponden a p_Holm: q = 0, p_Holm = 0,000330; q = 1, p_Holm = 0,239; q = 2, p_Holm = 0,293.

La partición mostró mecanismos contrastantes. Superior–medio estuvo dominado por reemplazo (0,390), con un componente de anidamiento bajo (0,035). En superior–inferior, reemplazo (0,220) y anidamiento (0,233) contribuyeron en magnitudes semejantes. En medio–inferior, los componentes fueron 0,261 y 0,182, respectivamente.

La disimilitud Bray-Curtis de abundancias acumuladas fue 0,542 entre superior y medio, 0,586 entre superior e inferior y 0,489 entre medio e inferior. La partición cuantitativa indicó contribuciones similares de variación balanceada (0,283) y gradiente de abundancia (0,260) entre superior y medio; predominio del gradiente de abundancia entre superior e inferior (0,416 frente a 0,169); y predominio de la variación balanceada entre medio e inferior (0,314 frente a 0,176). La disimilitud taxonómica entre pares de sitios aumentó significativamente

con la separación longitudinal (ρ = 0,655; p exacta = 0,0111). Los valores de disimilitud y su partición se detallan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Disimilitud taxonómica entre sectores (Sørensen y Bray-Curtis) y su partición en componentes de reemplazo/anidamiento y de abundancia (variación balanceada/gradiente de abundancia).

Comparación	Sørensen	Reemplazo (turnover)	Anidamiento (nestedness)	Bray-Curtis	Var. balanceada	Gradiente abund.
Superior–medio	0,425	0,390	0,035	0,542	0,283	0,260
Superior–inferior	0,453	0,220	0,233	0,586	0,169	0,416
Medio–inferior	0,443	0,261	0,182	0,489	0,314	0,176

Estructuración longitudinal y variación estacional

La composición del ensamble presentó una señal longitudinal significativa después de controlar la estación (Fig. 3). Con abundancias transformadas mediante raíz cuadrada y Bray-Curtis, el componente longitudinal resultó significativo (pseudo-F = 2,993; p exacta = 0,00556) y explicó aproximadamente 11,7% de la variación considerada en la partición. La señal se mantuvo con transformación de Hellinger (pseudo-F = 1,927; p exacta = 0,0333).

En contraste, la estación no alcanzó significación después de controlar la identidad espacial de los sitios, ni con Bray-Curtis (pseudo-F = 1,256; p = 0,080) ni con Hellinger (pseudo-F = 1,061; p = 0,324). Las métricas alfa tampoco mostraron evidencia de diferencias estacionales sistemáticas en las pruebas exactas de Friedman: q0 p exacta = 0,309; q1 p exacta = 0,230; q2 p exacta = 0,317; abundancia registrada p exacta = 0,810. Después del ajuste de Holm, los valores fueron p ajustada por Holm = 0,927; 0,920; 0,927 y 0,927, respectivamente.

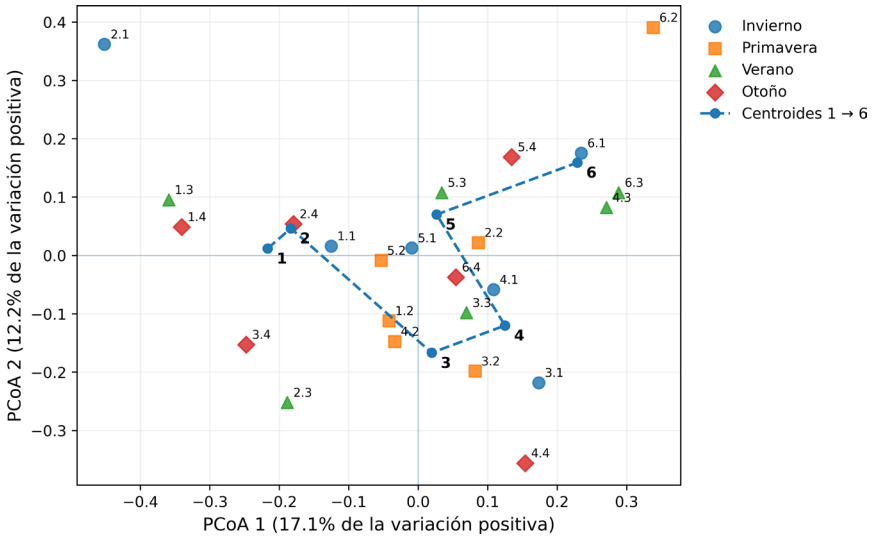


Figura 3. Ordenación PCoA de las 24 muestras a partir de disimilitudes Bray–Curtis calculadas sobre abundancias transformadas mediante raíz cuadrada. Los códigos indican sitio.campaña; los símbolos distinguen las estaciones y la línea discontinua conecta los centroides de los sitios en orden longitudinal 1→6. La composición mostró una señal longitudinal significativa después de controlar la estación (pseudo-F = 2,993; p exacta = 0,00556), mientras que la señal estacional fue más débil (pseudo-F = 1,256; p = 0,080).

Diversidad funcional

La riqueza funcional mostró una tendencia longitudinal positiva (Fig. 4A; Page: L = 341; p exacta = 0,000763; p ajustada por Holm = 0,00381). FRic medio fue 0,00344; 0,00269; 0,00252; 0,00592; 0,00597 y 0,00821 en los sitios 1–6, respectivamente. El resultado fue robusto a la dimensionalidad del espacio funcional: p exacta = 0,000147 en 2D; p exacta = 0,00223 en 3D; y p exacta = 0,000763 en 4D. Estas reconstrucciones se utilizaron como controles de sensibilidad del mismo contraste y no como hipótesis independientes.

En cambio, no se detectó una tendencia longitudinal monotónica para FDis (Fig. 4B; Page: L = 290; p exacta = 0,6105; p ajustada por Holm = 1,000). Sus valores medios por sitio fueron 0,250; 0,250; 0,241; 0,232; 0,272 y 0,251 para los sitios 1–6, respectivamente. RaoQ tampoco mostró un cambio direccional detectable (Fig. 4C; L = 294; p exacta = 0,5124; p ajustada por Holm = 1,000), con medias de 0,330; 0,319; 0,316; 0,311; 0,350 y 0,334. Estos resultados indican ausencia de evidencia de una tendencia monotónica equivalente a la observada para FRic, no evidencia de invariancia funcional.

Desacoplamiento taxonómico–funcional

Las diferencias taxonómicas y funcionales entre ensambles mostraron patrones espaciales distintos. Mientras la disimilitud taxonómica aumentó con la separación longitudinal (ρ = 0,655; p = 0,0111), la distancia entre centroides funcionales ponderados por abundancia no presentó una relación significativa con la separación longitudinal (ρ = 0,177; p = 0,544). Tampoco se detectó una relación significativa entre disimilitud taxonómica y diferenciación funcional entre pares de sitios (Fig. 5; ρ = 0,196; p = 0,485).

A escala de sectores, superior–inferior presentó la mayor disimilitud taxonómica (Bray-Curtis = 0,586), pero no la mayor distancia funcional. Las distancias entre centroides funcionales fueron 0,119 entre superior y medio, 0,072 entre superior e inferior y 0,050 entre medio e inferior. En conjunto, los ensambles más diferentes taxonómicamente no fueron necesariamente los más diferentes en su composición funcional central.

Modelos nulos de FRic

Los modelos nulos de FRic mostraron que la interpretación del empaquetamiento funcional dependió del esquema de aleatorización. Bajo el conjunto regional de especies equiprobable, los SES-FRic medios por sitio fueron −0,178; −0,479; −1,008; −0,448; −0,765 y −0,971 para los sitios 1–6. Una sola muestra presentó una desviación bilateral nominal p < 0,05 hacia valores menores de FRic (p = 0,0416), pero no permaneció significativa al controlar las 24 comparaciones. Cuando la selección se ponderó por frecuencia regional, los SES medios fueron 0,310; −0,059; −0,667; 0,073; −0,305 y −0,463, y ninguna muestra se apartó significativamente de la distribución nula. En ninguno de los dos esquemas se observó FRic significativamente mayor que el esperado.

DISCUSIÓN

Reorganización multidimensional y respuesta desigual de la diversidad

Los resultados muestran que el ensamble de aves del ACC experimenta una reorganización longitudinal multidimensional, pero las distintas facetas de la biodiversidad no responden con la misma intensidad. La riqueza y el número de individuos registrados aumentaron hacia los sectores inferiores, la composición taxonómica cambió de manera significativa a lo largo del eje longitudinal y el espacio funcional ocupado por las especies también se expandió. Sin embargo, no se detectaron tendencias longitudinales equivalentes en la diversidad efectiva de las especies más comunes, FDis o RaoQ, ni un desplazamiento proporcional de la composición funcional media. Consideradas conjuntamente, estas líneas de evidencia son consistentes con un desacoplamiento parcial entre las respuestas taxonómicas y funcionales, aunque la falta de significación de una métrica individual no debe interpretarse como prueba de ausencia de cambio.

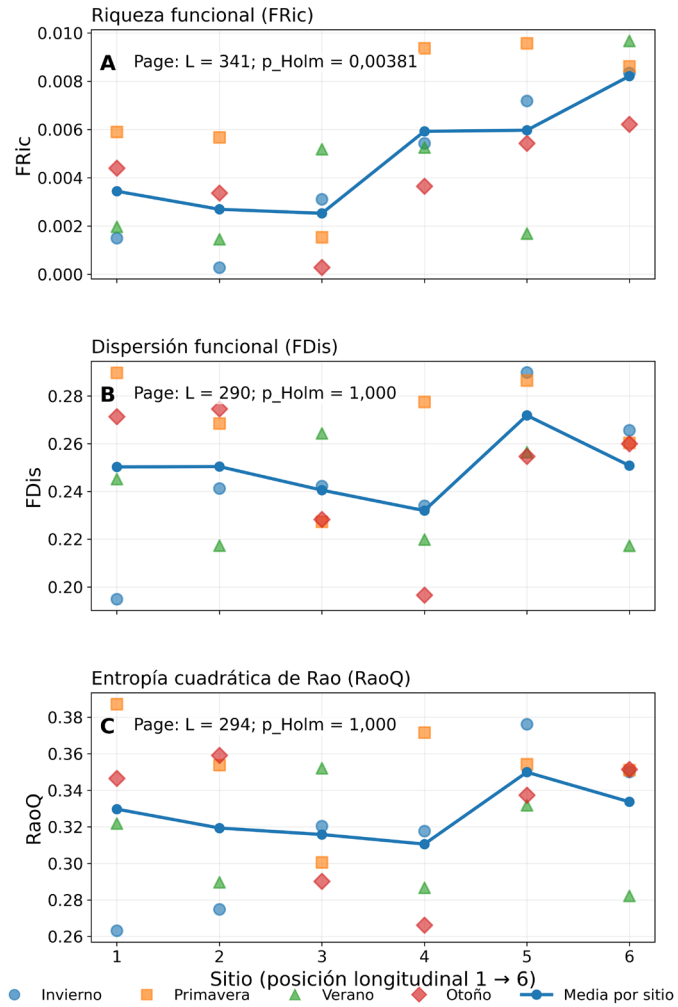


Figura 4. Variación longitudinal de la diversidad funcional en un espacio PCoA de cuatro dimensiones. (A) Riqueza funcional (FRic), con tendencia longitudinal positiva (Page: L = 341; p exacta = 0,000763; p_Holm = 0,00381). (B) Dispersión funcional (FDis), sin tendencia longitudinal monotónica detectable (L = 290; p exacta = 0,6105; p_Holm = 1,000). (C) Entropía cuadrática de Rao (RaoQ), también sin cambio direccional detectable (L = 294; p exacta = 0,5124; p_Holm = 1,000). Los puntos representan campañas estacionales y las líneas unen las medias por sitio. Los valores indicados dentro de los paneles corresponden a p_Holm.

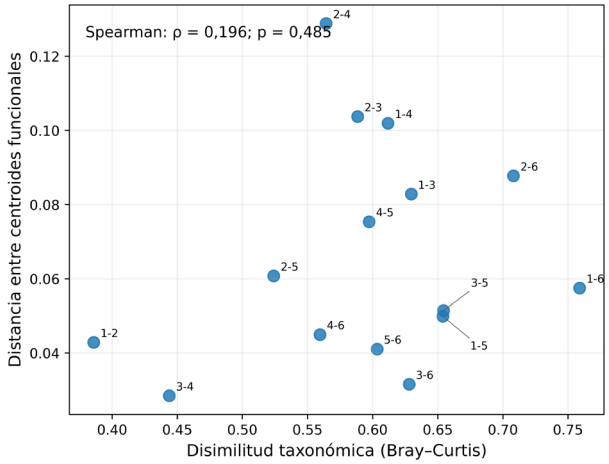


Figura 5. Relación entre disimilitud taxonómica de Bray–Curtis y distancia entre centroides funcionales ponderados por abundancia para los 15 pares posibles de sitios. Las etiquetas identifican cada par de sitios. La asociación no fue significativa (Spearman: ρ = 0,196; p = 0,485), indicando que ensambles más diferentes taxonómicamente no fueron necesariamente más diferentes en su posición funcional media.

La diferencia entre q0, q1 y q2 aporta una primera señal de respuesta desigual. La tendencia longitudinal fue muy fuerte para riqueza y permaneció significativa después del ajuste de Holm, mientras que q1 y q2 no alcanzaron significación después del mismo control. En particular, q1 presentó un valor p exacto cercano al umbral convencional antes del ajuste, por lo que no corresponde describirlo como estable. La interpretación más prudente es que el incremento de riqueza fue más fuerte y mejor sustentado estadísticamente que cualquier tendencia de la diversidad efectiva de especies comunes y dominantes. Esta lectura distingue expansión del conjunto de especies de cambios en la estructura de abundancias sin convertir la no significación en evidencia de invariancia.

El contraste inferior persiste después de controlar la completitud

La estandarización por cobertura refuerza la interpretación del patrón de riqueza. Aunque las curvas de acumulación continuaron creciendo después de cuatro campañas, las coberturas acumuladas fueron elevadas y el contraste de los sitios inferiores persistió al comparar ensambles con completitud equivalente. Al mismo tiempo, el control por cobertura mostró que la respuesta no debe describirse como una pendiente perfectamente lineal: los sitios 1–4 se vuelven mucho más semejantes, mientras que los sitios 5–6 mantienen un salto marcado.

Este resultado orienta la interpretación hacia un cambio especialmente fuerte en el sector inferior. Allí convergen condiciones que pueden aumentar la heterogeneidad ambiental —tierras bajas relativamente más húmedas, mayor desarrollo de vegetación y proximidad al Arroyo Saladillo—, pero estas variables no fueron cuantificadas de manera independiente para cada sitio. Por ello, la mayor diversidad de los sitios inferiores puede considerarse consistente con un contexto de mayor heterogeneidad y acceso a un conjunto regional de especies más amplio, pero no constituye una demostración causal de esos mecanismos.

La diversidad beta revela reemplazo, acumulación y cambios de abundancia

La composición no siguió un patrón de simple empobrecimiento. La comparación superior–media estuvo dominada casi por completo por reemplazo, indicando reemplazo de especies entre contextos longitudinales. En cambio, entre los extremos superior e inferior, reemplazo y anidamiento contribuyeron en magnitudes semejantes, de modo que el contraste combina reemplazo con un incremento importante del número de especies. La partición de Bray-Curtis mostró además que los mecanismos cuantitativos también varían entre comparaciones: superior–inferior estuvo dominado por un gradiente de abundancia, mientras que medio–inferior mostró mayor contribución de variación balanceada. Esta heterogeneidad de mecanismos tiene implicancias para la conservación. El sector inferior aporta un número elevado de especies exclusivas y una fracción importante de la diversidad gamma, pero los sectores superior y medio no son simples subconjuntos empobrecidos del inferior. También contienen componentes propios. Por lo tanto, priorizar únicamente el sector con mayor riqueza no preservaría toda la heterogeneidad taxonómica distribuida a lo largo del sistema.

La señal longitudinal es más consistente que una respuesta estacional uniforme

La composición mantuvo una relación significativa con la posición longitudinal después de controlar la estación, tanto con Bray-Curtis como con Hellinger. En contraste, la señal estacional fue más débil una vez controlada la identidad espacial de los sitios, y las métricas alfa tampoco mostraron evidencia de diferencias estacionales sistemáticas.

Esto no implica ausencia de dinámica temporal. La incorporación continua de especies en las curvas de acumulación y la presencia de especies migratorias indican variación temporal real. Más precisamente, durante el período y con la resolución del estudio, la estructura espacial fue más consistente que una respuesta estacional uniforme compartida por los seis sitios. El diseño balanceado de cuatro campañas permitió, por tanto, demostrar que la señal longitudinal no depende exclusivamente de una estación particular, aunque no permite inferir estabilidad interanual ni describir en detalle la fenología de cada especie.

Expansión del espacio funcional sin incremento detectable de la dispersión

El incremento de FRic, acompañado por la ausencia de tendencias monotónicas detectables en FDis y RaoQ, constituye el resultado funcional central. Estas métricas describen propiedades distintas: FRic aumenta cuando nuevas especies expanden los límites del espacio de rasgos, mientras que FDis y RaoQ dependen de la separación funcional interna y de la distribución de abundancias. Por ello, el patrón es compatible con la incorporación de algunas especies periféricas que expanden el espacio funcional y, simultáneamente, de especies ubicadas dentro de regiones de rasgos ya representadas. Sin embargo, dada la limitada replicación espacial y temporal, los resultados no significativos de FDis y RaoQ no demuestran estabilidad estricta; indican que el diseño no detectó un incremento monotónico comparable con el de FRic.

Antecedentes regionales muestran que este tipo de desacoplamiento es ecológicamente plausible. En la cuenca del Limarí, Chile, los ensambles de aves presentaron diferencias marcadas en composición taxonómica pero fueron comparativamente similares en su composición funcional, y la vegetación ribereña contribuyó a explicar la singularidad del ensamble (Petit y col., 2023). En las Yungas australes argentinas, Gomez y col. (2021) mostraron que la estructura del bosque ribereño y la matriz agrícola condicionan distintas facetas de diversidad taxonómica y funcional. En paisajes agrícolas mediterráneos, Tirozzi y col. (2026) documentaron trayectorias divergentes entre riqueza de especies y componentes de diversidad funcional en series de largo plazo. En ensambles de aves de bosques ribereños de la Mata Atlántica, Maure y col. (2018) cuantificaron directamente la redundancia funcional y mostraron que ésta disminuía con la reducción del ancho de la vegetación ribereña, lo que refuerza la necesidad de evaluar esa propiedad de manera explícita antes de atribuirla a un ensamble.

Recambio taxonómico sin desplazamiento funcional equivalente

La comparación directa de distancias refuerza la evidencia de respuestas no concordantes. La disimilitud taxonómica aumentó con la separación longitudinal, mientras que no se detectó una relación equivalente para la distancia entre centroides funcionales; además, los pares más distintos taxonómicamente no fueron necesariamente los más separados en su composición funcional central. Este patrón es consistente con que cambios importantes en identidad específica puedan ocurrir con desplazamientos menores de la posición funcional promedio, pero no permite demostrar que dicha posición sea estrictamente estable. Este patrón es consistente con un reemplazo parcial entre especies con rasgos semejantes, pero no demuestra por sí mismo redundancia funcional. La redundancia constituye una propiedad específica del ensamble que debe evaluarse mediante métricas explícitas o a partir de la relación entre diversidad taxonómica y funcional, y no puede inferirse únicamente de una diferenciación funcional menor que la taxonómica (Petchey y col., 2007; Ricotta y col., 2016).

Los modelos nulos hicieron explícita esta cautela. Con selección equiprobable desdeelconjunto regional de especies, los SES-FRic fueron predominantemente negativos y una muestra mostró una desviación nominal hacia FRic menor que el esperado, aunque esa señal no sobrevivió al control de multiplicidad. Al ponderar la selección por la frecuencia regional de las especies, los SES se aproximaron a cero y ninguna muestra se apartó de la distribución nula. Por lo tanto, el incremento observado de FRic se interpreta principalmente como expansión del espacio funcional asociada con la incorporación de especies; no encontramos evidencia robusta, común a ambos modelos nulos, de agrupamiento funcional o de redundancia funcional mayor que la esperada.

Significado ecológico de los sectores inferiores

Los sitios inferiores combinan mayor riqueza taxonómica, una elevada incorporación de especies no registradas aguas arriba y mayor FRic. Su importancia, por tanto, no radica solamente en acumular especies: también amplían el espacio funcional regional y aumentan la complementariedad con los restantes sectores. Este patrón resulta especialmente relevante en una cuenca donde la agricultura domina aproximadamente 83% de la superficie y las coberturas no productivas representan una fracción pequeña del territorio (Gastaudo, 2026). El resultado es coherente con el valor de los ambientes ribereños como elementos de biodiversidad dentro de matrices productivas. A escala regional, el Arroyo Saladillo sostuvo mayor riqueza, abundancia y diversidad de aves que la matriz productiva circundante (Alesio y col., 2026). A escala global, las franjas ribereñas mantienen mayor biodiversidad animal que zonas ribereñas convertidas en numerosos paisajes humanizados (Dala-Corte y col., 2026). Sin embargo, estas comparaciones no deben interpretarse como evidencia de que el sector inferior del ACC sea prístino o de alta integridad ecológica; se trata de un sector relativamente más heterogéneo dentro de un paisaje profundamente transformado.

Alcance de la interpretación del sistema como corredor

Los datos demuestran que el ACC sostiene ensambles de aves espacialmente estructurados y que distintos sectores contribuyen de manera complementaria a la diversidad regional. No demuestran directamente movimiento de individuos, flujo génico ni conectividad funcional entre poblaciones. En consecuencia, los resultados son consistentes con el potencial del ACC como estructura de hábitat y conectividad dentro de una matriz agrícola intensamente transformada, pero no constituyen una prueba directa de funcionamiento como corredor biológico. Esta distinción evita confundir patrones de presencia y composición con procesos de movimiento que requerirían diseños específicos de seguimiento o genética del paisaje.

Limitaciones

El estudio presenta cinco limitaciones principales. Primero, la inferencia espacial se basa en seis sitios independientes y cuatro campañas repetidas; este tamaño de diseño limita la potencia para detectar tendencias longitudinales de magnitud moderada. En consecuencia, los resultados no significativos —especialmente q1 y q2— deben interpretarse como ausencia de una tendencia detectable con la resolución del estudio y no como evidencia de ausencia de cambio. Las cuatro campañas aumentan la representación temporal, pero no generan 24 réplicas espaciales. Segundo, aunque la cobertura fue elevada, las curvas de acumulación no alcanzaron una asíntota completa, por lo que la riqueza observada no representa necesariamente el conjunto local de especies completo.

Tercero, la posición longitudinal covaría con múltiples características del sistema estructura del cauce, humedad, vegetación, contexto productivo, urbanización y proximidad al Saladillo—. El diseño identifica patrones espaciales de reorganización, pero no permite separar causalmente el efecto individual de cada factor. Cuarto, la diversidad funcional depende del conjunto de rasgos seleccionado. Los seis rasgos utilizados cubren dimensiones morfológicas y ecológicas relevantes y presentaron datos completos para las 95 especies, pero otros rasgos relacionados con reproducción, microhábitat o comportamiento podrían revelar dimensiones adicionales. Quinto, el diseño de conteos por puntos no permitió estimar explícitamente la probabilidad de detección. Aunque radio, duración, horario y condiciones meteorológicas fueron estandarizados y todos los relevamientos fueron realizados por la misma observadora, la detectabilidad puede variar entre especies y contextos ambientales por diferencias en estructura de la vegetación, transmisión acústica, ruido de fondo y comportamiento. Además, el orden de visita de los sitios se mantuvo constante entre campañas, por lo que la posición longitudinal quedó parcialmente asociada con el día y el orden de muestreo dentro de cada campaña. Por ello, no puede descartarse que una fracción de las diferencias en riqueza o número de individuos detectados refleje variación temporal de detectabilidad. La estandarización por cobertura controla diferencias de completitud de las muestras, pero no constituye una corrección de la detectabilidad; los conteos deben interpretarse como índices estandarizados y no como estimaciones de densidad.

CONCLUSIONES

El ensamble de aves del Arroyo Canal Candelaria no responde de manera uniforme a lo largo de sus distintas dimensiones de biodiversidad. Hacia los sectores inferiores aumenta fuertemente la riqueza, cambia la identidad de las especies y se expande el volumen del espacio funcional; en contraste, no se detectaron tendencias monotónicas equivalentes para FDis, RaoQ o la posición funcional media, y las respuestas de q1 y q2 fueron estadísticamente más débiles. Este conjunto convergente de evidencias es consistente con un desacoplamiento parcial entre las respuestas taxonómicas y funcionales, sin implicar que las dimensiones funcionales no cambien en absoluto.

El sector inferior aporta una fracción particularmente elevada de la diversidad regional, pero el reemplazo demuestra que los sectores restantes también contienen componentes propios. En consecuencia, la valoración de ambientes ribereños en matrices agrícolas no debería basarse exclusivamente en riqueza local ni en la identificación del tramo “más diverso”, sino considerar complementariedad espacial, diversidad beta y múltiples facetas funcionales. En un paisaje pampeano fuertemente transformado, mantener la heterogeneidad longitudinal del sistema puede ser relevante para sostener un conjunto más amplio de especies y estrategias ecológicas.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Centro de Estudios Ambientales en Veterinaria (CEAV) y a la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de Rosario (FCV-UNR), así como a todas las personas e instituciones que, de diversas maneras, hicieron posible la realización de este trabajo.

DECLARACIONES

Permisos y consideraciones éticas: Los relevamientos fueron exclusivamente observacionales y no implicaron captura, manipulación, marcaje ni recolección de aves. El estudio se desarrolló en el marco del proyecto

"Diversidad y variación estacional del ensamble de aves y mamíferos silvestres asociadas al Arroyo Canal Candelaria, sur de la provincia de Santa Fe, Argentina" (Código 80020240200020UR), aprobado por la Universidad Nacional de Rosario mediante Resolución del Consejo Superior N.º 941/2025.

Financiamiento: El estudio se realizó con recursos institucionales del Centro de Estudios Ambientales en Veterinaria (CEAV) y de la Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (FCV-UNR), complementados con aportes personales de ambos autores. No se recibió financiamiento externo específico.

Conflictos de interés: Los autores declaran no tener conflictos de interés.

Disponibilidad de datos: La matriz de comunidad, la tabla de armonización taxonómica, la matriz funcional y el código utilizado para los análisis se encuentran disponibles a solicitud del autor de correspondencia.

Contribuciones de autoría (CRediT): Julia Gastaudo: Investigación y Curación de datos. Pablo G. Rimoldi: Conceptualización, Metodología, Análisis formal, Curación de datos, Validación, Visualización, Administración del proyecto, Supervisión, Redacción del borrador original y Redacción – revisión y edición.

LITERATURA CITADA

Alesio, C. J.; D. A. Paiz; J. Gastaudo; E. P. Spiaggi & P. G. Rimoldi. 2026. La avifauna en los distintos componentes del paisaje del arroyo Saladillo, sur de la provincia de Santa Fe, Argentina. El Hornero 41(1). doi: 10.56178/eh.v41i1.1541.

Baselga, A. 2010. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. Glob. Ecol. Biogeogr. 19: 134–143. doi: 10.1111/j.1466-8238.2009.00490.x.

Baselga, A. 2013. Separating the two components of abundance-based dissimilarity: balanced changes in abundance vs. abundance gradients. Methods Ecol. Evol. 4: 552–557. doi: 10.1111/2041-210X.12029.

Chao, A. & L. Jost. 2012. Coverage-based rarefaction and extrapolation: standardizing samples by completeness rather than size. Ecology 93: 2533–2547. doi: 10.1890/11-1952.1.

Dala-Corte, R. B.; X. Giam & D. S. Wilcove. 2026. Assessing the effectiveness of riparian buffers in protecting biodiversity: a meta-analysis. Nat. Commun. 17: 4155. doi: 10.1038/s41467-026-70191-y.

Gastaudo, J. 2026. El uso del suelo en la cuenca del Arroyo Canal Candelaria. Pp. 251–256. En: P. G. Rimoldi (Ed.), Caracterización del Arroyo Canal Candelaria: contexto, tensiones y perspectivas. Laborde Libros Editor, Rosario. doi: 10.5281/zenodo.19894779.

Gomez, D.; R. A. Ruggera; L. O. Rivera & N. Politi. 2021. Patterns of taxonomic and functional diversity of birds in riparian forests with natural and agricultural matrices in the Argentine Austral Yungas. Ibis 163: 845–857. doi: 10.1111/ibi.12923.

Gower, J. C. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. Biometrics 27: 857–871. doi: 10.2307/2528823.

Holm, S. 1979. A simple sequentially rejective multiple test procedure. Scand. J. Stat. 6(2): 65–70. doi: 10.2307/4615733.

Laliberté, E. & P. Legendre. 2010. A distance-based framework for measuring functional diversity from multiple traits. Ecology 91: 299–305. doi: 10.1890/08-2244.1.

Maire, E.; G. Grenouillet; S. Brosse & S. Villéger. 2015. How many dimensions are needed to accurately assess functional diversity? A pragmatic approach for assessing the quality of functional spaces. Glob. Ecol. Biogeogr. 24: 728–740. doi: 10.1111/geb.12299.

Maure, L. A.; R. C. Rodrigues; Â. V. Alcântara; B. F. C. B. Adorno; D. L. Santos; E. L. Abreu; R. M. Tanaka; R. M. Gonçalves & E. Hasui. 2018. Functional redundancy in bird community decreases with riparian forest width reduction. Ecol. Evol. 8: 10395–10408. doi: 10.1002/ece3.4448.

Page, E. B. 1963. Ordered hypotheses for multiple treatments: a significance test for linear ranks. J. Am. Stat. Assoc. 58(301): 216–230. doi: 10.1080/01621459.1963.10500843.

Petchey, O. L.; K. L. Evans; I. S. Fishburn & K. J. Gaston. 2007. Low functional diversity and no redundancy in British avian assemblages. J. Anim. Ecol. 76: 977–985. doi: 10.1111/j.1365-2656.2007.01271.x.

Petit, M.; C. Celis; C. Weideman; N. Gouin & A. Bertin. 2023. Effects of land cover and habitat condition on the bird community along a gradient of agricultural development within an arid watershed of Chile. Agric. Ecosyst. Environ. 356: 108635. doi: 10.1016/j.agee.2023.108635.

Ralph, C. J.; J. R. Sauer & S. Droege (Eds.). 1995. Monitoring Bird Populations by Point Counts. General Technical Report PSW-GTR-149. USDA Forest Service. doi: 10.2737/PSW-GTR-149.

Remsen, J. V. Jr.; J. I. Areta; E. Bonaccorso; S. Claramunt; D. F. Lane; L. N. Naka; M. B. Robbins; F. G. Stiles & K. J. Zimmer. 2026. A classification of the bird species of South America. Version 4 July 2026. South American Classification Committee, Museum of Natural Science, Louisiana State University. Consultado el 25 de julio de 2026.

Ricotta, C.; F. de Bello; M. Moretti; M. Caccianiga; B. E. L. Cerabolini & S. Pavoine. 2016. Measuring the functional redundancy of biological communities: a quantitative guide. Methods Ecol. Evol. 7: 1386–1395. doi: 10.1111/2041-210X.12604.

Rimoldi, P. G. (Ed.). 2026. Caracterización del Arroyo Canal Candelaria: contexto, tensiones y perspectivas. Laborde Libros Editor, Rosario. doi: 10.5281/zenodo.19894779.

Tirozzi, P.; O. Dondina; V. Orioli & L. Bani. 2026. Functional diversity in agricultural landscapes: evidence of long-term clustering and multi-scale effects of land use on avian communities. Oikos 2026: e11636. doi: 10.1002/oik.11636.

Tobias, J. A.; C. Sheard; A. L. Pigot; A. J. M. Devenish; J. Yang; F. Sayol et al. 2022. AVONET: morphological, ecological and geographical data for all birds. Ecol. Lett. 25: 581–597. doi: 10.1111/ele.13898.

Villéger, S.; N. W. H. Mason & D. Mouillot. 2008. New multidimensional functional diversity indices for a multifaceted framework in functional ecology. Ecology 89: 2290–2301. doi: 10.1890/07-1206.1.

Fecha de recepción: 12 de julio de 2026 Fecha de aceptación: 15 de agosto de 2026