



I N T E C H

UNIVERSIDAD NACIONAL DE GENERAL SAN MARTÍN
Instituto Tecnológico Chascomús

“Efecto de sistemas de labranza contrastantes sobre
parámetros de sustentabilidad edáfica”

Autor

Gortari, Maximiliano

Directora

Dra. Maguire, Vanina G.

Codirectora

Dra. Llames, María E.

Tesis presentada para optar por el título de Magíster en Agrobiotecnología de la Universidad
Nacional de General San Martín

Índice de contenidos

1. RESUMEN	1
2. INTRODUCCIÓN	3
3. OBJETIVOS	5
4. MATERIALES Y MÉTODOS.....	6
4.1 Descripción del sitio de estudio	6
4.2 Recolección de muestras y determinación de los parámetros fisicoquímicos edáficos .	7
4.3 Aislamiento de ADN y secuenciación por Illumina-MiSeq	9
4.4 Análisis de datos Illumina	10
4.5 Análisis Estadísticos.....	10
4.6 Análisis de Composición.....	10
4.7 Análisis de Diversidad.....	11
4.7.1 Diversidad Alfa	11
4.7.2 Diversidad Beta	11
5. RESULTADOS	13
5.1 Parámetros físico-químicos y edáficos del sitio de estudio	13
5.1.1 Resistencia a la penetración.....	14
5.1.2 Stock de Carbono Orgánico Total, Carbono Orgánico Particulado, Nitrógeno Total y los Factores de Cambio	14
5.1.3 Contenido de Nitrógeno de Nitratos, Nitrógeno de Amonio y relación CN.....	14
5.1.4 Ordenación de las diferentes muestras tomadas bajo ambos sistemas de labranza en base a sus características físico-químicas	14
5.2 Análisis de la comunidad microbiana.....	18
5.2.1 Análisis de abundancia	18
5.3 Análisis de diversidad	32
6. DISCUSIÓN.....	37
7. CONCLUSIÓN	45
8. BIBLIOGRAFÍA	46
9. ANEXO	59

1. RESUMEN

Aproximadamente una cuarta parte de las tierras cultivables a nivel mundial muestran signos de erosión y degradación, principalmente debido a prácticas de manejo inadecuadas. En la Región Pampeana la intensificación de la producción agrícola ha llevado a un deterioro de la calidad del suelo. Es por ello que resulta fundamental promover el uso de prácticas de manejo que preserven los recursos naturales y sean sustentables, tanto para el medio ambiente como para la sociedad.

Se propuso evaluar el impacto de dos sistemas de labranza, siembra directa (SD) y labranza convencional (LC), sobre un suelo Argiudol localizado en la Chacra Experimental Integrada de Chascomús (CEICh), provincia de Buenos Aires, en la cual se practica desde hace más de 20 años agricultura, donde sólo difieren en el sistema de labranza utilizado. Se analizaron los parámetros físico-químicos y edáficos a dos profundidades de muestreo, 0-10 (capa superficial) y 10-30 cm (capa subsuperficial), y a su vez se utilizó la tecnología de secuenciación masiva Illumina MiSeq para caracterizar la composición y diversidad de las comunidades microbianas en ambas profundidades y sistemas de labranza. El análisis solo de los datos físico-químicos no permitió concluir que los suelos bajo SD presentaran mejores cualidades físico-químicas. En los sitios bajo SD se registraron valores más altos de resistencia a la penetración, y estuvieron por encima de los 2000 Kpa entre los 5 cm y 30 cm del perfil. Por otro lado, el stock de Carbono Orgánico Total (COT) resultó superior en la capa superficial en SD respecto al stock de COT encontrado bajo LC. Comparado con el stock de COT del sistema de referencia no agrícola (27.43 Mg.ha⁻¹ en la capa superficial, 39.41 Mg.ha⁻¹ en la capa subsuperficial), el mismo resultó mayor bajo ambos sistemas de labranza y en ambas profundidades. El stock de Carbono Orgánico Particulado (COP) no presentó diferencias entre sistemas de labranza y en ambos sistemas, los valores fueron menores respecto al sistema de referencia. No se encontraron diferencias en el stock de Nitrógeno Total (NT) entre SD y LC y en ambos casos los valores fueron superiores respecto al sistema de referencia. El factor de cambio del stock de COT y NT presentó un incremento en los sistemas de labranza respecto al sistema de referencia, mientras que el factor de cambio del stock de COP disminuyó en SD y LC. Los valores de Nitrógeno de nitratos (N_{NO₃}) fueron superiores en LC respecto a los encontrados en SD y a los del sistema de referencia. Por otro lado, los valores de Nitrógeno de amonio (N_{NH₄}) y de la relación Carbono/Nitrógeno (CN) no presentaron diferencias entre SD y LC, mientras que en ambos casos fueron superiores respecto a los valores del sistema de referencia.

Respecto a las comunidades microbianas se determinó que los filos bacterianos y fúngicos dominantes en ambos sistemas de labranza, fueron *Actinobacteria*, *Proteobacteria* y los filos *Basidiomycota* y *Ascomycota* respectivamente. En ciertos géneros bacterianos (*Blastococcus*, *Geodermatophilus*, *WD2001_soil_group*, *Nocardioides*, *Candidatus_Udaeobacter*, *Sphingomonas*, *Nitrospira*, *Streptosporangium*, *Subgroup_7* y el género *Kribbella*) y en ciertas clases y géneros fúngicos (las clases *Saccharomycetes*, *Pezizomycetes* y *Archaeorhizomycetes* y los géneros *Sporidesmajora*, *Aspiciliella*, *Sphaerobolus*, en 3 géneros no identificados, *Protoblastenia*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Ramalina*, *Candida*, *Lactarius*, *Pseudotomentella*, *Pseudochaetosphaeronema*, *Archaeorhizomyces*, *Millerozyma*, *Ganoderma*, *Syncephalis* y el género *Dinemasporium*), se observaron diferencias respecto a su abundancia relativa (%) entre SD y LC. En relación a estos géneros bacterianos, clases fúngicas y géneros fúngicos mencionados anteriormente, con excepción del género *Dinemasporium*, sus abundancias relativas resultaron significativamente mayores bajo LC. Simultáneamente se observó que el género fúngico

Dinemasporium resultó más abundante en SD. Los géneros bacterianos, las clases fúngicas y ciertos géneros fúngicos (*Sphaerobolus*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Lactarius* y *Pseudotomentella*), que resultaron más abundantes en LC, aportan diversas funciones al suelo como la descomposición de la materia orgánica (MO), el ciclado de nutrientes, control biológico de patógenos, simbiosis con plantas, interacciones microbianas, estabilización del suelo, entre otras. Por otro lado, 2 de los géneros fúngicos con mayor abundancia en LC (*Candida* y *Ganoderma*) incluyen diversas especies que pueden tener roles beneficiosos (descomposición de la MO, promoción del crecimiento vegetal, control de enfermedades) así como también otras que pueden ser perjudiciales y patógenas para los cultivos. Asimismo, se detectó una mayor abundancia en el sistema de SD del género fúngico *Dinemasporium*, el cual es reconocido por contribuir a la sanidad de ciertas especies vegetales. Esto se debe a su capacidad para producir metabolitos bioactivos dentro de los tejidos vegetales, los cuales poseen propiedades antibacterianas y antifúngicas. Sin embargo, aún no se comprende completamente su función específica en el suelo. Interesantemente, no se encontraron diferencias en los distintos índices de diversidad alfa evaluados entre SD y LC para ambas comunidades microbianas, mientras que la diversidad beta sí presentó diferencias en la estructura de la comunidad fúngica entre ambos sistemas de labranza. Además, se observó una disminución de la diversidad y una mayor homogeneidad de las muestras en LC, es decir, una mayor similitud de las comunidades fúngicas dentro de ese sistema.

Si bien se sugiere que la SD resulta beneficiosa para el sostenimiento de mejores cualidades del suelo, nuestros resultados indican que esta aseveración depende del parámetro analizado. Las diferencias encontradas en la estructura de las comunidades fúngicas demuestran su sensibilidad a los diferentes sistemas de labranza analizados, sugiriendo que, en los suelos bajo SD, al presentar una mayor diversidad beta, existe una mayor variación en las respuestas de las especies contenidas en la comunidad y por ende estos ambientes estarían más protegidos frente a perturbaciones ambientales. En este contexto, nuestros resultados sugieren que resulta necesario incorporar parámetros biológicos para tener una evaluación más precisa de la calidad edáfica. Estos hallazgos subrayan la necesidad de abordar de manera integral la gestión agrícola para promover sistemas sostenibles que optimicen tanto los aspectos físico-químicos como biológicos del suelo.

Palabras clave: sistemas de labranza, calidad del suelo, comunidades microbianas, cualidades físico-químicas.

2. INTRODUCCIÓN

Existe una creciente conciencia y reclamo social para que las actividades agrícolas tiendan a sistemas de sustentabilidad, ya que los recursos naturales son limitados, frágiles y no renovables, y entre ellos se incluye al suelo. Ello se debe a que funciones tan importantes como la preservación de la biodiversidad, la regulación del ciclo del agua, el almacenamiento y reciclaje de carbono y nutrientes, transcurren en el sistema suelo. Por otra parte, satisfacer la demanda mundial de *commodities* ha impulsado la intensificación de los sistemas de producción, como así también la expansión de la frontera agrícola. Se estima que alrededor de una cuarta parte de las tierras cultivables del planeta presentan algún signo de erosión y/o degradación, identificando como causas principales al empleo de prácticas de manejo inadecuadas, la deforestación y el sobrepastoreo (Azqueta Oyarzun, 2007). Mantener la calidad de los suelos y la productividad de los cultivos es un desafío importante para la agricultura moderna. La creciente conciencia ambiental está promoviendo el cambio del paradigma de producción, desde un modelo químico a uno biológico, implementando procesos que, además de preservar, conservar y proteger los recursos naturales, resulten saludables para satisfacer las necesidades sociales y económicas de los seres humanos. En este contexto, resulta imprescindible incluir parámetros biológicos en las evaluaciones del impacto de los diferentes sistemas de manejo sobre la calidad del suelo. Prácticas de manejo que tiendan a incrementar el contenido de carbono del suelo y a la vez favorecer la supervivencia y actividad microbiana podrían contribuir a la sustentabilidad de los sistemas agrícolas. Es por ello que entendemos que resultan fundamentales los trabajos tendientes a evaluar los cambios producidos por diferentes prácticas de manejo incluyendo los sistemas de labranza y el uso del rastrojo, sobre la calidad del suelo, las comunidades microbianas asociadas a los ciclos edáficos del Nitrógeno (N) y del Carbono (C), sobre el contenido de C, la fertilidad, entre otros, y, a partir de ello, evaluar la inclusión de posibles cultivos de cobertura alternativos.

El proceso de deterioro de la calidad edáfica también se ha observado en la Región Pampeana Argentina, una de las áreas de producción agrícola más importantes del mundo (Eiza et al., 2005; Ferreras et al., 2007). En esta región predominan suelos del orden Molisol, cuya composición mineral consiste en arcillas y principalmente limo, fracción que le confiere mayor susceptibilidad a la degradación estructural (Cosentino & Campos Pecorari, 2002). Por otra parte, además de los aspectos vinculados a la textura, el monocultivo de soja o en combinación con el cultivo de trigo, alteró la calidad de los suelos, muchos de los cuales presentan un marcado deterioro físico-químico y biológico (Buschiazzo et al., 1998; Micucci & Taboada, 2006). En este sentido, se observa una elevada extracción de nutrientes que no han sido repuestos en igual magnitud, poniendo en peligro la sustentabilidad de los sistemas productivos (Reboratti, 2010). Diferentes evaluaciones respecto a la cantidad de nutrientes incorporados a través de fertilizantes en los principales cultivos de la región (maíz, trigo, sorgo, soja y girasol), han determinado en promedio los siguientes porcentajes de reposición: nitrógeno 44%, fósforo 58%, potasio 3% y azufre 35% (Cruzate & Casas, 2009).

Asimismo, la predominancia del cultivo de soja y/o trigo/soja en los sistemas productivos, conlleva a un menor aporte de C orgánico al suelo a través de sus rastrojos en comparación con praderas de pastizales naturales con historia de uso definida (De Sa Pereira et al., 2015). Por otro lado, la ausencia de rotaciones agrícola-ganaderas con suelos bajo pastizales o bajo períodos de descanso, ha provocado en esta región una disminución significativa de la materia orgánica del suelo (MOS), con caídas de hasta un 50% del nivel original (Ferreras et al., 2007; Sainz Rozas et al., 2011; Wingeyer et al., 2015). La Siembra Directa (SD) perturba muy poco el suelo, solamente abre un pequeño surco donde ingresa la semilla, fuera de esa abertura el suelo no sufre ninguna alteración y la mayor parte del rastrojo de la cosecha anterior queda en la superficie (Baker et al., 2009; Dabalá, 2009; INTA, 2011). La adopción de la SD ha sido determinante en la actual producción agropecuaria, considerándose que alrededor del 80% del área cultivada de la Argentina se realiza bajo este sistema, lo cual, conjuntamente con los avances en maquinaria agrícola y en la biotecnología, han permitido un crecimiento importante en la producción y ha ido en detrimento de la Labranza Convencional (LC) (Alapin, 2009). Esto ha generado un debate sobre las causas del aumento de la producción, cuánto se debe al aumento en el rendimiento de los cultivos y cuánto al aumento de la superficie agrícola.

Sin embargo, en algunas situaciones se observan con frecuencia signos de disminución de la capacidad productiva de los suelos. Es por ello que se considera que, para lograr una producción sostenible, es esencial el adecuado funcionamiento del suelo, por lo que es imprescindible comprender las relaciones entre las propiedades edáficas y la productividad a través de parámetros que se vayan actualizando en precisión y rapidez de diagnóstico.

Un suelo de elevada calidad debe contar con las condiciones que permitan mantener alta productividad biológica, mantener la calidad ambiental, promover la salud de las plantas y animales y respecto a lo social, respetar y asegurar el derecho a la tierra de las poblaciones rurales y comunidades locales (García et al., 2012). La calidad de un suelo incluye componentes intrínsecos, determinados por las propiedades físicas, químicas y biológicas dentro de los límites establecidos por el clima y los ecosistemas. Asimismo, está condicionada por un componente externo de índole antrópico, afectado por las prácticas de manejo y uso de las tierras (Doran & Zeiss, 2000). Por otra parte, las limitadas oportunidades de expansión agrícola requieren una intensificación sostenible de los sistemas para lograr mayores rendimientos y evitar la expansión hacia ecosistemas frágiles o marginales para la agricultura (Restovich et al., 2011; Zibilske & Makus, 2009).

Para evaluar el impacto de estas prácticas, es necesario la identificación de indicadores sensibles que permitan monitorear de manera eficaz los cambios que se puedan producir, y así, percibir a tiempo signos de restauración o degradación. Numerosos autores han estudiado los parámetros físicos y químicos como sensores de calidad edáfica debido a que son propiedades vinculadas a las funciones de retención y provisión de agua y nutrientes. Sin embargo, generalmente se requieren varios años para detectar cambios significativos como resultado de perturbaciones (Costa et al., 2014; Trasar-Cepeda et al., 2008). Sin dudas, la MOS es uno de los indicadores de calidad de suelo por excelencia debido a que impacta sobre las propiedades físicas, químicas y biológicas. Por tal motivo, se siguen destinando esfuerzos para identificar, entre los componentes de la MOS, cuál se comporta como un indicador sensible para detectar diferencias ambientales o de manejo (Lal, 2008a, 2008b; Vezzani & Mielniczuk, 2009). La mineralización de la MOS es controlada principalmente por el tamaño y la actividad de la biomasa microbiana que puede responder a las perturbaciones en una escala de tiempo menor, por lo que los parámetros biológicos presentan un interesante potencial como atributos de alta sensibilidad a los cambios provocados por el uso del suelo (Melero et al., 2009; Trasar-Cepeda et al., 2008).

Los indicadores biológicos explican procesos microbianos que ocurren en el suelo en forma global o a través de reacciones específicas, lo cual permite evaluar la actividad metabólica y, de esta forma, entender la funcionalidad del suelo. La comunidad microbiana presente en el suelo es sumamente diversa, con organismos que pertenecen a diversos grupos taxonómicos y fisiológicos. Estos cumplen un rol fundamental en muchos procesos vitales del suelo, como la descomposición de materia orgánica, el ciclado de nutrientes y la degradación o inactivación de contaminantes (Larkin et al., 2005). Los microorganismos a su vez aportan a la estabilidad de los agregados, favorecen la capacidad de intercambio catiónico, la aireación del suelo, la infiltración del agua entre otros beneficios (Gregorich et al., 1994; Nannipieri et al., 2003; Seklemova et al., 2001). Debido a que los organismos pueden responder sensiblemente a las perturbaciones por el manejo, pueden constituirse en excelentes herramientas para detectar cambios en la recuperación o servir como advertencia en cuanto a riesgos de degradación de un suelo, incluso antes que las propiedades físicas y químicas (Doran & Zeiss, 2000; Růžek et al., 2004).

3. OBJETIVOS

El objetivo general de este plan de trabajo es evaluar los cambios producidos por diferentes prácticas de manejo sobre la calidad del suelo y evaluar variables físico-químicas y biológicas, con el fin de determinar su capacidad como indicadores sensibles de la misma.

OBJETIVOS PARTICULARES:

- a) Caracterizar y comparar las propiedades físicas y químicas de los suelos superficiales sometidos a sistemas de labranza directa y convencional.
- b) Determinar el perfil de stock de C de los sistemas de labranza y sus niveles de N y compararlo con praderas de pastizales naturales con historia de uso definida durante al menos los últimos 20 años.
- c) Estudiar la estructura comunitaria microbiana edáfica de ambos sistemas de labranza.

En base al hecho de que la Siembra Directa (SD) disminuye la perturbación del suelo, surgen las siguientes Hipótesis de trabajo:

1. La estructura comunitaria microbiana edáfica desarrollada bajo sistema de SD difiere de la estructura comunitaria microbiana edáfica desarrollada bajo sistema de LC.
Se espera encontrar una mayor proporción en la abundancia de ciertos grupos microbianos, como por ejemplo miembros de los filos bacterianos *Actinobacteria* o *Firmicutes* y de los filos fúngicos *Ascomycota* o *Basidiomycota*, en los suelos bajo SD en comparación con aquellos suelos bajo LC.
2. Suelos sometidos a sistema de SD presentan mayor aporte de C lábil que aquellos suelos sometidos a sistemas de LC.
En suelos carentes de remoción ni extracción de nutrientes, como es el caso de las praderas de pastizales naturales, se esperan valores más altos de C. Mientras que, se espera encontrar los valores más bajos de aporte de C en el sistema de LC.
3. Suelos bajo sistema de manejo de SD presentan mejores cualidades físico-químicas respecto a los suelos sometidos a sistemas de LC.
En suelos de menor perturbación, mayor cobertura de residuos, menor riesgo de erosión, entre otras cualidades que destacan a aquellos suelos bajo SD, se esperan propiedades físico-químicas de calidad superior respecto a aquellos suelos bajo el sistema de LC.

4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1 Descripción del sitio de estudio

El estudio se realizó en la Chacra Experimental Integrada de Chascomús (CEICh) ($35^{\circ} 44' 52.44''$ S; $58^{\circ} 02' 56.48''$ W) – (INTA-MDA Bs.As., 2013) (Fig. 1). El suelo objetivo de estudio se clasificó como un Argiudol fino, ilítico, abrupto térmico (Staff, 2006). El clima en la región es templado, con un régimen de precipitación media anual que oscila entre los 800 a 1000 mm y una temperatura media anual de 16°C , siendo 23°C la media de los meses de verano y 9°C la media de los meses de invierno.

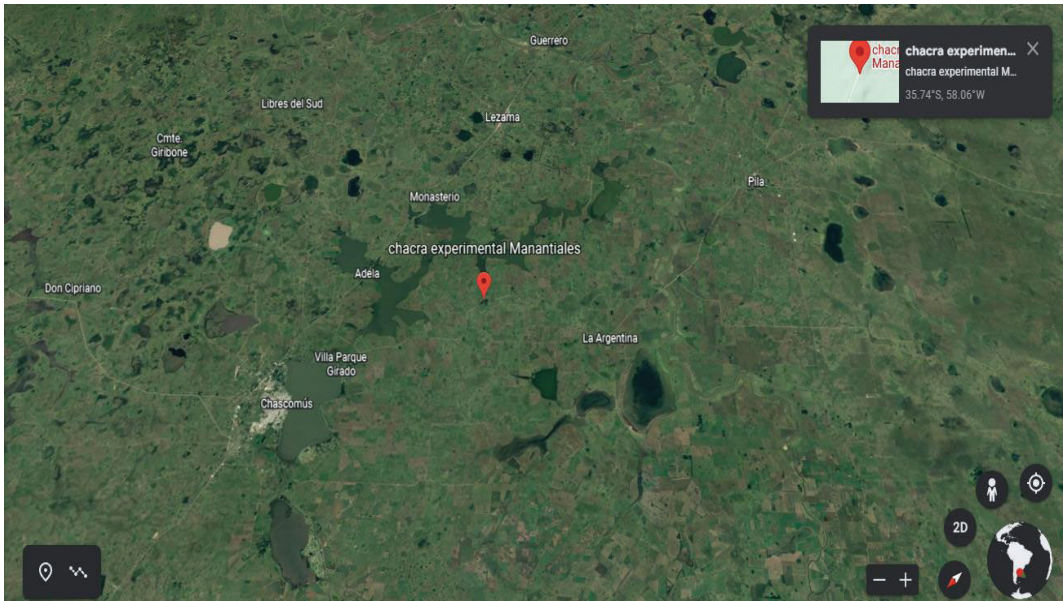


Fig. 1. Chacra Experimental Integrada de Chascomús (CEICh), Chascomús, Provincia de Buenos Aires ($35^{\circ} 44' 52.44''$ S; $58^{\circ} 02' 56.48''$ W).

Las muestras fueron tomadas el 11 de marzo de 2021 en parcelas experimentales destinadas hace más de 20 años a un diseño experimental de bloques al azar completos, en donde el factor analizado lo constituyen los sistemas de labranza a los cuales fueron sometidas las diferentes parcelas durante este tiempo. Este factor consta de dos niveles (cada uno de los dos sistemas de labranza aplicados) y 3 repeticiones por cada uno. Las unidades experimentales las constituyen cada parcela, de 30 m de ancho y 50 m de largo, asignada al azar a cada tratamiento, dentro de cada bloque (Fig. 2): a) Siembra Directa (SD), en el que solo una franja estrecha (0.05 m) de suelo se perforó para depositar las semillas, b) Labranza Convencional (LC) con arado de discos y rastra de dientes a 0,20 m de profundidad, y posterior alisado antes de la siembra de cultivos. Durante todo este tiempo, en cada parcela y bajo el sistema de labranza asignado se han realizado los mismos cultivos anuales invernales y estivales, con el mismo plan de fertilización, aplicaciones de herbicidas, funguicidas e insecticidas, hasta la cosecha.

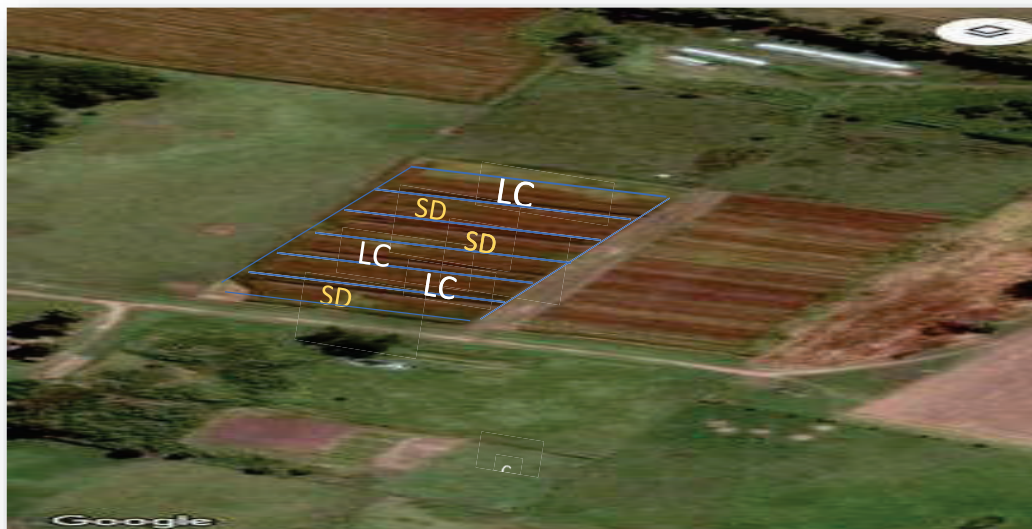


Fig. 2. Ensayo de Siembra Directa (SD) vs Labranza Convencional (LC)

4.2 Recolección de muestras y determinación de los parámetros fisicoquímicos edáficos

En cada unidad experimental (*i.e.* parcela) se tomaron tres muestras compuestas de suelo a dos profundidades 0-10 y 10-30 cm, cada una en un radio de 5 a 10 mts empleando un barreno. Las muestras fueron colocadas en bolsas plásticas, homogeneizadas y debidamente rotuladas para su posterior análisis.

En el laboratorio se procedió al secado al aire de las muestras, luego fueron desterronadas y tamizadas con malla de 2 mm para homogeneizarlas, evitando la inclusión de raíces finas visibles en la muestra ya que sus contenidos de C y N no componen los compuestos orgánicos coloidales estables de la MOS, pudiendo conducir a errores en la interpretación de la acumulación de C y N en el perfil del suelo. Previamente a la determinación de los niveles de C y N, se verificó la reactividad de los carbonatos minerales (CaCO_3 y MgCO_3).

La densidad aparente del suelo (DA) se determinó a través de la técnica del cilindro a campo. Además, se analizó la textura y variables químicas descriptas más adelante recurriendo a los servicios del Laboratorio adherido a la red SAMLA (SUELO ARGENTINO- Estudio Integral Lab) de acuerdo a las normas IRAM-SAGyP (SAMLA, 2004).

Para el cálculo del stock de Carbono Orgánico Total (COT), Carbono Orgánico Particulado (COP) y Nitrógeno Total (NT) en Megagramo por hectárea, se tuvo en cuenta la concentración de C y N en cada sistema de labranza, el espesor del horizonte de muestreo y la densidad aparente correspondiente (Schmidt, 2015).

$$\text{Stock} = \left(\frac{x}{100}\right) * DA * p * 10^4 \text{ m}^2 \text{ ha}^{-1}$$

Donde DA es la densidad aparente (Mg m^{-3}); p es el espesor del suelo en metros y x es el contenido de COT, COP y NT o sus fracciones en %.

El factor de cambio de stocks de COT, COP y NT del suelo fue calculado como la razón entre el stock de COT, COP y NT del suelo bajo los dos sistemas de labranza (SD y LC) y el stock bajo el suelo de referencia, a 0-10 y 10-30 cm respectivamente (Berhongeray et al., 2013). Se utilizaron como referencia los niveles de C y N obtenidos previamente (2019) en potreros dentro de la CEICh.

Se realizó la determinación de parámetros físicos en ambos estratos del perfil (0-10 y 10-30 cm). Mediante la utilización de un lector PROCHECK, provisto de sensores METER GS3. En cada caso, se determinó el contenido de agua (WCON, m^3/m^3), temperatura del suelo (TEMP, °C) y la conductividad eléctrica (CE, dS/m).

Por otra parte, la resistencia a la penetración (RSP, Kpa) se midió utilizando un penetrómetro de cono digital-manual de la marca FieldScout SC-900 (Spectrum Technologies Inc.). Este último parámetro mencionado es un indicador del nivel de compactación del suelo. La compactación limita el crecimiento radicular y la cantidad de aire y agua de que disponen las raíces (Herrick & Jones, 2002; Lampurlanés & Cantero-Martínez, 2003).

Los parámetros químicos medidos fueron COT, COP, NT, Nitrógeno de Nitratos (N_{NO_3}), Nitrógeno de Amonio (N_{NH_4}) y la relación Carbono/Nitrógeno (CN).

La determinación de COT (%), COP (%), NT (%), N_{NO_3} (ppm) y N_{NH_4} (ppm) y la relación CN se realizó a través del servicio de terceros por espectrofotometría de masas utilizando un espectrofotómetro LECO TruSpec CN (CarbonNitrogen Determinator) en el Departamento de Servicios Analíticos de Suelo, Planta y Ambiente (LABSPA) del Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS, CONICET).

Las variables analizadas fueron las siguientes:

- pH en pasta de saturación (1:2,5) mediante pH-metro.
- Salinidad a través de la conductividad eléctrica del extracto de saturación (CE).
- Fósforo disponible o extractable (P) a través del método Bray I (Bray & Kurtz, 1945).
- Aniones y cationes en solución, mediante espectrofotometría: Ca^+ (Ca_{sol}), Mg^+ (Mg_{sol}), Na^+ (Na_{sol}), K^+ (K_{sol}), S^- (Sulf_{sol}) y HCO_3^- (Bic_{sol}), los cuales fueron medidos en el extracto de saturación del suelo.
- La relación de absorción del sodio (RAS) fue calculada como la relación entre aniones y cationes en solución.
$$\text{RAS} = \text{Na} / \sqrt{(\text{Ca} + \text{Mg}) / 2}$$
- Macronutrientes intercambiables: Calcio (Ca_{exc}), Magnesio (Mg_{exc}), Sodio (Na_{exc}) y Potasio (K_{exc}), se midieron por el método de extracción de acetato de amonio (1M, pH = 7) (SAMPLA, 2004; Sumner & Miller, 1996).

- Capacidad de Intercambio Catiónico (CIC), mediante el método de desplazamiento por Acetato de Amonio (Chapman, 1965). Comprende a los cationes intercambiables Ca_exc, Mg_exc, Na_exc y K_exc.
- Porcentaje de Sodio Intercambiable (PSI). $PSI = \text{Sodio Intercambiable (Na_exc)} / \text{Capacidad de Intercambio Catiónico (CIC)} * 100$
- Humedad de Saturación (%)
- Limo, Arcilla y Arena (%).

Con el objetivo de describir física y químicamente a los suelos bajo ambas prácticas de manejo, se implementó un Análisis de Componentes Principales (ACP), el cual tiene como objetivo analizar patrones subyacentes en conjuntos de datos multidimensionales. El ACP es una técnica de ordenamiento que permite proyectar datos en las direcciones de máxima varianza y de este modo eliminar aquellas direcciones o planos que aporten menos información de forma tal de comprender relaciones entre las variables o descubrir patrones presentes en los datos. Para ello, se usó la función *PCA ()* del paquete *FactoMineR*, del software R (R Core Team, 2022) con previa estandarización de los datos a través de la función *decostand ()*. Al contar con un gran número de variables ambientales, se decidió considerar aquellas que mayor contribución tuvieron en la componente principal 1 (Dim 1) y 2 (Dim 2) a través de la función *fviz_contrib ()* del paquete *FactoMineR*. Mediante las dos primeras componentes principales se explica el mayor porcentaje de variabilidad del conjunto de datos. Luego se identificaron y descartaron aquellas variables con colinealidad superior a 0.65 a través de la función *vifcor ()*.

El ACP fue seguido de un análisis permutacional de la varianza (PERMANOVA) para evaluar la significancia del agrupamiento obtenido a partir del ACP. Primeramente, utilizando la función *adonis2 ()* del paquete *vegan* se realizó el PERMANOVA en base al patrón que se observó en el ACP y luego a través de la función *betadisp ()*, del paquete *vegan*, se chequeó la homogeneidad de las dispersiones multivariadas entre los grupos, lo cual es importante para validar la aplicabilidad del PERMANOVA (Anderson & Walsh, 2013).

4.3 Aislamiento de ADN y secuenciación por Illumina-MiSeq

Por otro lado, las muestras destinadas al estudio de las comunidades microbianas (i.e. bacterianas y fúngicas) fueron colocadas en bolsas plásticas debidamente rotuladas y llevadas al laboratorio, donde se conservaron a 4°C hasta el momento del análisis. La extracción de ADN de las muestras se realizó a partir de 0.25 gr de suelo con la utilización del kit de extracción de ADN de suelo Qiagen®, según el protocolo estándar. Se comprobó la concentración y la calidad del producto resultante, a través de espectrofotometría (Synergy TM H1, BIOTEK) y electroforesis en gel de agarosa al 1.5%. Para la construcción de las librerías tanto bacterianas como fúngicas, se usaron 10 ng de ADN como templado de reacciones de PCR. Las librerías finales se componen de ADN de doble hélice de 600 pares de bases. Para amplificar la región hipervariable V3-V4 del marcador molecular rRNA 16S se emplearon los primers MiSeq341F (5'-3' ACACTCTTCCCTACACGAC) y MiSeq805R (5'-3' GTGACTGGAGTTCAGACGTG) (Klindworth et al., 2013). Mientras que para la amplificación de la región ITS2 se utilizaron los primers ITS3-F (5'-3' GCATCGATGAAGAACGCAGC) e ITS4-R (5'-3' TCCTCCGCTATTGATATGC) (Nilsson et al., 2009; White et al., 1990).

El protocolo de PCR empleado fue el siguiente (volumen final de 25 ul): 95 °C por 3 min, 25 ciclos de 95 °C durante 30 s, 55 °C por 30 s, y 72 °C durante 30 s. Esto fue seguido de una etapa final de 72 °C por 5 min y un último paso de mantenimiento a 4 °C. Tanto la construcción de las librerías como el secuenciamiento del ADN de las comunidades bacterianas y fúngicas se llevaron a cabo mediante la plataforma Illumina MiSeq de 2 x 300 pares de bases, adecuada para estudios de estructura de comunidades microbianas (Sinclair et al., 2015; Wen et al., 2017). Las librerías de amplicones y el secuenciamiento fueron realizados por el Centro de Servicios y Conocimientos Génome Quebec de Montreal, Canadá.

4.4 Análisis de datos Illumina

El pre-procesamiento de las secuencias se realizó con el Software “Quantitative Insights Into Microbial Ecology 2” (QIIME2, versión 2022.11), desarrollado por Bolyen et al. (2019). Este pre-procesamiento consistió en un primer paso de control de calidad de las secuencias crudas el cual se realizó utilizando el software FastQC (versión 0.11.9) (Bolger et al., 2014) en el entorno Linux. Una vez eliminados los primers y realizado el filtrado por calidad, se implementó la estrategia de asignación de ASVs (variantes de secuencia de amplicón) implementada mediante el flujo de trabajo DADA2 (versión 1.22.0) (Callahan et al., 2016).

La asignación taxonómica se realizó utilizando la base de datos SILVA (versión 138) (Quast et al., 2013) para bacterias y UNITE (versión 8.3) (Abarenkov et al., 2021) para hongos. Para ello se utilizaron las herramientas Naive-Bayes y el complemento q2-feature-classifier de QIIME2. Finalmente, se realizó el alineamiento de secuencias utilizando el software MAFFT (versión 7.505) (Katoh & Standley, 2013) y se realizaron sendos árboles filogenéticos a través del método FastTree (Price et al., 2009) en el entorno Linux.

4.5 Análisis Estadísticos

Para poder realizar el análisis estadístico de los microbiomas bacterianos y fúngicos, se eliminaron aquellas secuencias que presentaban una única lectura (singletons), secuencias asignadas a cloroplastos, mitocondrias y secuencias cuya asignación taxonómica no correspondía a los grupos aquí considerados ya que no aportan información útil. Una vez eliminadas estas secuencias, se procedió al filtrado de la matriz resultante. Para ello, se consideraron únicamente aquellos ASVs presentes con un total de lecturas superior al 0.01 % del total del análisis (Cao et al., 2021).

Mediante el software de código libre R y a través de la librería *qiime2R*, se importaron los objetos resultantes del análisis realizado en QIIME2 (i.e. la Tabla de abundancia de ASVs de ambas comunidades edáficas, la Tabla de asignación taxonómica; las secuencias representantes, los árboles filogenéticos y la Tabla de metadatos).

4.6 Análisis de Composición

El análisis de abundancia diferencial se realizó a través del método *linDA* (Zhou et al., 2022) del paquete *MicrobiomeStat* usando la función *trans_diff()*. Esta prueba permite encontrar diferencias en la composición comunitaria entre distintos tratamientos e identificar aquellos taxones relevantes en la determinación de estas diferencias (Nearing et al., 2022). Este método implica tres pasos simples que se pueden llevar a cabo de manera eficiente. Primero, ejecuta regresiones lineales utilizando los datos de abundancia transformados por relación logarítmica centrada (CLR en inglés)

como respuesta. Al trabajar con datos composicionales, es necesario abordar el efecto compositivo, el cual se refiere a la restricción que existe en la composición de los datos, donde la suma de las abundancias relativas de todos los taxones es constante. Al realizar regresiones lineales surge un sesgo debido a este efecto compositivo, el cual lo corrige utilizando la moda de los coeficientes de regresión entre diferentes taxones. Finalmente, calcula los valores p basados en los coeficientes de regresión corregidos por sesgo y aplica el procedimiento de corrección Benjamini-Hochberg (BH) para controlar la tasa de falso positivo (FDR en inglés).

Se analizó la abundancia diferencial en primer lugar entre sistemas de labranza, SD y LC, considerando ambas profundidades de muestreo para cada sistema, y posteriormente se analizó entre profundidades de muestreo, en este caso considerando ambos sistemas para cada profundidad respectivamente.

Para comprender no solo la diversidad exclusiva de cada sistema de labranza, sino también la similitud en términos de ASVs, se utilizó la función *trans_venn ()* del paquete *microeco* (Liu et al., 2021), para crear el diagrama de Venn, el cual muestra los ASVs únicos y compartidos que existen entre los dos sistemas de labranza evaluados en este trabajo.

4.7 Análisis de Diversidad

El estudio de diversidad tuvo por objetivo conocer la riqueza de ASVs y caracterizar a la comunidad en cuanto a sus propiedades intrínsecas (Diversidad Alfa) y comparar la estructura de las mismas entre los diferentes tratamientos (Diversidad Beta).

4.7.1 Diversidad Alfa

A través de la librería *phyloseq* y de la función *estimate_richness ()* se calcularon los siguientes índices: riqueza observada como número de ASVs presentes (Gotelli & Colwell, 2011), Chao1 el cual estima la riqueza relacionando los ASVs esperados en función de los ASVs observados (Chao, 1984), cobertura basada en abundancia ACE (Chao & Lee, 1992), entropía de Shannon (Shannon et al., 1981), dominancia de Simpson el cual evalúa la diversidad y mide la probabilidad de que dos individuos seleccionados al azar pertenezcan a diferentes especies, Inversa de Simpson (Simpson, 1949), Fisher (Fisher et al., 1943) y el índice de diversidad filogenética PD (Faith, 1992). Se determinó si existían diferencias significativas, con un nivel de significancia de 0.05, entre los sistemas de labranza a través de la prueba de Kruskal-Wallis para los distintos tipos de índices mencionados anteriormente.

A través del análisis de estos índices de diversidad alfa, es posible caracterizar tanto la riqueza específica de cada comunidad como su estructura, determinando la presencia de ASVs que puedan ejercer la dominancia y del mismo modo la participación de ASVs que se encuentran en baja proporción con respecto al total.

4.7.2 Diversidad Beta

El estudio de diversidad beta permite analizar la tasa de cambio composicional entre diferentes comunidades y cuantifica sus (di)similitudes (Lahti et al., 2021). En este trabajo se aplicó la matriz de distancia Bray-Curtis mediante la función *trans_beta ()* de la librería *microeco*. La matriz de disimilitud obtenida se utilizó para generar un ordenamiento de las unidades experimentales en base a su composición comunitaria a través de la técnica de escalamiento multidimensional no métrico

(NMDS). El objetivo del NMDS es representar las relaciones de disimilitud en un espacio bidimensional o tridimensional, donde las distancias entre los puntos en el espacio reflejan las disimilitudes originales calculadas con la matriz de Bray-Curtis (Bakker, 2023). Luego del NMDS, se realizó un PERMANOVA, con un nivel de significancia de 0.05, se utilizó la función *cal_manova()* para evaluar la significancia estadística de las diferencias en los ordenamientos generados por el NMDS. Por último, se chequeó la homogeneidad de las dispersiones multivariadas a través de la función *betadisp()* del paquete *vegan*, para validar la aplicabilidad del PERMANOVA.

5. RESULTADOS

5.1 Parámetros físico-químicos y edáficos del sitio de estudio

En la siguiente Tabla se resumen los valores determinados para los diferentes parámetros físico-químicos medidos en ambos sistemas de labranza, a sus respectivas profundidades.

Tabla 1. Parámetros físico-químicos de suelo para los dos sistemas de labranza y a dos profundidades (promedio \pm desviación estándar (DE)).

Variable	Sistema de Labranza 0-10 cm		Sistema de Labranza 10-30 cm	
	SD	LC	SD	LC
pH	5.77 \pm 0.06	5.6 \pm 0.00	5.77 \pm 0.11	5.63 \pm 0.15
CE	0.47 \pm 0.01	0.62 \pm 0.03	0.41 \pm 0.01	0.71 \pm 0.07
H	58.26 \pm 1.17	56.3 \pm 5.80	57 \pm 1.25	54.9 \pm 2.60
P	16.63 \pm 2.60	15.91 \pm 1.44	16.4 \pm 6.09	13.31 \pm 3.64
Sulf_sol	113.80 \pm 3.21	153.43 \pm 15.46	96.63 \pm 1.05	172.43 \pm 14.02
COT	3.22 \pm 0.05	2.96 \pm 0.07	3.02 \pm 0.05	2.77 \pm 0.14
COP	0.12 \pm 0.01	0.13 \pm 0.02	0.09 \pm 0.01	0.10 \pm 0.01
NT	0.30 \pm 0.02	0.29 \pm 0.01	0.29 \pm 0.01	0.28 \pm 0.01
N_NH4	34.9 \pm 7.10	33.3 \pm 4.22	27.9 \pm 6.10	29.5 \pm 1.07
N_NO3	32.4 \pm 2.14	47.1 \pm 3.86	32.4 \pm 7.29	51.9 \pm 2.41
CN	10.6 \pm 0.53	10.2 \pm 0.08	10.4 \pm 0.29	9.83 \pm 0.25
DA	1.25 \pm 0.07	1.18 \pm 0.03	1.31 \pm 0.11	1.35 \pm 0.04
TEMP	27.1 \pm 3.89	27 \pm 2.82	26.9 \pm 3.74	26.9 \pm 2.61
KPA	2069.4 \pm 502.09	1287.97 \pm 207.58	3775.33 \pm 230.57	1843.69 \pm 1260.96
Na_exc	0.06 \pm 0.01	0.04 \pm 0.02	0.06 \pm 0.03	0.05 \pm 0.02
K_exc	0.76 \pm 0.04	0.74 \pm 0.02	0.66 \pm 0.05	0.67 \pm 0.05
Mg_exc	0.43 \pm 0.04	0.43 \pm 0.17	0.39 \pm 0.09	0.33 \pm 0.21
Ca_exc	2.49 \pm 0.05	2.42 \pm 0.15	2.64 \pm 0.16	2.48 \pm 0.14
PSI	1.47 \pm 0.27	1.03 \pm 0.31	1.44 \pm 0.45	1.25 \pm 0.66
Na_sol	3.03 \pm 0.38	2.97 \pm 0.74	2.27 \pm 0.47	3.27 \pm 0.46
K_sol	19.80 \pm 1.06	23.70 \pm 4.27	15.53 \pm 1.11	22.07 \pm 3.25
Mg_sol	14.00 \pm 11.95	11.47 \pm 3.23	9.23 \pm 4.21	11.03 \pm 1.36
Ca_sol	42.80 \pm 7.07	44.37 \pm 7.81	41.70 \pm 5.82	53.03 \pm 8.75
RAS	0.14 \pm 0.01	0.14 \pm 0.03	0.11 \pm 0.03	0.14 \pm 0.02
Bic_sol	21.33 \pm 0.42	18.80 \pm 0.87	20.83 \pm 1.25	19.03 \pm 2.80
Limo	57.27 \pm 1.50	61.53 \pm 0.77	58.10 \pm 3.77	60.13 \pm 3.52
Arcilla	14.50 \pm 2.59	11.47 \pm 0.93	13.57 \pm 3.67	13.10 \pm 3.66
Arena	28.23 \pm 1.62	27.03 \pm 0.21	28.33 \pm 2.29	26.73 \pm 0.23

CE: Conductividad Eléctrica, H: Humedad, P: Fósforo, Sulf_sol: Sulfatos solubles, COT: Carbono Orgánico Total, COP: Carbono Orgánico Particulado, NT: Nitrógeno Total, N_NH₄: Nitrógeno de Amonio, N_NO₃: Nitrógeno de Nitrato, CN: Relación Carbono/Nitrógeno, DA: Densidad Aparente, TEMP: Temperatura, KPA: Resistencia a la penetración, Na_exc: Sodio intercambiable, K_exc: Potasio intercambiable, Mg_exc: Magnesio intercambiable, Ca_exc: Calcio intercambiable, PSI: Porcentaje de Sodio Intercambiable, Na_sol: Sodio soluble, K_sol: Potasio soluble, Mg_sol: Magnesio soluble, Ca_sol: Calcio soluble, RAS: Relación de Absorción de Sodio, Bic_sol: Bicarbonato soluble.

5.1.1 Resistencia a la penetración

En la Figura 3, se observa que en el sistema de LC, el mayor valor de resistencia a la penetración se encontró a los 10 cm del perfil, correspondiente al piso de arado, con un valor por encima de los 3000 Kpa. Superada esa profundidad los valores comenzaron a disminuir hasta los 20 cm, luego se mantuvo ligeramente por debajo del límite de 2000 Kpa, considerado para el buen desarrollo radicular (Peralta et al., 2020), hasta los 27.5 cm del perfil. Cabe mencionar que entre los 7.5 cm y los 17.5 cm la resistencia estuvo por encima de los 2000 Kpa.

Con respecto al sistema de SD, se observa que los valores de resistencia siempre resultaron superiores a los valores de LC. Entre los 5 cm y 30 cm del perfil estuvieron por encima de los 2000 Kpa manteniéndose relativamente constante a partir de los 17.5 cm.

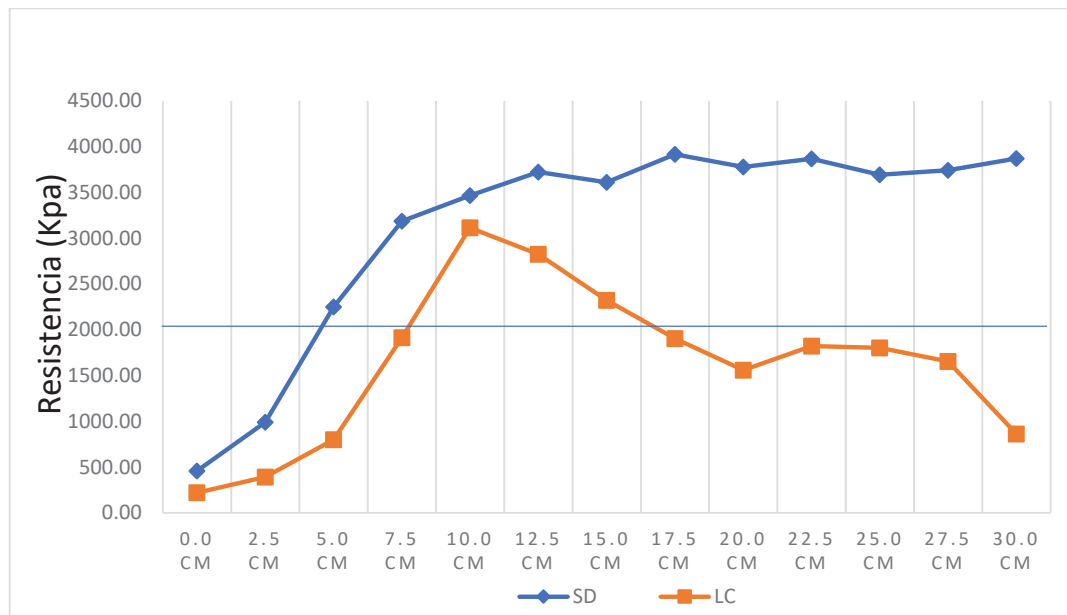


Fig. 3. Resistencia a la penetración debido a la compactación del suelo (Kpa) medida de 0 a 30 cm de profundidad en los dos sistemas de labranza, SD y LC.

5.1.2 Stock de Carbono Orgánico Total, Carbono Orgánico Particulado, Nitrógeno Total y los Factores de Cambio

En las Figuras 4, 5 y 6 se muestran los valores obtenidos para los parámetros vinculados al C y N bajo ambas prácticas de manejo del suelo, en ambas profundidades consideradas, comparados contra el suelo de referencia. En la Figura 4 a se observa que el stock de COT, a 0-10 cm resultó superior (p -valor=0.02) en SD respecto al stock de COT del sistema de LC, y en ambos casos, resultaron mayores que los valores obtenidos para el suelo de referencia. A 10-30 cm no se encontraron diferencias (p -valor= 0.26) en el stock de COT entre sistemas de labranza, en comparación al stock de COT del sistema de referencia en ambas profundidades los valores de los sistemas de labranza fueron superiores respecto a los valores del sistema de referencia (Fig. 4 b).

Como se puede observar en la Figura 5 a y b no se encontraron diferencias (p -valor= 0.86 a 0-10 y p -valor= 0.13 a 10-30 cm) en el stock de COP entre sistemas de labranza en ninguna de las dos profundidades. Comparando los valores de stocks de COP de los sistemas de labranza con los valores del sistema de referencia, en este caso, en ambas profundidades, fueron superiores los valores en este último sistema.

Con respecto al stock de NT se observa que no se encontraron diferencias (p -valor= 0.18 a 0-10 cm, p -valor= 0.93 a 10-30 cm) entre los sistemas de labranza en ambas profundidades (Fig. 6 a y b). En comparación con los valores del sistema de referencia, tanto en SD como en LC y en las dos profundidades, fueron superiores los stocks de NT en estos últimos sistemas.

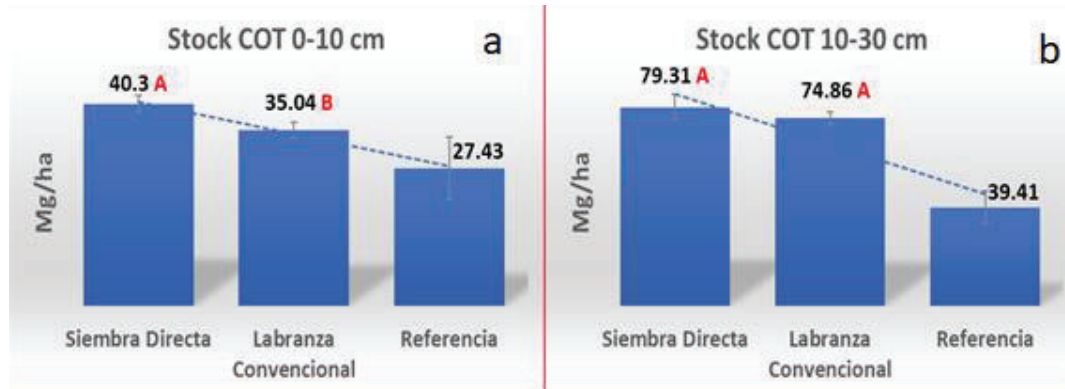


Fig.4 a. Datos de la media del stock de Carbono Orgánico Total (COT) de 3 repeticiones entre 0-10 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. **Fig.4 b.** Datos de la media del stock de Carbono Orgánico Total (COT) de 3 repeticiones entre 10-30 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. Análisis estadístico mediante ANOVA (Tukey, α = 0.05). Se compara la media entre SD y LC. Letras diferentes indican diferencias significativas.

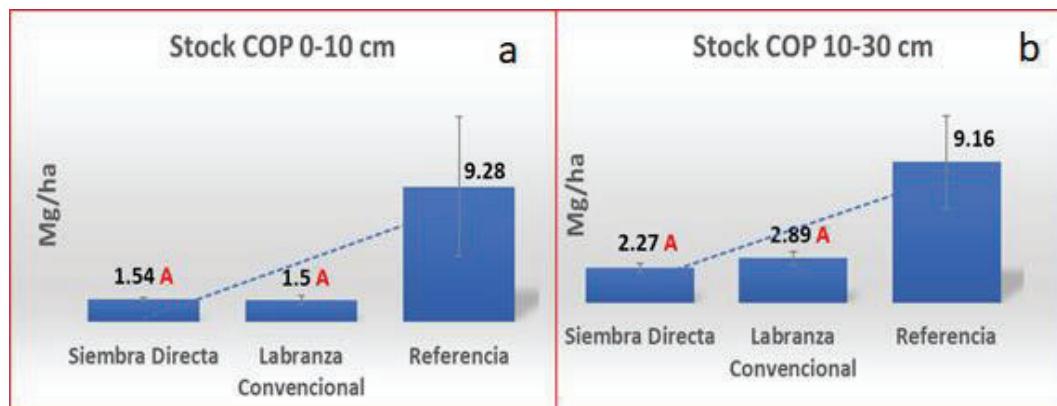


Fig.5 a. Datos de la media del stock de Carbono Orgánico Particulado (COP) de 3 repeticiones entre 0-10 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. **Fig.5 b.** Datos de la media del stock de Carbono Orgánico Particulado (COP) de 3 repeticiones entre 10-30 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. Análisis estadístico mediante ANOVA (Tukey, α = 0.05). Se compara la media entre SD y LC. Letras diferentes indican diferencias significativas.

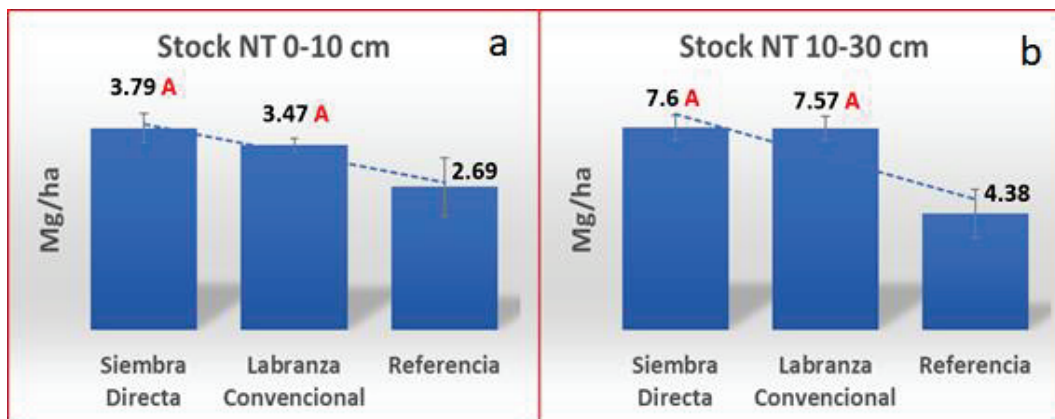


Fig.6 a. Datos de la media del stock de Nitrógeno Total (NT) de 3 repeticiones entre 0-10 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. **Fig.6 b.** Datos de la media del stock de Nitrógeno Total (NT) de 3 repeticiones entre 10-30 cm para SD, LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia. Análisis estadístico mediante ANOVA (Tukey, $\alpha=0.05$). Se compara la media entre SD y LC. Letras diferentes indican diferencias significativas.

En la Tabla 2 se destaca que el factor de cambio del stock de COT, fue superior a 1 en todas las comparaciones entre cada sistema de labranza y el sistema de referencia a su respectiva profundidad, es decir, hubo un incremento del stock de COT en los sistemas de labranza. Este aumento fue más pronunciado en ambas profundidades al compararlo con SD, registrando un incremento del 47 % a 0-10 cm y un 101 % a 10-30 cm. En contraste, el factor de cambio del stock de COP fue menor a 1 en todas las comparaciones, es decir, hubo una disminución del stock de COP en los sistemas de labranza. A 0-10 cm, se observó el valor más bajo en la relación entre el sistema de LC y el sistema de referencia, con una disminución del 84 % (1-0.16). A 10-30 cm, la reducción más significativa fue del 75 %, correspondiente a la comparación entre el sistema de SD y el sistema de referencia (1-0.25). Por otro lado, el factor de cambio del stock de NT fue superior a 1 en los cuatro casos, con un aumento del 41 % entre el sistema de SD y el de referencia a 0-10 cm. A 10-30 cm, se observó un incremento del 73 % en la comparación tanto de LC como de SD con el sistema de referencia.

Tabla 2. Factor de cambio del stock de COT, COP y NT entre los sistemas de labranza y el sistema de referencia.

Comparación Sistemas	Factor de Cambio Stock COT	Factor de Cambio Stock COP	Factor de Cambio Stock NT
SD_10- Ref_10	1.47	0.17	1.41
LC_10- Ref_10	1.28	0.16	1.29
SD_30- Ref_30	2.01	0.25	1.73
LC_30- Ref_30	1.9	0.32	1.73

SD_10: Siembra_Directa (0-10 cm), Ref_10: Sistema de referencia (0-10 cm), LC_10: Labranza Convencional (0-10 cm), SD_30: Siembra_Directa (10-30 cm), Ref_30: Sistema de referencia (10-30 cm), LC_30: Labranza Convencional (10-30 cm), COT: Carbono Orgánico Total, COP: Carbono Orgánico Particulado, NT: Nitrógeno Total.

5.1.3 Contenido de Nitrógeno de Nitratos, Nitrógeno de Amonio y relación CN

La Tabla 3 presenta los valores de N-NO₃, N-NH₄ y CN en los sistemas de labranza y en el sistema de referencia a 0-10 y 10-30 cm. En ella se observa que los valores de N-NO₃ en LC fueron superiores respecto a los del sistema de referencia, mientras que a 0-10 cm el sistema de referencia presentó un valor más alto respecto que al encontrado en SD. Entre sistemas de labranza los valores de N-NO₃ fueron superiores en el sistema de LC (p-valor= 0.001) respecto a los valores obtenidos en SD.

En cuanto al N-NH₄, los valores encontrados en los sistemas de labranza fueron superiores respecto a los valores del sistema de referencia. Por otro lado, no se encontraron diferencias en los valores de SD y LC.

La relación CN en general fue superior en los sistemas de labranza respecto al sistema de referencia excepto en LC a 10-30, la cual fue inferior que la observada en el sistema de referencia a 0-10. Mientras que entre sistemas de labranza la relación CN no presentó diferencias.

Tabla 3. Fracciones de N-NO₃, N-NH₄ y relación CN en suelos agrícolas para los dos sistemas de labranza y el sistema de referencia, a dos profundidades. Media y desviación estándar (DE).

Sistema	Siembra_Directa		Labranza Convencional		Referencia	
	0-10	10-30	0-10	10-30	0-10	10-30
N-NO3 (ppm)	32.43 ± 2.13 b	32.43 ± 7.28 b	47.13 ± 3.85 a	51.86 ± 2.41 a	37.94 ± 11.46	31.85 ± 5.76
N-NH4 (ppm)	34.90 ± 7.10 a	27.90 ± 6.10 a	33.26 ± 4.22 a	29.53 ± 1.06 a	15.05 ± 5.11	11.97 ± 6.06
CN	10.60 ± 0.54 a	10.37 ± 0.28 a	10.19 ± 0.08 a	9.84 ± 0.24 a	10.17 ± 1.09	9.08 ± 0.80

Datos de la media de 3 repeticiones para SD y LC y 10 repeticiones para el sistema de referencia, con sus respectivos DE. N-NO₃: Nitrógeno de Nitratos, N-NH₄: Nitrógeno de Amonio, CN: Relación Carbono/Nitrógeno. Análisis estadístico mediante ANOVA (Tukey, $\alpha = 0.05$). Para cada variable se compara la media entre sistemas de labranza y profundidades. Letras diferentes indican diferencias significativas.

5.1.4 Ordenación de las diferentes muestras tomadas bajo ambos sistemas de labranza en base a sus características físico-químicas

La Figura 7 muestra la ordenación obtenida a partir del análisis de componentes principales (ACP). la Dim 1 explica el mayor porcentaje de variabilidad (36.1 %) y, en conjunto con la Dim 2, explican un total de 66.7 % de la variabilidad total observada.

El primer componente (Dim 1) correlaciona positivamente con las variables N-NO₃, K_sol, Na_sol, DA y COP y negativamente con pH, COT, CN, Bic_sol, Ca_exc, Kpa, NT, H, Mg_exc y K_exc, indicando un gradiente de macronutrientes intercambiables como son el Ca_exc, Mg_exc y K_exc los cuales forman parte de la CIC. Por otro lado, se observa que la Dim 2 correlaciona positivamente con COP, K_exc, Mg_exc, NT, H, K_sol, COT, Na_sol, Bic_sol y CN y negativamente con Kpa, DA, Ca_exc, N-NO₃ y pH, sugiriendo un gradiente de disponibilidad de nutrientes como son los aniones y cationes en solución, como el K_sol, Na_sol y Bic_sol. Se observa que las condiciones físico-químicas de los suelos bajo diferentes sistemas de labranza difieren significativamente (PERMANOVA, p= 0.004). En términos generales, los suelos bajo SD están más asociados a mayor CIC, pH, mayor relación CN, COT,

H, NT, Bic_sol y Kpa que los suelos bajo LC. Estos últimos están más asociados a mayor DA, N-NO₃, K_sol, Na_sol y COP que los suelos bajo SD.

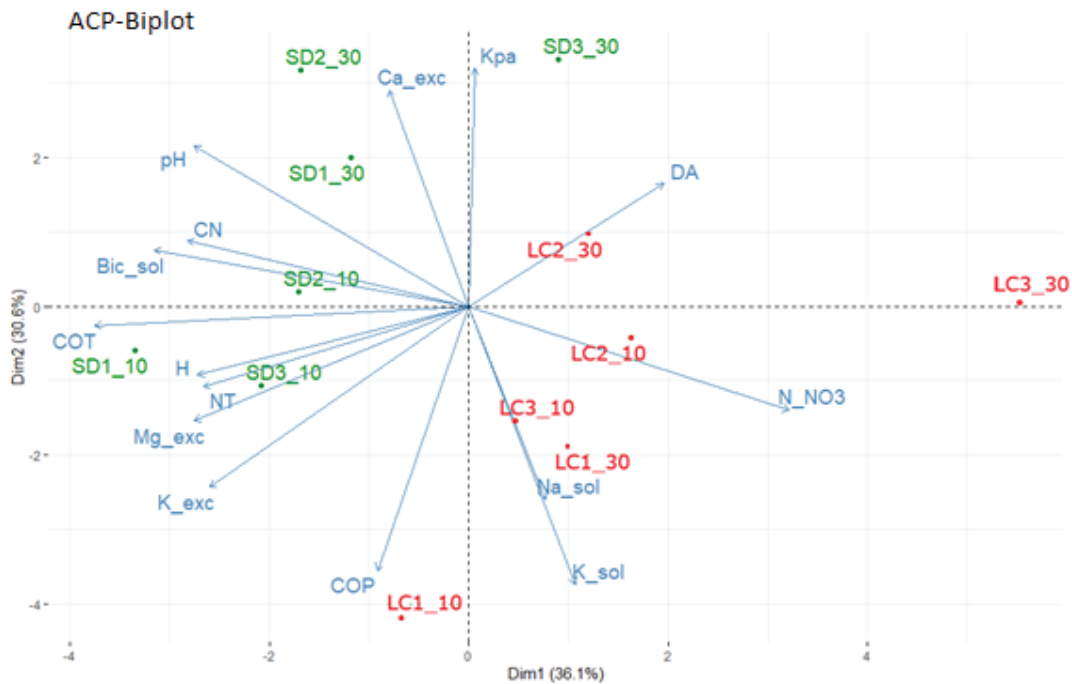


Fig. 7. Análisis de Componentes Principales de los sitios y profundidades de muestreo en función de las variables ambientales. Siembra Directa (SD1_10, SD1_30, SD2_10, SD2_30, SD3_10, SD3_30) y Convencional (C1_10, C1_30, C2_10, C2_30, C3_10 y C3_30). CE: Conductividad Eléctrica, Sulf_sol: Sulfato soluble, COT: Carbono Orgánico Total, COP: Carbono Orgánico Particulado, NT: Nitrógeno Total, N_NH₄: Amonio, N_NO₃: Nitrato, CN: Relación Carbono Nitrógeno, DA: Densidad Aparente, TEMP: Temperatura, KPA: Resistencia a la penetración, Na_exc: Sodio Intercambiable, K_exc: Potasio Intercambiable, Mg_exc: Magnesio Intercambiable, Ca_exc: Calcio Intercambiable, PSI: Porcentaje de Sodio Intercambiable, Na_sol: Sodio soluble, K_sol: Potasio soluble, Mg_sol: Magnesio soluble, Ca_sol: Calcio soluble, RAS: Relación de Absorción del Sodio, Bic_sol: Bicarbonato soluble, pH: Potencial Hidroeléctrico, P: Fósforo, H: Humedad, Silt: Limo, Clay: Arcilla, Sand: Arena.

5.2 Análisis de la comunidad microbiana

5.2.1 Análisis de abundancia

El total de secuencias crudas obtenidas fue de 250733 y 678273 para la comunidad bacteriana y fúngica, respectivamente que representaron un total de 4079 ASVs bacterianos y 1970 ASVs fúngicos. Luego del filtrado y la eliminación de secuencias espúreas, el número final de ASVs incluidos en el análisis fue de 1889 para la comunidad bacteriana y 765 ASVs para la comunidad fúngica.

En relación a la comunidad bacteriana en estos suelos se observó dominancia del filo *Actinobacteriota*, con una abundancia relativa de 52.84 % en SD y de 50.87 % en LC, seguido por *Proteobacteria*, 9.25 % en SD y 11.73 % en LC, *Chloroflexi* con un 9.91 % en SD y 8.34 % en LC, *Acidobacteriota*, 7.66 % en SD y 8.71 % en LC y *Firmicutes* con una abundancia relativa de 6.07 % en SD y 8.71 % en LC. No se encontraron diferencias significativas en la abundancia relativa de

especies a nivel filo entre los sistemas de SD y LC (p-valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada filo entre SD y LC; Fig. 8 A).

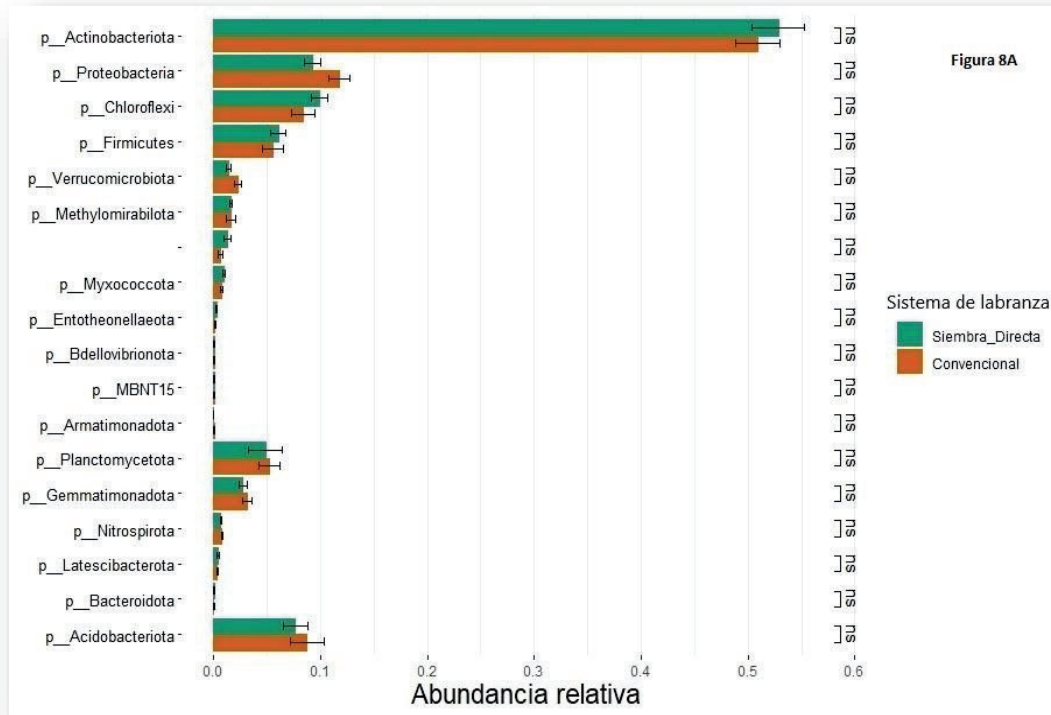


Fig. 8 A. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel filo según sistema de labranza, SD y LC.

En estos suelos se observó también que, entre profundidades de muestreo, el filo predominante fue *Actinobacteriota*, con una abundancia relativa de 50.5 % a 0-10 cm y de 53.21 % a 10-30 cm, seguido por *Proteobacteria*, 11.04 % a 0-10 cm y 9.94 % a 10-30 cm, *Chloroflexi*, 9.75 % a 0-10 cm y 8.5 % a 10-30 cm, *Acidobacteriota*, 8.04 % a 0-10 cm y 8.33 % a 10-30 cm y *Firmicutes* presentando una abundancia relativa de 6.18 % a 0-10 cm y de 5.43 % a 10-30 cm. No se encontraron diferencias significativas entre profundidades de muestreo (p-valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada filo entre ambas profundidades; Fig. 8 B).

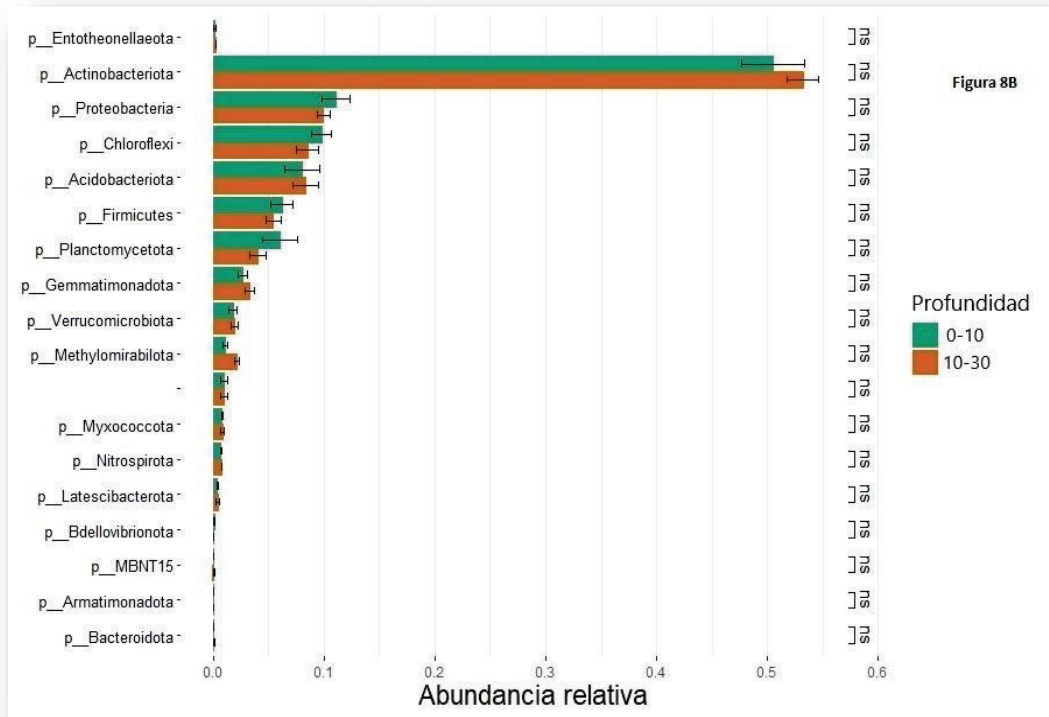


Fig. 8 B. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel filo según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

A nivel de clase la de mayor dominancia para ambos sistemas de labranza fue *Actinobacteria*, con una abundancia relativa de 22.74 % en SD y de 29.08 % en LC, seguida de la clase *Thermoleophilina*, 18.94 % en SD y 14.81 % en LC, en tercer lugar, la clase *Alphaproteobacteria*, 8.57 % en SD y 10.63 % en LC, *Bacilli* en cuarto lugar con una abundancia relativa de 5.82 % en SD y 5.33 % en LC, en quinto lugar, en SD fue *MB-A2-108* con 4.79 % de abundancia relativa y en LC *Acidobacteriae* con 4.96 %. No se encontraron diferencias significativas en la abundancia relativa a nivel clase entre los sistemas de labranza (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada clase entre SD y LC; Fig. 9 A).

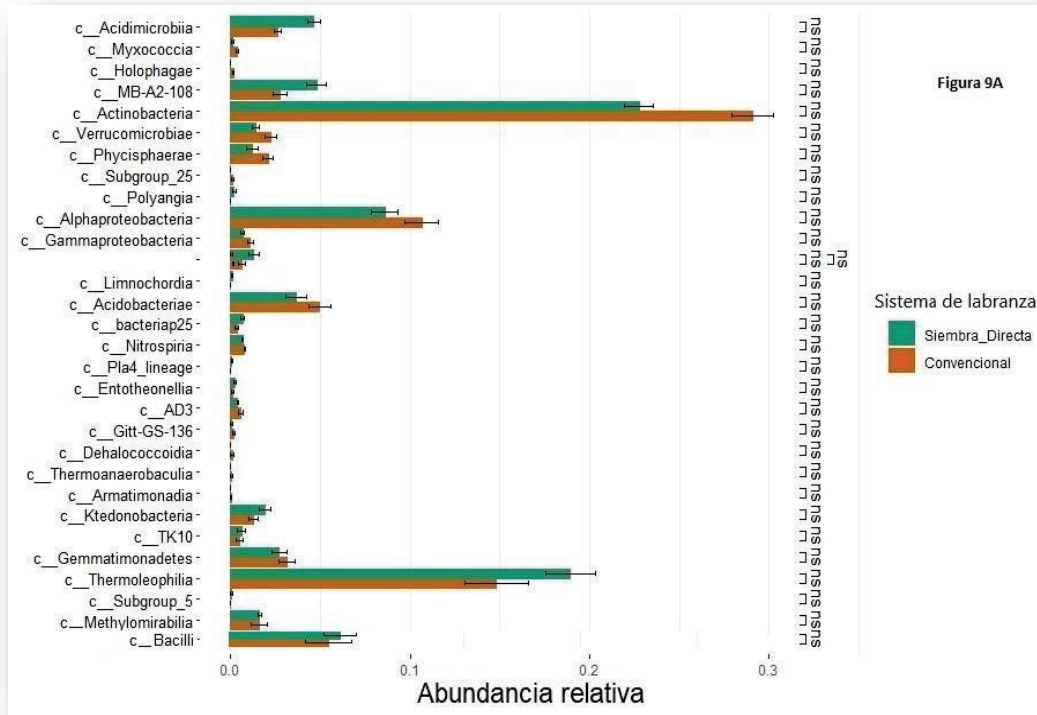


Fig. 9 A. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel clase según sistema de labranza, SD y LC.

En ambas profundidades de muestreo la clase dominante que se observó fue *Actinobacteria*, 25.82 % a 0-10 cm y 26 % a 10-30 cm, la siguió en abundancia relativa la clase *Thermoleophillia*, 16.4 % a 0-10 cm y 17.34 % a 10-30 cm, la clase *Alphaproteobacteria*, 9.98 % a 0-10 cm y 9.23 % a 10-30 cm, en cuarto lugar, la clase *Bacilli*, 5.91 % a 0-10 cm y 5.24 % a 10-30 cm, en quinto lugar, a 0-10 cm *Acidobacteriae* presentó una abundancia relativa e 4.61 % y a 10-30 cm *MB-A2-108* 4.26 %. No se detectaron diferencias significativas en la abundancia relativa a nivel clase entre profundidades de muestreo (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada clase entre ambas profundidades de muestreo; Fig. 9 B).

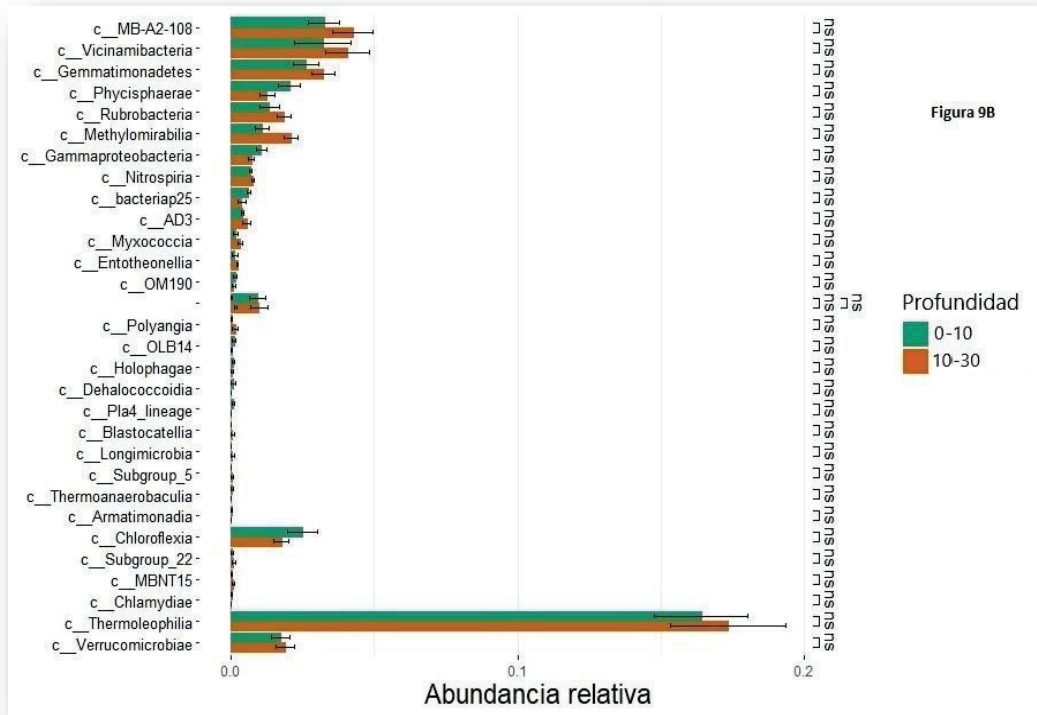


Fig. 9 B. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel clase según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

A nivel de género en estos suelos (Fig. 10 A) el dominante fue *KD4-96* con una abundancia relativa del 4.49 % en SD y 3.67 % en LC, seguido del género *67-14*, 4.83 % en SD y 2.87 % en LC, en tercer lugar, en SD *MB-A2-108* presentó una abundancia del 4.79 % y en LC *Acidotherrmus* del 2.76 %, en cuarto lugar, *Gaiella*, 3.46 % en SD y *MB-A2-108* en LC con una abundancia relativa de 2.71 %, mientras que en quinto lugar *IMCC26256* en SD tuvo una abundancia relativa de 3.26 % y *Geodermatophilus* en LC con 2.32 %.

Se encontraron diferencias significativas entre sistemas de labranza en el género *Blastococcus* (p-valor= 0.004), *Geodermatophilus* (p-valor= 0.01), *WD2101_soil_group* (p-valor= 0.02), *Nocardioides* (p-valor= 0.04), *Candidatus_Udaeobacter* (p-valor= 0.01), *Sphingomonas* (p-valor= 0.001), *Nitrospira* (p-valor= 0.02), *Streptosporangium* (p-valor= 0.01) el género *Subgroup_7* (p-valor= 0.04) y el género *Kribbella* (p-valor= 0.01) siendo todos estos géneros más dominantes en LC.

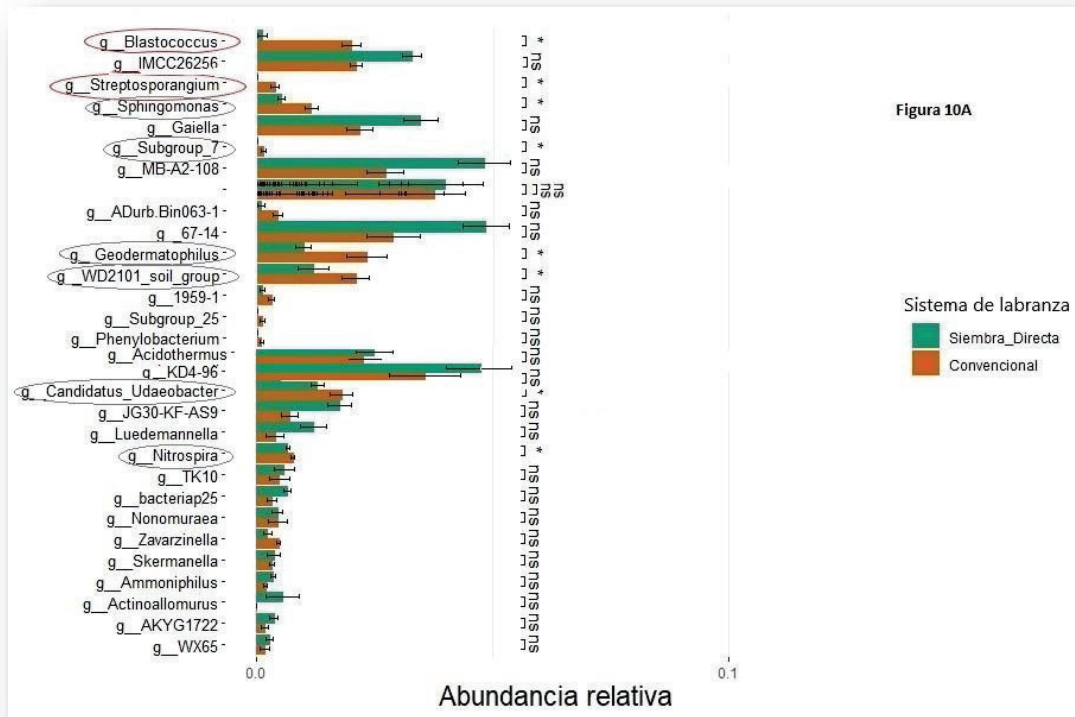


Fig. 10 A. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel género según sistema de labranza, SD y LC.

A nivel de género, el de mayor dominancia a 0-10 cm fue *KD4-96*, con una abundancia de 4.1 %, a 10-30 cm lo fue el género *MB-A2-108* con una abundancia relativa de 4.26 %, en segundo lugar a 0-10 cm el género *67-14* presentó una abundancia de 3.85 %, a 10-30 cm el género *KD4-96* con 4.05 %, en tercer lugar el género *MB-A2-108* 3.25 % a 0-10 cm y a 10-30 cm el género *67-14* con 3.85 %, en cuarto lugar a 0-10 cm el género *Gaiella* presentó una abundancia relativa de 2.99 % y a 10-30 cm el género *Acidothermus* 3.09 %, mientras que en quinto lugar el género *IMCC26256* mostró una abundancia de 2.75 % a 0-10 cm y el género *Gaiella* 2.63 % a 10-30 cm. Con respecto a la comparación entre profundidades, no se encontraron diferencias significativas entre géneros (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada género entre ambas profundidades; Fig. 10 B).

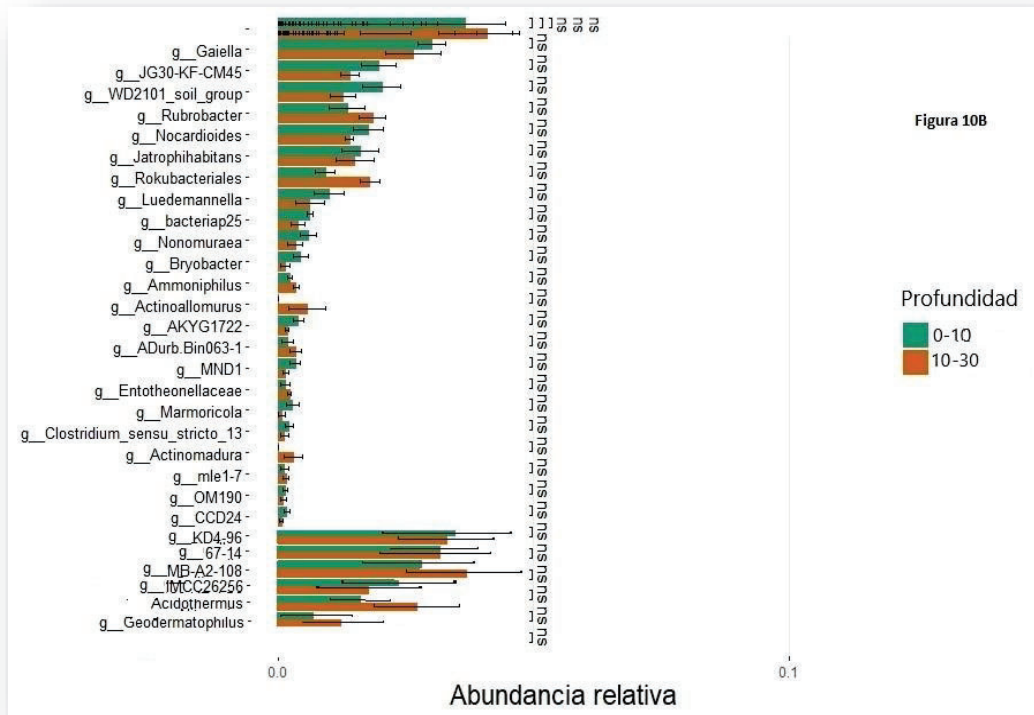


Fig. 10 B. Prueba de Abundancia Diferencial Bacteriana. Abundancia relativa a nivel género según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

En relación a la comunidad fúngica en estos suelos se observó dominancia del filo *Basidiomycota*, con una abundancia relativa de 48.32 % en SD y de 46.68 % en LC, seguido por el filo *Ascomycota*, 43.48 % tanto en SD como en LC, en tercer lugar el filo *Chytridiomycota* con un 2.62 % en SD y el filo *Zoopagomycota* en LC con una abundancia relativa del 3.37 %, en cuarto lugar el filo *Mucoromycota* presentó una abundancia relativa del 0.97 % en SD y el filo *Chytridiomycota* del 1.74 % en LC, mientras que en quinto lugar, en SD, el filo *Zoopagomycota* presentó una abundancia del 0.78 % y en LC el filo *Rozellomycota* también del 0.78 %. No se encontraron diferencias significativas entre los filos identificados entre sistemas de labranza (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada filo entre SD y LC; Fig. 11 A).

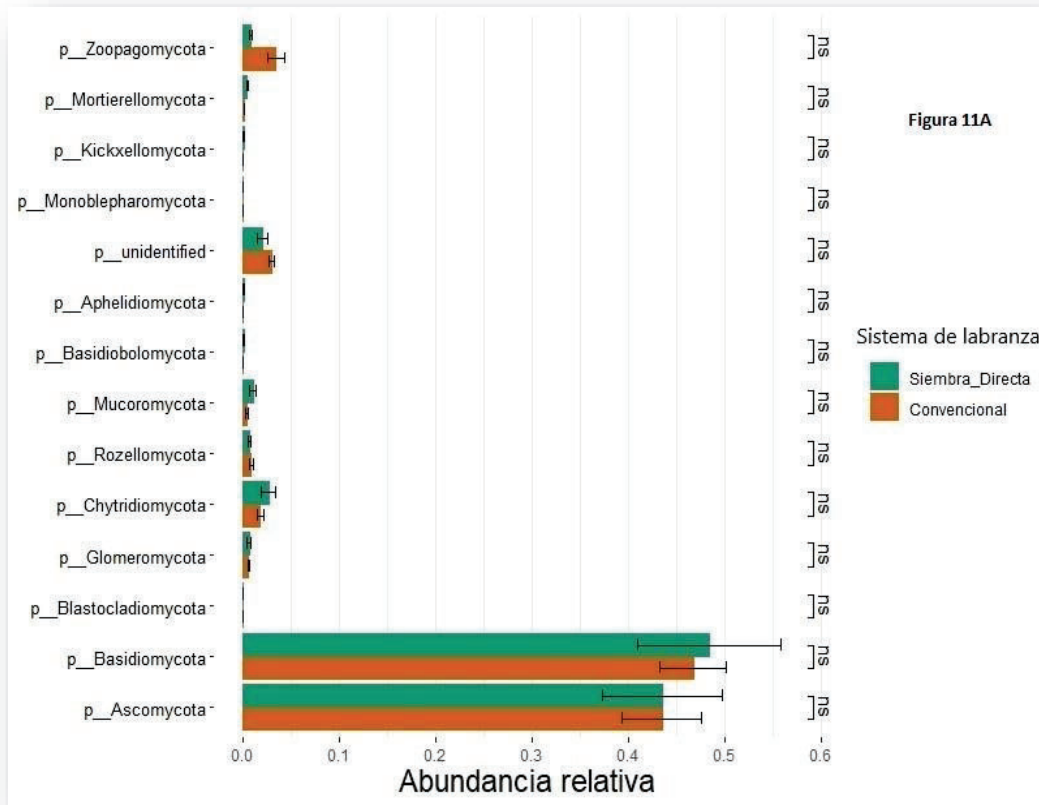


Fig. 11 A. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel filo según sistema de labranza, SD y LC.

En ambas profundidades de muestreo el filo dominante que se observó fue *Basidiomycota*, 46.24 % a 0-10 cm y 48.76 % a 10-30 cm, *Ascomycota* un 44.25 % a 0-10 cm y un 42.71 % a 10-30 cm, *Chytridiomycota* con una abundancia relativa de 2.62 % a 0-10 cm y 1.74 % a 10-30 cm, *Zoopagomycota* un 1.86 % a 0-10 cm y 2.30 % a 10-30 cm, *Mucoromycota* un 0.90 % a 0-10 cm y *Rozellomycota* un 0.74 % a 10-30 cm. No se encontraron diferencias significativas entre los filos identificados entre las distintas profundidades (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada filo entre profundidades de muestreo; Fig. 11 B).

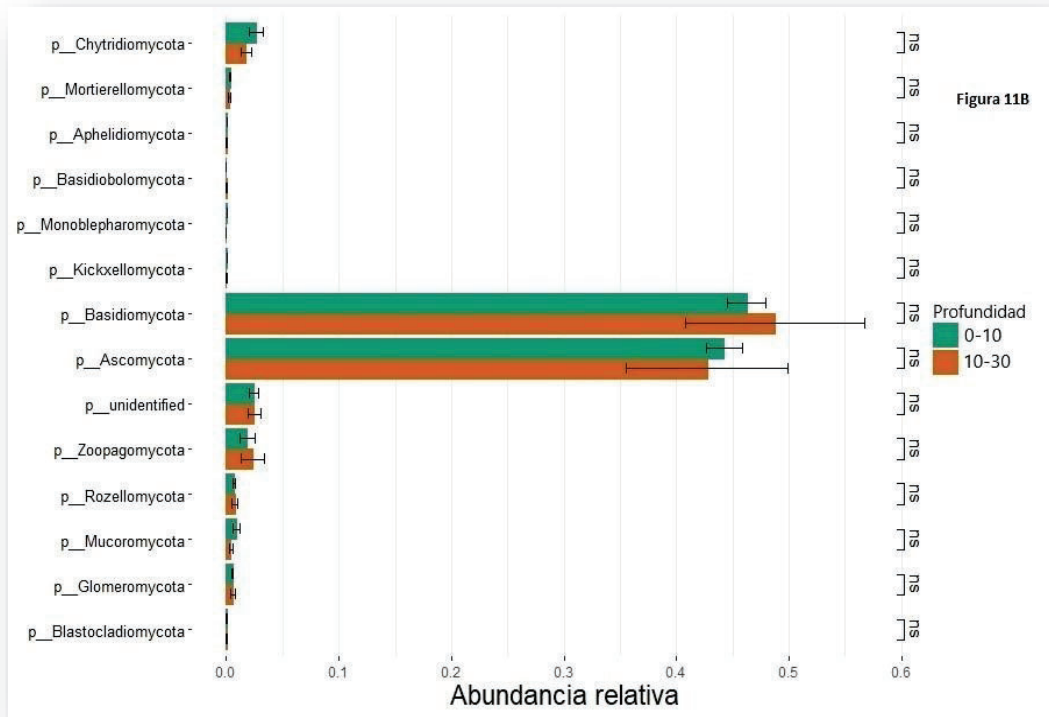


Fig. 11 B. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel filo según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

Las principales clases identificadas en los sistemas de labranza (Fig. 12 A) fueron en primer lugar *Agaricomycetes*, con una abundancia relativa del 46.76 % en SD y del 45.58 % en LC, *Sordariomycetes* un 16.32 % en SD y un 10.25 % en LC, *Lecanoromycetes* un 7.27 % en SD y un 10.36 % en LC, en cuarto lugar, *Saccharomycetes* con una abundancia del 5.76 % en SD y del 10.39 % en LC y la clase *Dothideomycetes* en SD con un 3.49 % y *Zoopagomycetes* un 3.33 % en LC. Por otro lado, se encontraron diferencias significativas en la clase *Saccharomycetes* (p-valor= 0.02), *Pezizomycetes* (p-valor=0.02) y *Archaeorhizomycetes* (p-valor=0.02) las cuales fueron más dominantes en LC.

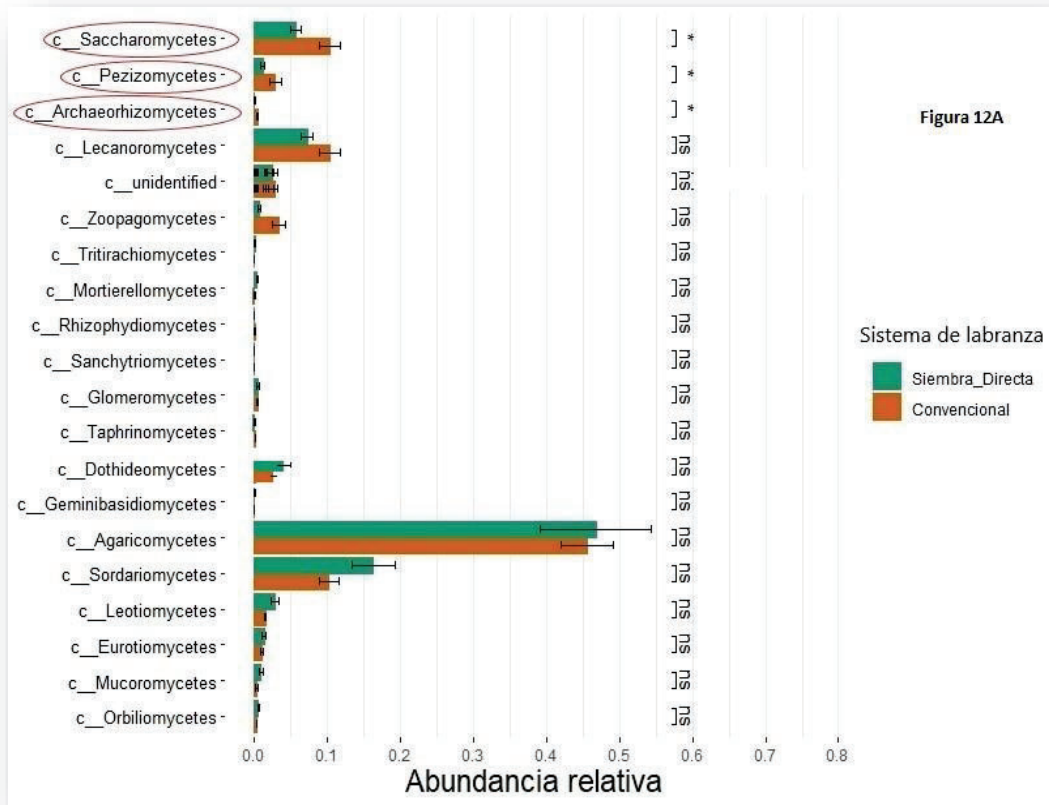


Fig. 12 A. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel clase según sistema de labranza, SD y LC.

En base a las profundidades de muestreo se observó que la clase *Agaricomycetes* fue la dominante, con una abundancia relativa del 44.84 % a 0-10 cm y del 47.50 % a 10-30 cm, seguida de la clase *Sordariomycetes* con un 13.20 % a 0-10 cm y 13.37 % a 10-30 cm, en tercer lugar la clase *Lecanoromycetes* con un 8.19 % a 0-10 cm y 9.44 % a 10-30 cm, en cuarto lugar la clase *Saccharomycetes* con un 8.97 % a 0-10 cm y un 7.18 % a 10-30 cm, mientras que la clase *Dothideomycetes* presentó una abundancia relativa del 3.24 % a 0-10 cm y la clase *Pezizomycetes* 2.51 % en LC. No se detectaron diferencias significativas entre profundidades (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada clase entre ambas profundidades; Fig. 12 B).

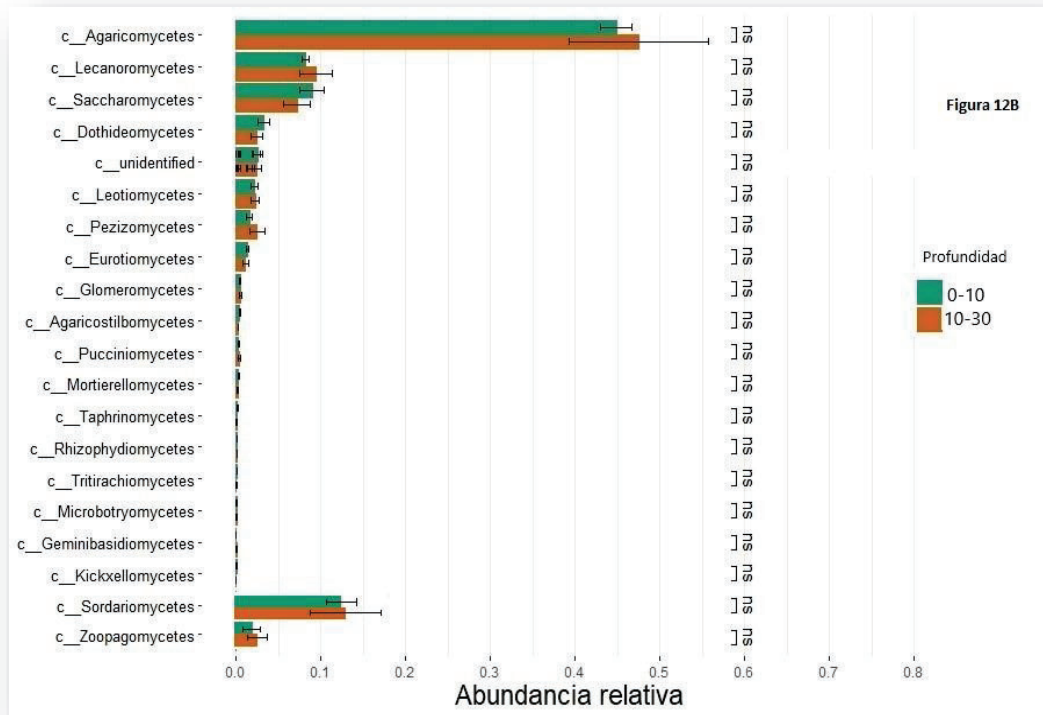


Fig. 12 B. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel clase según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

En cuanto a los géneros identificados en los sistemas de labranza (Fig. 13 A), *Lactifluus* fue dominante en ambos, con una abundancia relativa de 30.45 % en SD y 28.80 % en LC, seguido de *Eutypa* con una abundancia de 6.84 % en SD y 4.67 % en LC, en tercer lugar, *Ramalina*, 3.59 % en SD y 7.35 % en LC, en cuarto lugar, *Candida* en LC con una abundancia de 4.28 %, *Millerozyma* con 1.71 % en SD y en quinto lugar *Metschnikowia* 3.73 % en LC y *Ciliophora* 1.76 % en SD.

Se encontraron diferencias significativas entre sistemas de labranza en los siguientes géneros: *Sporidesmajora* (p -valor= 0.00006) y *Aspiciliella* (p -valor= 0.01) ausentes en SD, *Sphaerobolus* (p -valor=0.0002), en 3 géneros no identificados (p -valor= 0.006, p -valor=0.02, p -valor= 0.00006), *Protoblastenia* (p -valor= 0.0004), *Morchella* (p -valor= 0.001), *Metschnikowia* (p -valor= 0.001), *Iodophanus* (p -valor= 0.008), *Ramalina* (p -valor= 0.005), *Candida* (p -valor= 0.003), *Lactarius* (p -valor= 0.01), *Pseudotomentella* (p -valor= 0.01), *Pseudochaetosphaeronema* (p -valor= 0.03) *Archaeorhizomyces* (p -valor= 0.02), *Millerozyma* (p -valor=0.04), *Ganoderma* (p -valor= 0.03) y el género *Syncephalis* (p -valor= 0.03) todos estos géneros fueron dominantes en LC. El género *Dinemasporium* presentó diferencias significativas entre SD y LC (p -valor=0.03) ya que no se observó su presencia en LC.

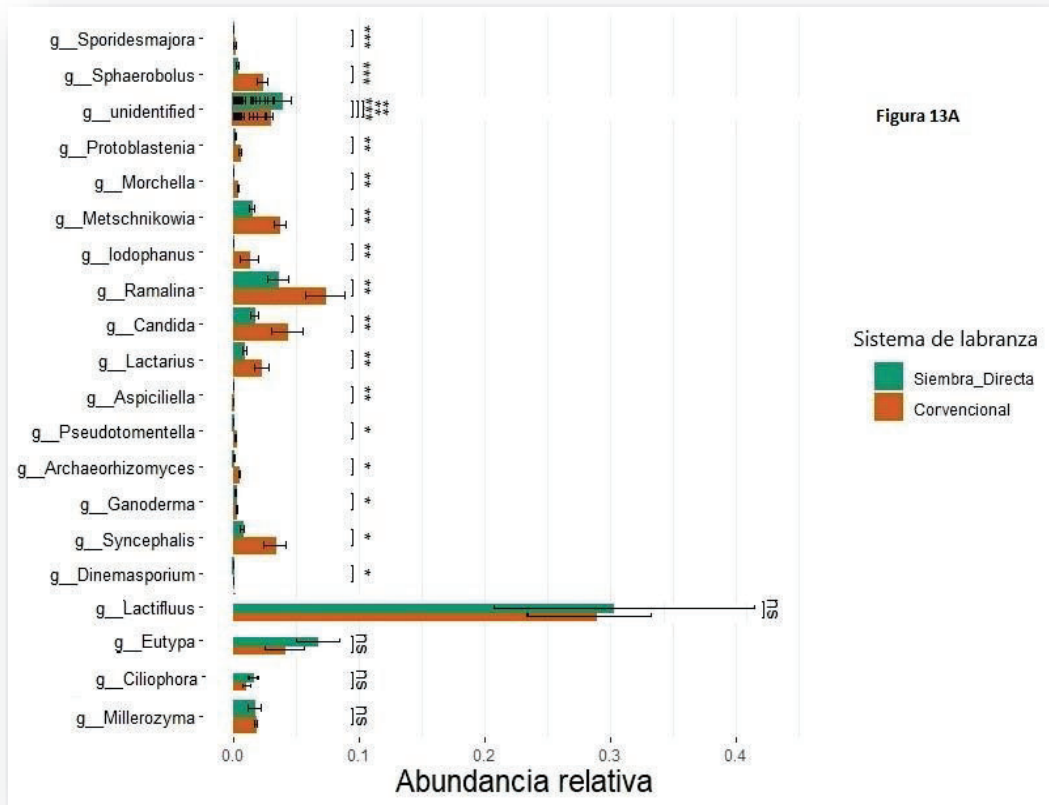


Fig. 13 A. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel género según sistema de labranza, SD y LC.

El género que se observó con mayor dominancia en estos suelos, comparando las distintas profundidades evaluadas, fue *Lactifluus* con una abundancia relativa de 28.21 % a 0-10 cm y de 31.05 % a 10-30 cm, seguido de *Eutypa*, un 5.79 % a 0-10 cm y 5.73 % a 10-30 cm, *Ramalina* un 5.01 % a 0-10 cm y 5.94 % a 10-30 cm, *Candida* con una abundancia de 3.61 % a 0-10 cm y de 2.37 % a 10-30 cm y en quinto lugar *Metschnikowia* un 2.55 % a 0-10 cm y 2.67 % a 10-30 cm. No se encontraron diferencias significativas entre profundidades de muestreo a nivel género (p -valor > 0.05 en todas las comparaciones de cada clase entre ambas profundidades; Fig. 13 B).

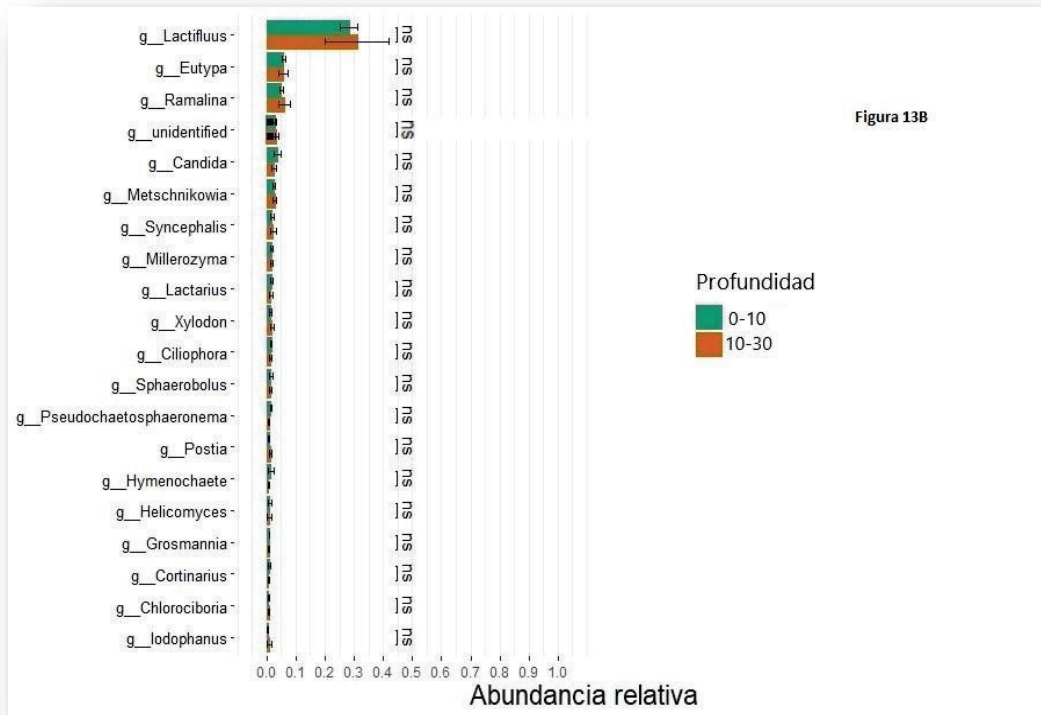


Fig. 13 B. Prueba de Abundancia Diferencial Fúngica. Abundancia relativa a nivel género según la profundidad, 0-10 cm y 10-30 cm.

A continuación, para las comunidades bacterianas, se analizaron los ASVs únicos y compartidos de los sistemas de labranza (Fig. 14) evaluados a través del diagrama de Venn. Ambos sistemas compartieron el 1.1% de los ASVs totales del suelo, mientras que el 49.5% y el 49.4% de los ASVs totales se detectaron exclusivamente en suelos bajo SD y LC, respectivamente. Posteriormente se corroboró que los ASVs, exclusivos para cada sistema, tenían la misma asignación taxonómica tanto en SD como en LC (Anexo 1).

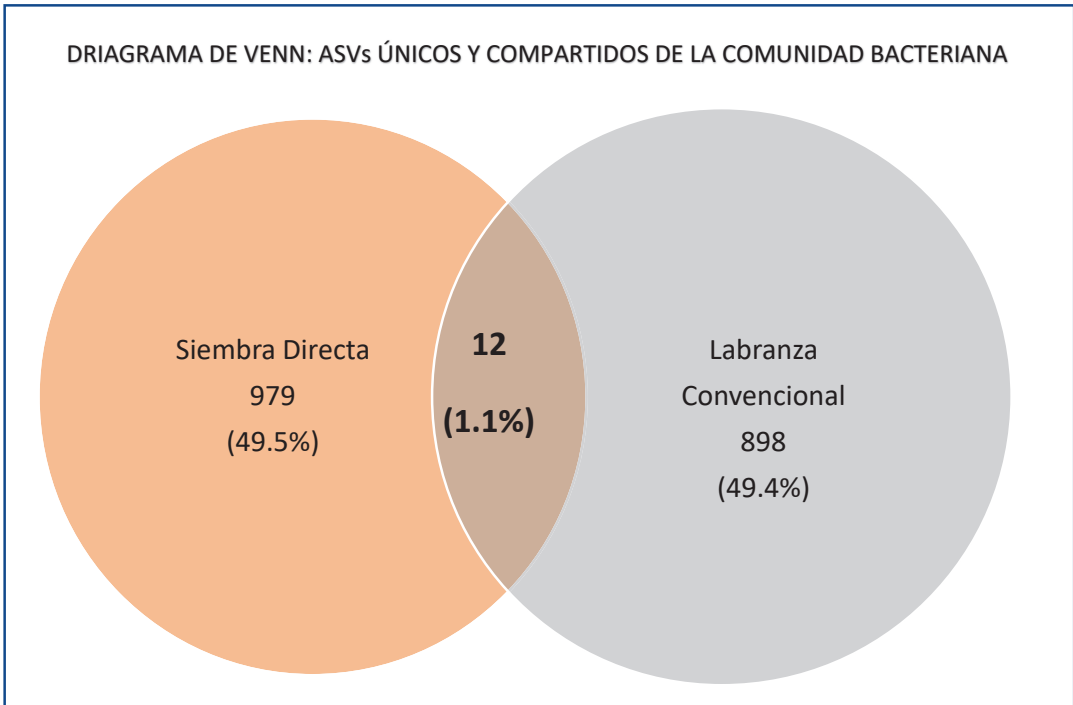


Fig. 14. Diagrama de Venn, en base a los diferentes ASVs obtenidos mediante agrupamiento de las secuencias bacterianas del gen 16S. Análisis a nivel de sistema de labranza: SD y LC.

Respecto a las comunidades fúngicas, se observa en la Figura 15 que los dos sistemas comparten el 85.4% de los ASVs totales del suelo, por otro lado, el 10.2% de los ASVs correspondieron exclusivamente al sistema de SD, y el 4.3% de los ASVs a LC. Finalmente, al igual que en la comunidad bacteriana, se comprobó que los ASVs, exclusivos para cada sistema, tenían la misma asignación taxonómica tanto en SD como en LC (Anexo 2).

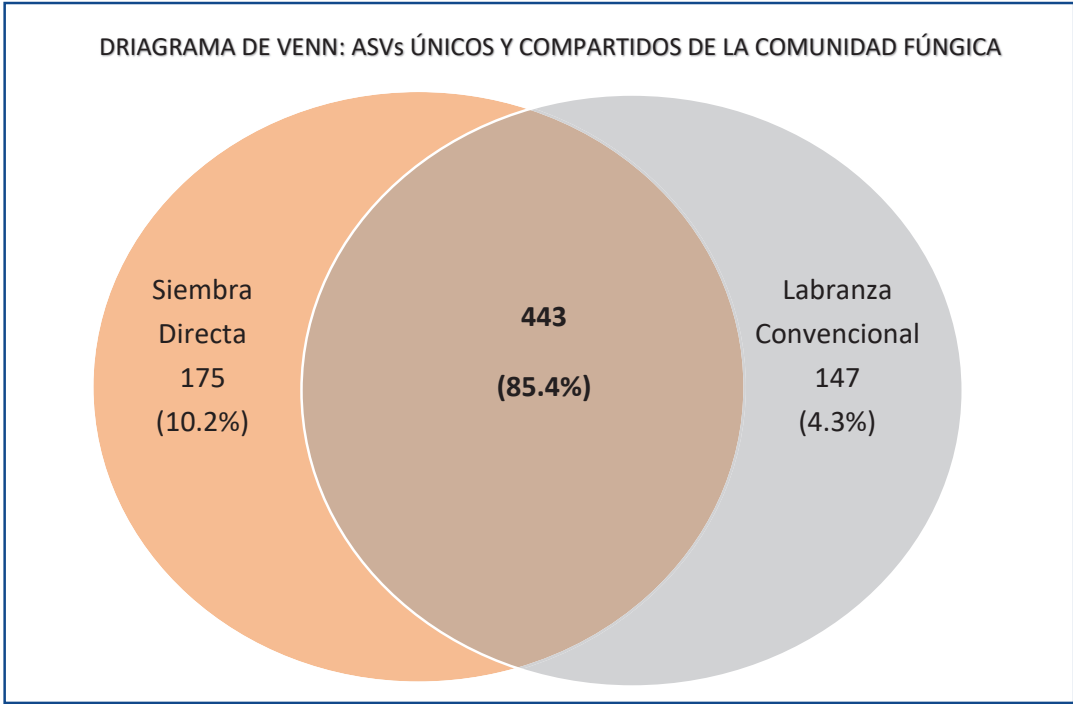


Fig. 15. Diagrama de Venn, en base a los diferentes ASVs obtenidos mediante agrupamiento de las secuencias fúngicas del gen 18S. Análisis a nivel de sistema de labranza: SD y LC.

5.3 Análisis de diversidad

En términos generales no se observaron diferencias en los distintos índices analizados que se muestran en la Tabla 4 (p-valor > 0.05), los mismos indican una alta riqueza específica en los sitios del sistema de SD y LC, con dominancia de unos pocos ASVs.

Tabla 4. Diversidad alfa microbiana y estimadores de riqueza. Valores medios \pm desvío estándar, para la comunidad bacteriana y fúngica presentes en ambos sistemas de labranza.

Sistema de Labranza	Diversidad Microbiana							
	Bacteriana							
	Observed	Chao1	ACE	Shannon	Simpson	InvSimpson	Fisher	PD
Siembra Directa	166.00 \pm 15.4	166.00 \pm 15.4	158.00 \pm NA	4.85 \pm 0.08	0.99 \pm NA	102.79 \pm 6.53	25.68 \pm 2.79	17.67 \pm 0.94
Convencional	152.66 \pm 15.7	152.66 \pm 15.7	154.00 \pm 25.4	4.75 \pm 0.11	0.99 \pm NA	91.87 \pm 10.6	23.26 \pm 2.83	17.50 \pm 1.13
Sistema de Labranza	Diversidad Microbiana							
	Fúngica							
	Observed	Chao1	ACE	Shannon	Simpson	InvSimpson	Fisher	PD
Siembra Directa	261.66 \pm 57.23	261.66 \pm 57.23	261.74 \pm 57.27	4.00 \pm 1.09	0.89 \pm 0.19	31.64 \pm 17.18	36.88 \pm 9.01	34.58 \pm 7.75
Convencional	278.33 \pm 21.70	278.91 \pm 21.90	278.71 \pm 21.71	4.04 \pm 0.46	0.93 \pm 0.06	23.40 \pm 10.88	39.46 \pm 3.58	34.82 \pm 3.39

Como puede apreciarse en la Tabla 5 y en las Figuras 16 y 17, no se encontraron diferencias significativas para los distintos índices mencionados anteriormente en las comparaciones que se realizaron entre el sistema de SD y LC

Tabla 5. Comparación de los distintos índices evaluados a través de Kruskal- Wallis para la Comunidad Bacteriana y Fúngica. SD: Siembra_Directa, LC: Labranza Convencional.

Diversidad Microbiana					
Bacteriana					
Comparación	Medida	Método	Grupo	P.adj	Significancia
SD-LC	Observed	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.15	ns
SD-LC	Chao1	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.15	ns
SD-LC	Shannon	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.15	ns
SD-LC	Simpson	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.15	ns
SD-LC	Fisher	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.15	ns

SD-LC	PD	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.87	ns
Diversidad Microbiana					
Fúngica					
Comparación	Medida	Método	Grupo	P.adj	Significancia
SD-LC	Observed	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	1.00	ns
SD-LC	Chao1	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	1.00	ns
SD-LC	Shannon	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.60	ns
SD-LC	Simpson	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	0.60	ns
SD-LC	Fisher	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	1.00	ns
SD-LC	PD	Kruskal-Wallis Prueba de Suma de Rangos	SD	1.00	ns

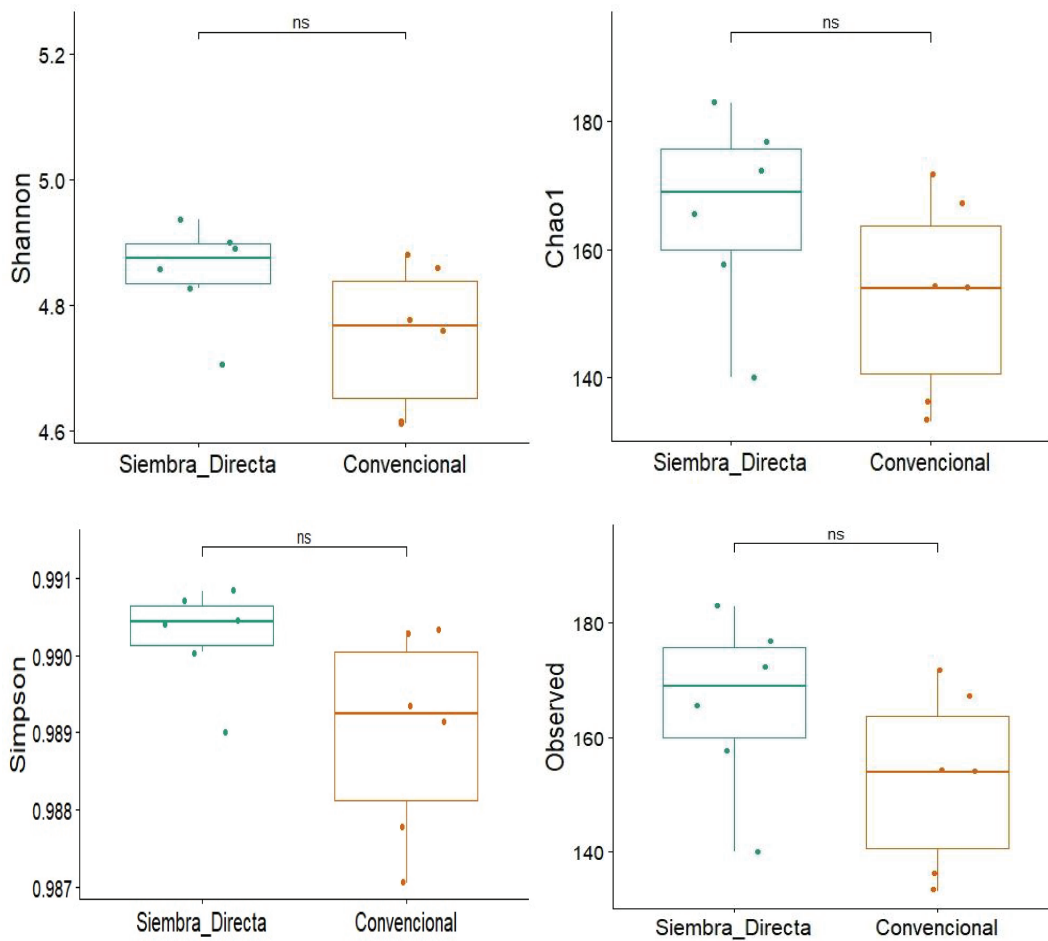


Fig. 16. Índice de diversidad de Shannon, índice de diversidad de Chao1, índice de diversidad de Simpson e índice de Especies Observadas para la biodiversidad bacteriana bajo los dos sistemas de labranza.

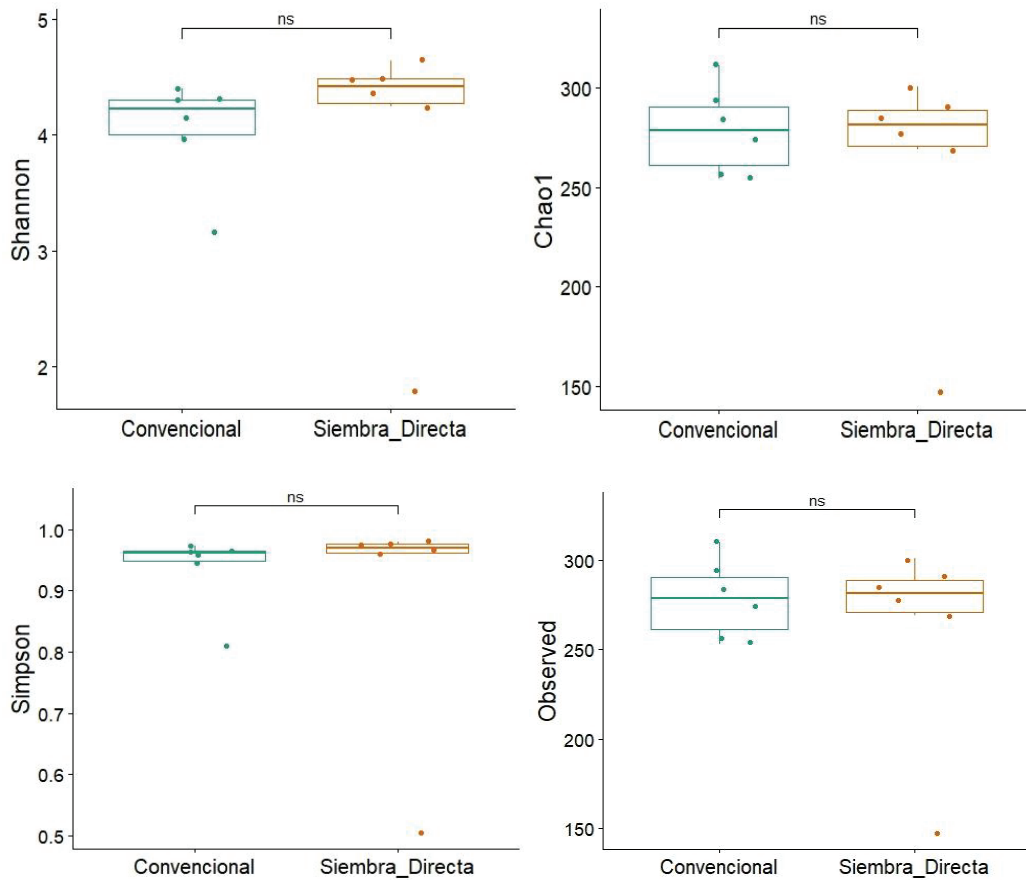


Fig. 17. Índice de diversidad de Shannon, índice de diversidad de Chao1, índice de diversidad de Simpson e índice de Especies Observadas para la biodiversidad fúngica bajo los dos sistemas de labranza.

El análisis de diversidad beta indica que, para la comunidad bacteriana, los grupos que se observan en el patrón general de datos, descritos a través del ordenamiento mediante NMDS (Fig. 18 A), no difieren significativamente entre sistemas de labranza, entre profundidades de muestreos y tampoco entre la interacción sistema x profundidad (PERMANOVA, p-valor = 0.52 para sistemas de labranza, p-valor = 0.785 para profundidad y p-valor = 0.921 para la interacción sistema x profundidad) (Tabla 6).

Con respecto a la comunidad fúngica, los grupos presentes y descritos a través del ordenamiento mediante NMDS (Fig. 18 B), difieren significativamente entre sistemas de labranza, no así entre profundidades de muestreos y la interacción entre ambos (PERMANOVA, p-valor= 0.004 para sistemas de labranza, p-valor= 0.831 para profundidad y p-valor = 0.862 para la interacción sistema x profundidad) (Tabla 6). A su vez en la Figura 18 B se observa una menor diversidad en la dispersión de los grupos presentes bajo el sistema de LC.

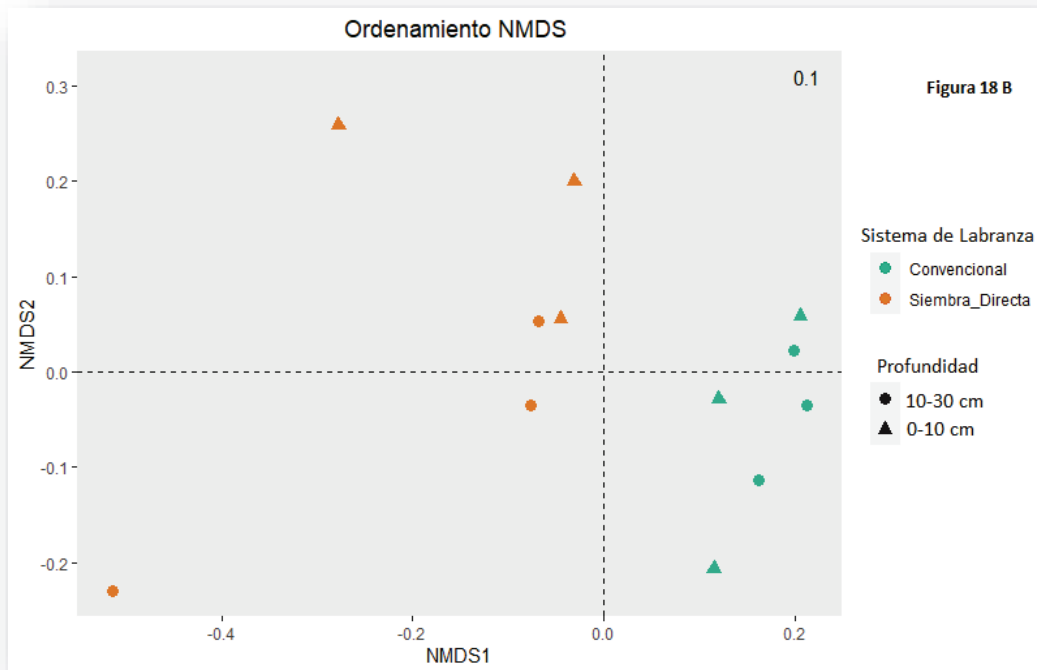
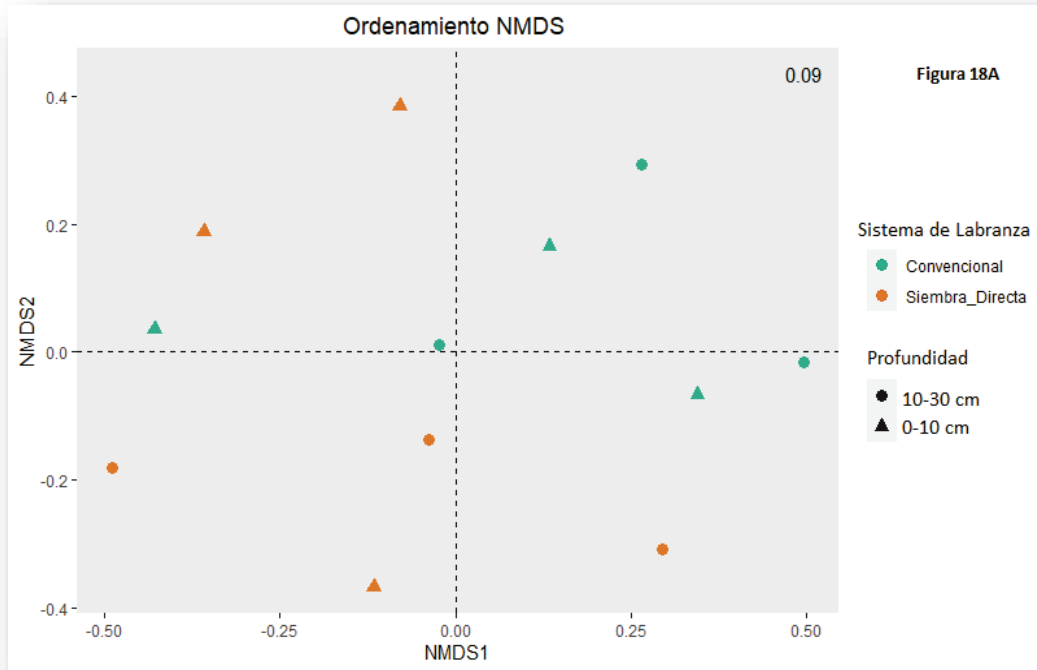


Fig. 18 A y B. Diversidad beta. NMDS (Escalamiento multidimensional no métrico) para bacterias (Fig. 18 A) y hongos (Fig. 18 B) representada a través de la matriz de distancia Bray-Curtis.

Tabla 6. Análisis PERMANOVA, considerando sistemas de labranza y profundidades de muestreo, basado en la matriz de distancia Bray-Curtis. Nivel de significancia = 0.05.

PERMANOVA (999 permutaciones)	Comunidad	Categoría	Matriz de distancia	Pseudo-F statistic	p-valor
	Bacteriana	Sistema de labranza	Bray-Curtis	0.999	0.52
		Profundidad	Bray-Curtis	0.992	0.785
		Sistema de Labranza x Profundidad	Bray-Curtis	0.985	0.921
PERMANOVA (999 permutaciones)	Comunidad	Categoría	Matriz de distancia	Pseudo-F statistic	p-valor
	Fúngica	Sistema de labranza	Bray-Curtis	2.866	0.004**
		Profundidad	Bray-Curtis	0.879	0.831
		Sistema de Labranza x Profundidad	Bray-Curtis	0.731	0.862

6. DISCUSIÓN

Las prácticas agrícolas, realizadas de forma continua a lo largo del tiempo, ejercen un impacto en la biota del suelo, sus actividades y diversidad (FAO, 2023). Está extensamente reportado que la explotación del suelo de forma continua e intensiva provoca, entre otras cosas, una disminución del secuestro de carbono e incremento de la compactación, así como escasa incorporación de residuos orgánicos y baja fertilidad (Rodríguez Delgado et al., 2020).

En base a las hipótesis planteadas en este trabajo, nuestros resultados indican en primer lugar que se encontraron diferencias significativas en la estructura de la comunidad fúngica al comparar los sistemas de labranza SD y LC.

En segundo lugar, contrariamente a lo esperado y a lo reportado en otros trabajos (Carbonell-Bojollo et al., 2015; Salvaggiotti et al., 2017), en este trabajo se reportaron menores aportes de C lábil en suelos sometidos a SD comparados con los sometidos a LC. Resultados similares fueron reportados por Manso et al. (2012), donde no encontraron diferencias en los valores de COP entre SD y LC en un ensayo agrícola de larga duración realizado en Tres Arroyos, provincia de Buenos Aires, sobre un suelo Paleudol petrocálcico. El tipo de suelo, el clima, el tipo de cultivo y el manejo influyen en los aportes de materia orgánica al suelo y en su renovación o descomposición (Edwards, 2022). Mientras que, en suelos carentes de remoción ni extracción de nutrientes, como es el caso de las praderas de pastizales naturales, utilizado como referencia en este trabajo, donde se esperaban valores más altos de C, solamente el stock de COP fue mayor en estos sistemas.

En tercer lugar, en relación a la hipótesis planteada de que los suelos bajo sistema de manejo de SD presentan mejores cualidades físico-químicas respecto a los suelos sometidos a sistemas de LC, pese a que a través del ACP y el PERMANOVA observamos una clara diferenciación de los sistemas en base a las variables ambientales evaluadas, no queda del todo claro que esa diferenciación se traduzca en una mejor calidad edáfica en los sitios bajo SD. Si bien, aunque los sitios bajo SD presentan una mayor capacidad de retener agua, de retener y suministrar nutrientes, menor concentración de sales y nutrientes solubles, los mayores valores de resistencia a la penetración podrían afectar negativamente el crecimiento de las raíces de los cultivos, el drenaje del agua, la aireación del suelo, la actividad microbiana, la uniformidad de la germinación, la erosión del suelo, el ciclado de nutrientes, el rendimiento de los cultivos y la interacción con plagas y enfermedades (Ben-Noah & Friedman, 2018; Jat et al., 2023; Nawaz et al., 2013).

La diversidad microbiológica es un aspecto importante para asegurar el ciclado de nutrientes, así como la fertilidad y productividad, entre otras funciones edáficas vitales (Luo et al., 2016; Reichardt et al., 1997). En este trabajo se estudiaron las comunidades microbianas, de los sitios bajo SD y LC, con el objetivo de dar a conocer el efecto de las diferentes prácticas de labranza, sobre la estructura y diversidad de las comunidades bacterianas y fúngicas del suelo. Teniendo en cuenta el análisis taxonómico realizado sobre las especies encontradas, la mayoría corresponde a las que comúnmente se encuentran en suelos agrícolas (Otero Jiménez, 2021). Los filos bacterianos predominantes en ambos sistemas fueron *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Chloroflexi* y *Acidobacteria*. En diversos trabajos estos filos han sido identificados como los más representados en suelos donde se realiza agricultura (Guerrero, 2012; Jiménez Bueno, 2016; Vercellino, 2019). El filo *Proteobacteria* incluye a las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB), asociado a una amplia variedad de

hospederos (Trivedi et al., 2016), mientras que el filo *Acidobacteria* ha sido reportado como oligótrofos con poblaciones altamente sensibles al pH del suelo (Hartmann et al., 2015). Los miembros del filo *Actinobacteria* han sido reportados como resistentes a la desecación y poseen la capacidad de degradar MO recalcitrante, así como de producir una amplia diversidad de enzimas extracelulares y metabolitos (Moreno et al., 2019).

Respecto a la comunidad fúngica, los filos *Basidiomycota* y *Ascomycota* fueron los dominantes en ambos sistemas, sin presentar diferencias entre ellos, seguidos del filo *Chytridiomycota*. En otros trabajos (Deacon et al., 2006; Silvestro et al., 2014) se ha reportado que el filo *Ascomycota* es el predominante en suelos agrícolas. Por otro lado, Sharma-Poudyal et al. (2017) encontraron que en sistemas bajo LC y SD los filos fúngicos dominantes fueron *Ascomycota*, en mayor proporción bajo LC, y *Basidiomycota* en mayor proporción bajo SD, mientras que también detectaron la presencia del filo *Chytridiomycota* sin presentar diferencias entre sistemas de labranza. En línea con este trabajo, Degruno et al. (2015) reportaron que el filo *Basidiomycota* también se encontró en mayor proporción bajo SD mientras que el filo *Chytridiomycota* bajo LC.

A partir del Diagrama de Venn, se pudo determinar que el mayor porcentaje de ASVs bacterianos eran exclusivos de cada sistema de labranza, a pesar de esto no se encontraron diferencias respecto a la abundancia relativa entre ellos y entre profundidades a nivel de filo y clase. Únicamente a nivel de género se encontraron diferencias entre sistemas de labranza, entre ellos el género *Blastococcus* que presentó mayor abundancia relativa bajo LC. Resultados obtenidos por Santellanez Arreola (2022) también reportan que el género *Blastococcus* fue más abundante en sistemas de LC respecto a labranzas de conservación. De acuerdo con Liu et al. (2021), las prácticas de labranza de conservación aumentan la abundancia de bacterias fijadoras de nitrógeno como *Mesorhizobium* y *Bradyrhizobium*; en cambio, disminuyen la abundancia de bacterias degradadoras de carbono del suelo, especialmente *Blastococcus*. En este trabajo no se detectó la presencia de *Bradyrhizobium*, mientras que *Mesorhizobium* estuvo presente en el sistema bajo LC con una abundancia de 0.06 %.

En líneas generales, se pudo observar que en ciertos géneros bacterianos y en ciertas clases y géneros fúngicos, que mostraron diferencias entre los sistemas de labranza, la abundancia relativa en estos grupos fue mayor en el sistema bajo LC, con la excepción del género fúngico *Dinemasporium* que fue más abundante en SD.

Similares resultados fueron reportados por Srour et al. (2020) quienes encontraron diferencias tanto en la estructura como en la composición de las comunidades bacterianas y fúngicas comparando sistemas de LC y SD. Estos autores reportaron diferencias en la abundancia relativa bacteriana a nivel de filo (*Chloroflexi*, *Gemmatimonadetes*, *Actinobacteria*, *Armatimonadetes*, *Chlorobi*, *Firmicutes* y *Proteobacteria*, más abundantes bajo LC) mientras que *Nitrospirae*, *Verrucomicrobia* fueron más abundantes bajo SD, y a nivel de clase (*Gemmatimonadetes*, *Alphaproteobacteria* y *Thermoleophili*, más abundantes bajo LC) y, por otro lado, *Nitrospira* y *Acidobacteria* resultaron ser más abundantes bajo SD. A su vez estos autores encontraron que los filos fúngicos predominantes *Ascomycota*, *Basidiomycota* y *Mucoromycota* fueron más abundantes bajo LC, mientras que *Mortierellomycota*, *Glomeromycota*, *Chytridiomycota* y *Rozellomycota* lo fueron bajo SD.

En base a que solamente se encontraron diferencias en ciertas clases y géneros, y en línea con lo observado en los Diagramas de Venn, es importante señalar que, si bien se encontraron ASVs

exclusivos en cada sistema, teniendo en cuenta el análisis y la base de datos utilizada, no se pudieron diferenciar taxonómicamente, independientemente de qué sitio o profundidad hayan sido identificados. Esto puede estar vinculado al concepto de microdiversidad reportado por García-García et al. (2019), la cual puede dar lugar a diferentes ecotipos dentro de una misma especie. Se hipotetiza que estos ecotipos con funciones ecológicas superpuestas y adaptándose a diferentes gradientes ambientales, proporcionan estabilidad en el tiempo y el espacio a esas especies. Sin embargo, el papel de la microdiversidad en la estabilidad de comunidades microbianas aún se discute (Fu et al., 2023; Larkin & Martiny, 2017). Los resultados de García-García et al. (2019) mostraron que la existencia de varios ASVs dentro de una Unidad Taxonómica Operativa (OTU) favoreció su persistencia en condiciones ambientales cambiantes. Esto sugiere que la microdiversidad desempeña un papel crucial en la adaptación y persistencia de las comunidades microbianas, proporcionando estabilidad frente a cambios en el entorno.

Margalef (1972) reporta que el índice de Shannon-Wiener, normalmente, varía de 1 a 5, e interpreta a valores menores de 2 como diversidad baja, de 2 a 3.5 media y superiores a 3.5 como diversidad alta. De acuerdo a ese criterio, los resultados del presente estudio indican una diversidad alta tanto de la comunidad bacteriana como fúngica en ambos sistemas de labranza.

En las condiciones de este estudio, con el sistema de muestreo y el tipo de análisis llevado a cabo, no se detectó un impacto significativo del sistema de labranza en los índices de diversidad alfa. Los valores obtenidos para la comunidad bacteriana resultaron similares a los reportados por Lienhard et al. (2014), (comunidad bacteriana bajo SD = 4.3 - 4.4 y bajo LC = 4.4). En el caso de este trabajo los valores de Shannon para la comunidad bacteriana fueron de 4.85 bajo SD y 4.75 bajo LC, mientras que para la comunidad fúngica se observó un índice de Shannon mayor para los suelos bajo LC (4.04) en comparación con los suelos bajo SD (4.00). Lienhard et al. (2014) no encontraron diferencias en los valores del índice de Shannon en las comunidades bacterianas entre ambos sistemas de labranza mientras que para la comunidad fúngica reportó valores más bajos en el sistema de LC (3.9) respecto al sistema de SD (4.3-4.9), contrariamente a lo observado en este trabajo. Por otra parte, Lasso Caiza (2019) encontró valores más altos del índice de Shannon bajo SD, sobre un cultivo de maíz, tanto para la comunidad bacteriana (9.17) como para la comunidad fúngica (6.17), frente al mismo cultivo en LC, con valores de 8.96 y 5.07 para la comunidad bacteriana y fúngica, respectivamente.

En cuanto al índice de dominancia de Simpson, se encontraron valores cercanos a 1 tanto para la comunidad bacteriana como para la comunidad fúngica, en ambos sistemas de labranza, lo que indica una baja equitatividad, es decir una alta dominancia de unas pocas especies muy abundantes, muy común en suelos agrícolas (Orcutt et al., 2009) y en muchos estudios de microbiología del suelo y comunidades microbianas en general. En línea con estos resultados, (Choudhary et al., 2022) encontraron valores de Simpson cercanos a 1 para la comunidad fúngica, comparando sistemas de LC bajo una rotación de arroz-trigo y sistemas bajo SD con rotaciones de arroz-trigo-frijol y maíz-trigo-frijol. Similares resultados reportaron (Essel et al., 2018) donde evaluaron sobre una rotación de guisante y trigo, sistemas con remoción de rastrojo por un lado y sistemas con incorporación de rastrojos por el otro tanto en LC como en SD, y encontraron valores de Simpson cercanos a 1 tanto para la comunidad bacteriana como fúngica, a 0-10 cm y 10-30 cm.

Por otro lado, a través del análisis multivariante permutacional de varianza (PERMANOVA) no se detectaron diferencias en la estructura de la comunidad bacteriana entre ambos sistemas de labranza, determinado a través de la matriz de Bray-Curtis. En cuanto a la estructura comunitaria

fúngica, ésta presentó diferencias entre sistemas de labranza (p -valor = 0.004), observándose una mayor similitud de las comunidades fúngicas dentro del sistema de LC.

Lienhard et al. (2014) reportó en su trabajo un efecto temprano y significativo del manejo agrícola en las propiedades microbianas del suelo, con la LC disminuyendo la riqueza y diversidad fúngica, pero aumentando la riqueza y diversidad bacteriana, mientras que los sistemas bajo SD y pastos mejorados representaron una menor perturbación para las poblaciones de bacterias y hongos. Contrario a los resultados obtenidos en el presente trabajo, donde se observó que en el sistema bajo LC se observó mayor riqueza de la comunidad fúngica y, además, presentó diferencias respecto a la abundancia relativa en ciertos taxones a nivel de clase y género. En línea con esto último, Maguire (2020) observó que, en distintos sistemas de cultivo, monocultivo de arroz y rotación arroz-pastura, la comunidad fúngica, respecto a la comunidad bacteriana, aparenta ser más sensible a estos sistemas ya que el arreglo en clústeres domina en esta comunidad, en ambos sistemas de cultivo. A su vez evidenció procesos de clustering filogenético para la comunidad fúngica, donde la selección ambiental limita la composición comunitaria a taxones filogenéticamente cercanos y ecológicamente similares.

Los géneros bacterianos (*Blastococcus*, *Geodermatophilus*, *Nocardioides*, *Candidatus_Udaeobacter*, *Sphingomonas*, *Nitrospira*, *Streptosporangium* y *Kribbella*) que fueron más abundantes en LC, desempeñan diversos roles ecológicos importantes participando en la descomposición de la MO, el ciclado de nutrientes, fijación de N, estabilización del suelo, asociaciones simbióticas, promoción del crecimiento vegetal, control de patógenos, degradación de contaminantes, resistencia a condiciones de sequía, entre otras (Avenidaño Villafranca, 2012; López Vázquez, 2023; Ma et al., 2023; Mohammadipanah & Wink, 2016; Reyes Ardila, 2023; Santellanez Arreola, 2022; Torres Rodríguez, 2003; Villalobos Flórez et al., 2020). Por otro lado, las clases fúngicas (*Saccharomycetes*, *Peizomycetes* y *Archaeorhizomycetes*) que fueron más abundantes en LC, participan en diversas funciones como la descomposición de la MO, el ciclado de nutrientes, la simbiosis con plantas a través de la formación de micorrizas, favorecen a la estabilización del suelo y a las interacciones con otros organismos (Hoorman, 2011; Madriz-Valdovinos et al., 2022; Pinto-Figueroa et al., 2019). Respecto a los géneros fúngicos con mayor abundancia bajo LC, dos de ellos (*Candida* y *Ganoderma*) incluyen diversas especies que pueden tener roles beneficiosos (descomposición de la MO, promoción del crecimiento vegetal, control de enfermedades) así como otras que pueden tener roles perjudiciales y ser patógenas para los cultivos (Gamboa Angulo & Tussell Tapia Raul, 2020; Sundram et al., 2019). Otros 6 géneros que fueron más abundantes en LC (*Sphaerobolus*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Lactarius* y *Pseudotomentella*) participan en la descomposición de la MO, el ciclado de nutrientes, control de patógenos, mejora en la estructura del suelo, formación de micorrizas con raíces de ciertos cultivos, promoción del crecimiento vegetal, entre otras (Arroyo Marín, 2023; Baetsen, 2013; Carrillo-Saucedo et al., 2022; El-Nagerabi et al., 2013; Mondino & Vero, 2006; Montoya & Bandala, 2005; Vadkertiová et al., 2019). Mientras que el género fúngico *Dinemasporium*, el cual presentó mayor abundancia bajo SD, favorece la salud de ciertas plantas, ya que se encarga de producir dentro de los tejidos vegetales metabolitos bioactivos con actividades antibacterianas y antifúngicas (Xiao et al., 2023; Yuan & Mohammed, 1999), sin embargo, su rol específico en el suelo aún está completamente comprendido.

El logro de una agricultura sustentable está vinculado a cómo se maneja la variación de la MOS, a través de prácticas que regulan los mecanismos de entrada y salida del C de la misma y, así, su

variación en el tiempo (Lal, 2010; Quiroga & Studdert, 2015). Está extensamente reportado que la disminución de la MOS es inversamente proporcional a la cantidad de material carbonado aportado (Domínguez et al., 2009; Lal, 2014) y directamente proporcional a la agresividad del sistema de labranza del suelo (Lal, 2014; Studdert & Echeverría, 2000). La SD tiende a mejorar tanto la condición de los agregados del suelo (Six et al., 2000; Wander & Bidart, 2000) como su estabilidad (Domínguez et al., 2008; Eiza et al., 2006) por promover la acumulación de MOS, principalmente en los primeros centímetros del suelo, donde ocurre la transformación de los residuos en MOS (Domínguez et al., 2009; Puget & Lal, 2005). Es bien sabido que el manejo bajo SD a menudo aumenta la concentración de CO del suelo cerca de la superficie en comparación con los sistemas de LC (Blanco-Canqui et al., 2011). Debe tenerse en cuenta que la SD no aumenta el contenido de CO por sí sola; debe combinarse con otras prácticas agrícolas como la fertilización y/o la rotación de cultivos (Galantini et al., 2014). En los sitios agrícolas de este estudio se encontraron diferencias en el stock de COT en los primeros 10 cm, siendo superior en SD. En línea con estos resultados Apezteguía & Sereno (2002) en un suelo Haplustol típico de textura franco limosa del centro de la provincia de Córdoba encontraron que en sistemas de SD hubo un mayor stock y almacenamiento de COT que en sistemas de LC a una profundidad de 0-30 cm. Por su parte, Schmidt & Amiotti (2015) encontraron valores más bajos de stock de COT en SD respecto al stock encontrado en LC en Paleustoles petrocálcicos franco finos, mixtos y térmicos del sur de la región pampeana semiárida.

Por otro lado, se observó que en ambas profundidades de muestreo el stock de COT en SD y en LC fue superior respecto al stock del sistema utilizado como referencia, el cual incluye sitios con pasturas sin remoción del suelo. Los factores de cambio de stock de COT resultaron mayores a 1 en ambas comparaciones, lo que sugiere un mayor incremento en los suelos bajo el sistema SD. Resultados opuestos fueron reportados por Koritko et al. (2019) donde evaluaron el efecto de la SD en la estabilización del COT en suelos de Santiago del Estero (Argentina) respecto a sitios bajo monte nativo, observando una disminución del stock de COT, factores de cambio menores a 1, ante el cambio de uso del suelo. En línea con estos resultados Cortazzo Arace (2022) reportó una disminución del stock de CO del suelo en sistemas en los que se convierten pastizales naturales a modelos de agricultura continua bajo SD. Ferrero et al. (2018) por su parte, en un suelo Haplustol éntico de la provincia de Córdoba (Argentina), encontró una disminución del stock de COT en suelos agrícolas, bajo SD, respecto a suelos prístinos de bosque nativo a profundidades de 0-10 cm, 10-20 cm y 20-30 cm, y respecto a suelos bajo uso ganadero encontraron diferencias únicamente a 20-30 cm.

El COP es una fracción muy lábil del CO y se asocia a mecanismos de estructuración del suelo y disponibilidad de nutrientes para los cultivos, interviene en la formación y reciclaje de microagregados y en la formación y estabilidad de macroagregados y puede controlar gran parte de la productividad de los agroecosistemas en el corto plazo (Beare et al., 1994; Six et al., 1998). El COP es más sensible que el COT para mostrar el efecto de los sistemas de cultivo y labranzas sobre la MOS que se degrada en el horizonte superficial de zonas degradadas (Fabrizzi et al., 2003) y Molisoles no degradados (Diovisalvi et al., 2008; Eiza et al., 2005). En nuestro estudio no se encontraron diferencias en el stock de COP entre sistemas de labranza a las profundidades donde se evaluó. Sin embargo, otros autores (Galantini et al., 2014) encontraron mayores valores de stock de COP a 0-5 cm y 10-20 cm, en suelos Haplustoles énticos térmicos mixtos, bajo SD y fertilización, respecto a suelos bajo LC y fertilización, luego de varios años del ensayo. Las diferentes tasas de mineralización asociadas con los sistemas de labranza no llegarían a generar diferencias mayores que las provocadas

por el efecto de la distribución del sustrato carbonado en la capa arable (Studdert et al., 2010). En el caso de la SD, el menor aporte de material por debajo de la superficie (solo raíces) (Baker et al., 2007) y el mayor contenido de humedad en el suelo (Bhattacharyya et al., 2006) que mejora las condiciones para la humificación de esos residuos, podrían ser las causas del menor contenido de COP en profundidad, esto conduce a una estratificación del C en el perfil con mayor acumulación cerca de su superficie (Powlson et al., 2014). Estos resultados reportados no sugieren un patrón recurrente en el COP en sistemas bajo manejos diferentes. Otros autores observaron algo similar en diversos sitios de La Pampa (Argentina), donde compararon una serie de modelos agrícolas, con diferentes intensidades de rotación y secuencias, con un ambiente sin disturbar, con disminuciones del stock de COP en los sitios agrícolas, aunque a diferencia de los resultados obtenidos en el presente trabajo, también encontraron disminuciones del stock de COT (Duval et al., 2016).

El stock de NT en ambos sistemas de labranza no presentó diferencias entre sí. Tanto en SD como en LC y a las dos profundidades evaluadas, el stock de NT fue superior respecto al stock del sistema de referencia. Esto posiblemente esté vinculado a los mayores valores de COT, parámetro muy relacionado con el NT y la MOS, que fueron encontrados en los sistemas de labranza debido a los aportes de residuos de la cosecha y la fertilización que se realiza año tras año para los cultivos anuales. Resultados opuestos encontraron Ferrero et al. (2018) que al igual que para el stock de COT, los menores valores de stock de NT se vieron en suelos bajo SD, respecto a suelos prístinos de bosque nativo, a 0-10 cm y 10-20 cm, no encontrándose diferencias a 20-30 cm. Respecto a la situación bajo uso ganadero no encontraron diferencias.

Si bien podemos suponer una tendencia donde el stock de COP fue ligeramente superior a 0-10 cm bajo SD y a 10-30 cm bajo LC, no se encontraron diferencias significativas. Mientras que el stock de COT solamente a 0-10 cm fue superior en los sitios bajo SD, no se observaron diferencias a 10-30 cm entre ambos sistemas de labranza.

En la SD, al no promoverse una oxidación brusca de la MOS, como la que tiene lugar en la LC, se requiere que los nutrientes, especialmente el nitrógeno, sean aportados como fertilizantes, por lo menos durante los primeros años a partir de la adopción del sistema. Los residuos de las cosechas, al reducir la temperatura del suelo, disminuyen la tasa de mineralización. Vinculado a esto, en este trabajo se encontró que los sitios bajos LC presentaron valores superiores de N_{NO_3} , sugiriendo que se podría deber a una mayor mineralización neta. Es importante saber que en el suelo la evaluación de la cantidad de nitratos se usa para determinar la probabilidad de respuesta al fertilizante y recomendar su aplicación ya que es un nutriente móvil en la solución del suelo (Galantini, 2014).

Los microorganismos del suelo son responsables de la transformación de N en formas disponibles para las plantas. En particular, las bacterias del suelo son las responsables de la inmovilización y mineralización de N del suelo y de los procesos que controlan el suministro de amonio (NH_4^+) y nitrato (NO_3^-) para las plantas. Cabe recordar que la mineralización ocurre en dos etapas: la primera, en la que los microorganismos transforman los componentes de N orgánico en NH_4^+ , y la segunda, en la que se sintetiza NO_3^- a partir del NH_4^+ . Más específicamente, los organismos heterótrofos convierten el N orgánico en NH_4^+ , a través de un proceso llamado amonificación, mientras que los organismos tanto autótrofos como heterótrofos transforman el NH_4^+ a NO_3^- , en un proceso denominado nitrificación (Hayatsu et al., 2021; He & Zhang, 2014). En base a lo anterior, en este trabajo, los mayores valores de N_{NO_3} observados en LC, sugieren que el proceso predominante podría ser la nitrificación. Por otro lado, no se encontraron diferencias en el contenido de N_{NH_4}

entre sistemas de labranza. Resultados distintos reportaron Baranek et al. (2011) y López-Bellido et al. (2014) en sus estudios, donde evaluaron entre otras cosas el comportamiento de suelos sometidos a LC y SD luego de varios años, bajo un suelo clasificado como Latosol rojo, arcilloso ubicado en Ponta Grasa, Paraná (Brasil) y en un suelo vertisol mediterráneo típico de secano, en donde se encontraron valores de N_{NH_4} superiores en los suelos bajo SD.

La relación CN no presentó diferencias entre SD y LC, los valores encontrados en estos sistemas fueron superiores a comparación de los valores que se encontraron en el sistema de referencia, principalmente en SD. Similares resultados encontraron (Ferrero et al., 2018) donde la relación CN fue mayor a 0-10 cm en sitios bajo SD respecto a sitios prístinos y sitios de uso ganadero, a 10-20 cm y 20-30 cm se observó la misma tendencia respecto a los sitios prístinos, entre sitios agrícolas bajo SD y sitios ganaderos no hubo diferencias.

En este estudio, donde hace ya más de veinte años se mantiene el mismo planteo agrícola, en el que solo difiere en el sistema de labranza, se demostró que algunas propiedades del suelo varían entre sistemas. Una de esas propiedades fue la Kpa, cuyos valores resultaron mayores en las parcelas bajo SD respecto a aquellas bajo LC. Resultados similares encontraron Amaral Sobrinho et al. (2016) donde compararon suelos Argiudoles Vérticos de uso agrícola bajo SD y LC, ubicados en el noreste de la provincia de Buenos Aires, obteniendo valores más altos de Kpa bajo SD, la que sin embargo no estuvo asociada a mayor DA, similar a lo encontrado en este trabajo donde no se observa una relación directa entre la DA y la Kpa entre sistemas. Otros trabajos como los de Micucci & Taboada (2006); Taboada et al. (1998) sugieren que el aumento de Kpa podría ser atribuido a un proceso de endurecimiento o "*hardening*", ya descrito en otros suelos pampeanos manejados bajo SD. Existen muchos trabajos con resultados variables en cuanto a la relación existente entre la DA y la Kpa. Según diversos autores (Ayers & Perumpral, 1982; Mulqueen et al., 1977; Patrizzi et al., 2003; Taylor & Burnett, 1964) la Kpa del suelo, medida como índice de cono, varía en función de otras propiedades tales como el contenido de Humedad, la DA, la textura y el contenido de MOS. Una práctica recomendable para los manejos bajo SD sería una descompactación y una rotación con cultivos con mayor exploración del perfil del suelo, uso de cultivos de coberturas, con el fin de poder mejorar las propiedades físicas del suelo.

Con respecto al resto de los parámetros físico-químicos que se evaluaron, a través del ACP se encontró una segregación de ambos sistemas de labranza en función a estos parámetros, los sitios de LC se asociaron con mayores valores de Na_{sol} , K_{sol} y N_{NO_3} , éste último ya descrito anteriormente. Las mayores concentraciones de Na_{sol} y K_{sol} en los sitios bajo LC pueden deberse a la acción de los procesos de labranza que movilizan y redistribuyen los minerales en el perfil del suelo. Por otro lado, menores valores de Bic_{sol} en los sitios de LC podría estar relacionado con la acidez del suelo, la labranza puede contribuir a la liberación de CO_2 (Dióxido de Carbono), lo que puede acidificar el suelo y reducir los niveles de bicarbonato a comparación de los valores encontrados en los sitios bajo SD. En línea con estos resultados, en un estudio llevado a cabo en una granja experimental ubicada en Carmona, Sevilla (España) bajo una rotación trigo-girasol-leguminosa en un suelo Vertisol, (Lozano-García et al., 2011) encontraron que los sitios bajo LC liberan más Na^+ y K^+ a la solución del suelo que los sitios bajo SD.

Sería interesante a futuro complementar este trabajo con estudios de diversos microorganismos y genes funcionales vinculados a los ciclos del C y del N, ya que como bien se conoce la diversidad funcional es un aspecto importante de los organismos que influyen en las propiedades del

ecosistema y en los servicios ecosistémicos que éstos proveen. Por otro lado, además de conocer la magnitud de los cambios de stocks de C del suelo, es importante que este pueda ser considerado en inventarios de Gases de Efecto Invernadero (GEI). Como bien es sabido, el metano (CH_4) es uno de los principales GEI y sus concentraciones en la atmósfera se encuentra actualmente en 1.803 ppb, es decir, un 150% más alto que en tiempos pre-industriales (IPCC, 2013). No hay datos aún disponibles sobre el intercambio de CH_4 en todos los ecosistemas incluidos en este trabajo y tampoco se dispone de evaluaciones certeras y multi-estacionales del aporte microbiano a los ciclos de C y del N. Estos datos de relevancia deben ser evaluados en conjunto con los estudios que contribuyan a discernir certeramente el aporte de GEI a partir de la actividad microbiana de los diversos ecosistemas, permitiendo así correlacionar sus diversidades con factores de actividad biológica e inferir su potencialidad tecnológica en el diseño de prácticas de manejo del recurso suelo. Para complementar el análisis de diversidad beta el cual el ordenamiento encontrado nos sugiere procesos estructurantes diferentes para ambas comunidades o, en principio, con relevancia diferencial, sería interesante poder calcular distintos índices filogenéticos como el Índice de taxón más cercano (NTI) y la Distancia promedio del taxón más cercano (MNTD), los cuales permitirían evaluar la estructura filogenética de las comunidades microbianas. También sería interesante evaluar la hipótesis sobre microdiversidad y determinar si las diferencias están relacionadas con la presencia de distintos ecotipos. Por último, complementar con una evaluación temporal del stock de COT, COP y NT sería de gran aporte para comprobar si realmente existe un cambio en estas propiedades entre estos sistemas.

Integrar en futuras investigaciones análisis filogenéticos, estudios funcionales a nivel genómico y evaluaciones directas de emisiones de gases de efecto invernadero permitirá una comprensión más completa de los efectos de los sistemas de labranza en la comunidad microbiana y en la función del suelo. Además, esta información puede ser crucial para el diseño de prácticas de manejo sostenible que maximicen la productividad agrícola mientras minimizan los impactos ambientales.

7. CONCLUSIÓN

En un ambiente el cual se caracteriza por realizar agricultura de manera continua desde hace más de 20 años, los cambios observados en los suelos sometidos a Siembra Directa y Labranza Convencional, sugieren una compleja interacción entre estos sistemas de labranza y las propiedades del suelo, destacando la importancia de considerar múltiples factores al evaluar el impacto de las prácticas agrícolas en la salud del suelo. Se puede concluir que los parámetros físico-químicos tradicionales no resultan suficientes para determinar la calidad edáfica en suelos bajo estos sistemas de labranza. Nuestros resultados indican que incorporar parámetros biológicos permitió ampliar y tener una evaluación más precisa de la calidad edáfica. En particular, la estructura de la comunidad microbiana fúngica evidenció sensibilidad a los diferentes sistemas de labranza, lo que pone de manifiesto su importancia en relación con su respuesta a las diferentes condiciones edáficas y, por tanto, se propone a esta comunidad como referente de comparación para avanzar, a futuro, en una propuesta metodológica que incluya el biomonitoreo basado en esta comunidad.

8. BIBLIOGRAFÍA

- Abarenkov, K., Zirk, A., Piirmann, T., Pöhönen, R., Ivanov, F., Nilsson, R. H., & Kõljalg, U. (2021). Full UNITE+INSD dataset for eukaryotes. *UNITE Community*.
<https://dx.doi.org/10.15156/BIO/1281567>
- Alapin, H. (2009). La siembra directa en Argentina. Un nuevo paradigma en agricultura. *XII Jornadas Interescuelas/Departamentos de Historia*, 0–8.
- Amaral Sobrinho, N. M. B. do, Chagas, C. I., & Zonta, E. (2016). *Impactos ambientais provenientes da produção agrícola experiências argentinas e brasileiras*.
- Anderson, M. J., & Walsh, D. C. I. (2013). PERMANOVA, ANOSIM, and the Mantel test in the face of heterogeneous dispersions: What null hypothesis are you testing? *Ecological Monographs*, 83(4), 557–574. <https://doi.org/https://doi.org/10.1890/12-2010.1>
- Apezteguía, H., & Sereno, R. (2002). INFLUENCIA DE LOS SISTEMAS DE LABRANZA SOBRE LA CANTIDAD Y CALIDAD DEL CARBONO ORGÁNICO DEL SUELO. *Agricultura Técnica*, 62, 418–426.
- Arroyo Marín, M. J. (2023). *Actividad promotora del crecimiento vegetal de especies de Morchella provenientes de bosque nativo y de plantaciones forestales del centro-sur de Chile*.
- Avendaño Villafranca, L. M. (2012). *Estudio de la población de bacterias nitrificantes y su relación con los parámetros físico-químicos, biológicos y operacionales en una EDAR con sistema convencional de Fangos Activos*. <https://riunet.upv.es:443/handle/10251/15902>
- Ayers, P. D., & Perumpral, J. V. (1982). Moisture and density effect on cone index. *Transactions of the ASAE*, 25(5), 1169–1172.
- Azqueta Oyarzun, Diego. (2007). *Introducción a la economía ambiental [recurso electrónico] / Diego Azqueta Oyarzun*. (2a ed.). McGraw-Hill/Interamericana de España.
- Baetsen, A. M. (2013). *Confirmation of Sphaerobolus Stellatus as a Causal Organism of Thatch Collapse of Turfgrasses*.
- Baker, C. J., Reicosky, D. C., Saxton, K. E., Ribeiro, M. F. S., Hobbs, P. R., Justice, S. E., Chamen, W. C. T., & Ritchie, W. R. (2009, September). Siembra con labranza cero en la agricultura de conservación. *Editorial Acribia S. A.*, 0–413.
- Baker, J. M., Ochsner, T. E., Venterea, R. T., & Griffis, T. J. (2007). Tillage and soil carbon sequestration—What do we really know? *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 118(1), 1–5. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.agee.2006.05.014>
- Bakker, J. D. (2023). MRPP. *Applied Multivariate Statistics in R*.
- Baranek, E. J., Cássia Piccolo, M. de, Pavei, M., Urquiaga, S., de Moraes Sá, J. C., Garcia Cardoso, E., Briedis, C., de Oliveira Ferreira, A., Borszowskei, P. R., Burkner Santos, J., Massinham, A., Ferreira, C. F., & Siuta Júnior, D. (2011). NITROGEN DYNAMICS IN SOIL MANAGEMENT

- SYSTEMS. I - FLUX OF INORGANIC NITROGEN (NH₄ + AND NO₃-). *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, 35(5), 1641–1649. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=180221126018>
- Beare, M., Hendrix, P., Cabrera, M., & Coleman, D. (1994). Aggregate-Protected and Unprotected Organic Matter Pools in Conventional and No-Tillage Soils. *Soil Science Society of America Journal - SSSAJ*, 58. <https://doi.org/10.2136/sssaj1994.03615995005800030021x>
- Ben-Noah, I., & Friedman, S. P. (2018). Review and Evaluation of Root Respiration and of Natural and Agricultural Processes of Soil Aeration. *Vadose Zone Journal*, 17(1), 170119. <https://doi.org/https://doi.org/10.2136/vzj2017.06.0119>
- Berhongaray, G., Alvarez, R., De Paepe, J., Caride, C., & Cantet, R. (2013). Land use effects on soil carbon in the Argentine Pampas. *Geoderma*, 192, 97–110.
- Bhattacharyya, R., Singh, R. D., Chandra, S., Kundu, S., & Gupta, H. S. (2006). Effect of tillage and irrigation on yield and soil properties under rice (*Oryza sativa*)-wheat (*Triticum aestivum*) system on a sandy clay loam soil of Uttaranchal. *Indian Journal of Agricultural Science*, 76(7), 405–409.
- Blanco-Canqui, H., Mikha, M. M., Presley, D. R., & Claassen, M. M. (2011). Addition of Cover Crops Enhances No-Till Potential for Improving Soil Physical Properties. *Soil Science Society of America Journal*, 75(4), 1471–1482. <https://doi.org/https://doi.org/10.2136/sssaj2010.0430>
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E. J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bisanz, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Brown, C. T., Callahan, B. J., Caraballo-Rodríguez, A. M., Chase, J., ... Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Bray, R. H., & Kurtz, L. T. (1945). Determination of total, organic, and available forms of phosphorus in soils. *Soil Science*, 59(1), 39–46.
- Buschiazzo, D. E., Panigatti, J. L., & Unger, P. W. (1998). Tillage effects on soil properties and crop production in the subhumid and semiarid Argentinean Pampas. *Soil and Tillage Research*, 49(1), 105–116. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0167-1987\(98\)00160-3](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0167-1987(98)00160-3)
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Cao, Q., Sun, X., Rajesh, K., Chalasani, N., Gelow, K., Katz, B., Shah, V. H., Sanyal, A. J., & Smirnova, E. (2021). Effects of Rare Microbiome Taxa Filtering on Statistical Analysis. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.607325>

- Carbonell-Bojollo, R., González-Sánchez, E. J., Ruibérriz de Torres, M. R., Ordóñez-Fernández, R., Domínguez-Gimenez, J., & Basch, G. (2015). Soil organic carbon fractions under conventional and no-till management in a long-term study in southern Spain. *Soil Research*, 53(2), 113–124. <https://doi.org/10.1071/SR13369>
- Carrillo-Saucedo, S. M., Puente-Rivera, J., Montes-Recinas, S., Cruz-Ortega, R., Carrillo-Saucedo, S. M., Puente-Rivera, J., Montes-Recinas, S., & Cruz-Ortega, R. (2022). Las micorrizas como una herramienta para la restauración ecológica. *Acta Botanica Mexicana*, 129. <https://doi.org/10.21829/abm129.2022.1932>
- Chao, A. (1984). Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics*, 265–270.
- Chao, A., & Lee, S.-M. (1992). Estimating the number of classes via sample coverage. *Journal of the American Statistical Association*, 87(417), 210–217.
- Chapman, H. D. (1965). Cation-exchange capacity. *Methods of Soil Analysis: Part 2 Chemical and Microbiological Properties*, 9, 891–901.
- Choudhary, M., Jat, H. S., Jat, M. L., & Sharma, P. C. (2022). Climate-smart agricultural practices influence the fungal communities and soil properties under major agri-food systems. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.986519>
- Cortazzo Arace, N. R. (2022). *Estimación de las tasas de mineralización y humificación del carbono orgánico en el suelo mediante modelos e isotopos de ¹³C en cultivos de maíz y soja en sistemas agrícolas bajo siembra directa.*
- Cosentino, D., & Campos Pecorari, C. (2002). *Limos de baja densidad: impacto sobre el comportamiento físico de los suelos de la región pampeana.*
- Costa, J. L., Aparicio, V. C., & Cerda, A. (2014). Soil physical quality changes under different management systems after 10 years in Argentinian Humid Pampa. *Solid Earth Discuss*, 6, 2615–2644.
- Cruzate, G. A., & Casas, R. (2009). Extracción de nutrientes en la agricultura argentina. *Informaciones Agronómicas Del Cono Sur*, 44, 21–26.
- Dabalá, L. (2009). Guía de la siembra directa. Montevideo, UY, Ministry of Livestock. *Agriculture and Fisheries*.
- De Sa Pereira, E., Minoldo, G., & Galantini, J. A. (2015). *Impacto de los sistemas actuales de cultivo sobre las propiedades químicas del suelo y sus efectos sobre los balances de carbono.* <http://hdl.handle.net/20.500.12123/5934>
- Deacon, L. J., Pryce-Miller, E. J., Frankland, J. C., Bainbridge, B. W., Moore, P. D., & Robinson, C. H. (2006). Diversity and function of decomposer fungi from a grassland soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 38(1), 7–20.
- Degrune, F., Dufrêne, M., Colinet, G., Massart, S., Taminiau, B., Bodson, B., Hiel, M.-P., Daube, G., Nezer, C., & Vandenberg, M. (2015). A novel sub-phylum method discriminates better the

- impact of crop management on soil microbial community. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(3), 1157–1166. <https://doi.org/10.1007/s13593-015-0291-4>
- Diovisalvi, N. V., Studdert, G. A., Domínguez, G. F., & Eiza, M. J. (2008). Fracciones de carbono y nitrógeno orgánicos y nitrógeno anaeróbico bajo agricultura continua con dos sistemas de labranza. *Ciencia Del Suelo*, 26(1), 1–11.
- Domínguez, G. F., Andersen, A., & Studdert, G. A. (2008). Cambios en la estabilidad de agregados en distintos sistemas de cultivo bajo siembra directa y labranza convencional. *Actas XXI Congreso Argentino de La Ciencia Del Suelo*, 13–16.
- Domínguez, G. F., Diovisalvi, N. V., Studdert, G. A., & Monterubbiansi, M. G. (2009). Soil organic C and N fractions under continuous cropping with contrasting tillage systems on mollisols of the southeastern Pampas. *Soil and Tillage Research*, 102(1), 93–100.
- Doran, J. W., & Zeiss, M. R. (2000). Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. *Applied Soil Ecology*, 15(1), 3–11. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0929-1393\(00\)00067-6](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0929-1393(00)00067-6)
- Duval, M. E., Galantini, J. A., MARTÍNEZ, J., & Iglesias, J. O. (2016). Comparación de índices de calidad de suelos agrícolas y naturales basados en el carbono orgánico. *Ciencia Del Suelo*, 34(2), 197–209.
- Edwards, T. (2022). What is soil organic carbon? *Department of Primary Industries and Regional Development*. <https://agric.wa.gov.au/n/1364>
- Eiza, M. J., Fioriti, N., Studdert, G. A., & Echeverría, H. E. (2005). Fracciones de carbono orgánico en la capa cultivable: sistemas de cultivo y efectos de la fertilización nitrogenada. *Ciencia Del Suelo*, 23(1), 59–67. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1850-20672005000100007&lng=es&nrm=iso&tlng=en
- Eiza, M. J., Studdert, G. A., Fioriti, N., & Domínguez, G. F. (2006). Estabilidad de agregados y materia orgánica total y particulada en molisoles de Balcarce. *XX Congreso Argentino de La Ciencia Del Suelo, Salta, Argentina*.
- El-Nagerabi, S., Elshafie, A., & Al Maaini, R. (2013). *Fungal biodiversity of some substrates of semi-arid region of the Sultanate of Oman*.
- Essel, E., Li, L., Deng, C., Xie, J., Zhang, R., Luo, Z., & Cai, L. (2018). Evaluation of bacterial and fungal diversity in a long-term spring wheat – field pea rotation field under different tillage practices. *Canadian Journal of Soil Science*, 98(4), 619–637. <https://doi.org/10.1139/cjss-2017-0155>
- Fabrizzi, K. P., Morón, A., & García, F. O. (2003). Soil Carbon and Nitrogen Organic Fractions in Degraded vs. Non-Degraded Mollisols in Argentina. *Soil Science Society of America Journal*, 67(6), 1831–1841. <https://doi.org/https://doi.org/10.2136/sssaj2003.1831>
- Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1), 1–10.

- FAO. (2023). *La biodiversidad del Suelo, Conservación del Suelo y Agricultura*.
<https://www.fao.org/soils-portal/soil-biodiversity/conservacion-del-suelo-y-agricultura/es/>
- Ferreras, L., MAGRA, G., BESSON, P., KOVALEVSKI, E., & Garcia, F. (2007). *Indicadores de calidad física en suelos de la Región Pampeana Norte de Argentina bajo siembra directa*. 25.
- Ferrero, M., Basanta, M., & Alvarez, C. (2018, November). *STOCK DE CARBONO Y NITRÓGENO ORGÁNICOS Y VARIABLES FÍSICAS EN UN HAPLUSTOL ÉNTICO BAJO DIFERENTES USOS EN EL SUDESTE DE CÓRDOBA*.
- Fisher, R. A., Corbet, A. S., & Williams, C. B. (1943). The relation between the number of species and the number of individuals in a random sample of an animal population. *The Journal of Animal Ecology*, 42–58.
- Fu, X., Fu, Q., Zhu, X., Yang, X., Chen, H., & Li, S. (2023). Microdiversity sustains the distribution of rhizosphere-associated bacterial species from the root surface to the bulk soil region in maize crop fields. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1266218>
- Galantini, J. A. (2014). *Ciencia y experiencia para una siembra directa sustentable en los ambientes frágiles del S y SO Bonaerense*. Buenos Aires (Argentina: Provincia). Consejo Nacional de Investigaciones
- Galantini, J. A., Duval, M. E., Iglesias, J. O., & Kruger, H. (2014). Continuous Wheat in Semiarid Regions: Long-term Effects on Stock and Quality of Soil Organic Carbon. *Soil Science*, 179(6). https://journals.lww.com/soilsci/fulltext/2014/06000/continuous_wheat_in_semiarid_regions__long_term.2.aspx
- Gamboa Angulo, M. M., & Tussell Tapia Raul. (2020). *Identificación molecular y evaluación anticandida de cepas de Streptomyces aisladas de suelos del trópico mexicano, cultivadas en diferentes fuentes de carbono y nitrógeno*. 2020.
- García, Y., Ramírez, W., & Sánchez, S. (2012). Indicadores de la calidad de los suelos: una nueva manera de evaluar este recurso. *Pastos y Forrajes*, 35(2), 125–138.
- García-García, N., Tamames, J., Linz, A. M., Pedrós-Alió, C., & Puente-Sánchez, F. (2019). Microdiversity ensures the maintenance of functional microbial communities under changing environmental conditions. *The ISME Journal*, 13(12), 2969–2983. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0487-8>
- Gotelli, N. J., & Colwell, R. K. (2011). *Estimating species richness*. In *Biological Diversity: Frontiers in Measurement and Assessment*. (Eds AE Magurran and BJ McGill.) pp. 39–54. Oxford University Press: New York.
- Gregorich, E. G., Carter, M. R., Angers, D. A., Monreal, Cm., & Ellert, B. H. (1994). Towards a minimum data set to assess soil organic matter quality in agricultural soils. *Canadian Journal of Soil Science*, 74(4), 367–385.

- Guerrero, L. D. (2012). Comunidades bacterianas en suelos bajo siembra directa en la región agropecuaria pampeana. Influencia del manejo y propuesta de nuevos indicadores biológicos. *Tesis Doctoral. Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.*
- Hartmann, M., Frey, B., Mayer, J., Mäder, P., & Widmer, F. (2015). Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *The ISME Journal*, 9(5), 1177–1194. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.210>
- Hayatsu, M., Katsuyama, C., & Tago, K. (2021). Overview of recent researches on nitrifying microorganisms in soil. *Soil Science and Plant Nutrition*, 67(6), 619–632. <https://doi.org/10.1080/00380768.2021.1981119>
- He, Z., & Zhang, H. (2014). *Applied Manure and Nutrient Chemistry for Sustainable Agriculture and Environment*. <https://doi.org/10.1007/978-94-017-8807-6>
- Herrick, J. E., & Jones, T. L. (2002). A dynamic cone penetrometer for measuring soil penetration resistance. *Soil Science Society of America Journal*, 66(4), 1320–1324.
- Hoorman, J. J. (2011). The role of soil fungus. *Factsheet-Agriculture and Natural Resources. The Ohio State University Extension.*
- INTA. (2011). Siembra Directa. *Actualización Técnica N° 58.*
- INTA-MDA Bs.As. (2013). *Soil map of Buenos Aires province. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina.*
- IPCC. (2013). *Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Intergovernmental Panel on Climate Change, final draft*. <http://www.climatechange2013.org/>
- Jat, M. L., Gathala, M. K., Choudhary, M., Sharma, S., Jat, H. S., Gupta, N., & Yadvinder-Singh. (2023). Chapter Three - Conservation agriculture for regenerating soil health and climate change mitigation in smallholder systems of South Asia. In D. L. Sparks (Ed.), *Advances in Agronomy* (Vol. 181, pp. 183–277). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/bs.agron.2023.05.003>
- Jiménez Bueno, N. G. (2016). *Efecto de las diferentes prácticas de agricultura sobre las comunidades bacterianas en suelos del Valle del Yaqui.*
- Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4), 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*, 41(1), e1–e1. <https://doi.org/10.1093/nar/gks808>
- Koritko, L. M., Suárez, R. A., Anriquez, A. L., Pece, M., & Albanesi, A. S. (2019). Efecto de la siembra directa en la estabilización del carbono orgánico del suelo a escala de sitio en Santiago del Estero, Argentina. *Revista Agronómica Del Noroeste Argentino*, 39(1), 9–18.

- Lahti, L., Shetty, S., & Ernst, F. M. (2021). *Orchestrating Microbiome Analysis with Bioconductor [Beta Version]*.
- Lal, R. (2008a). Carbon sequestration. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 363(1492), 815–830.
- Lal, R. (2008b). *Soils and sustainable agriculture. A review. Agron Sustain Dev* 28: 57–64.
- Lal, R. (2010). Enhancing eco-efficiency in agro-ecosystems through soil carbon sequestration. *Crop Science*, 50, S-120.
- Lal, R. (2014). Societal value of soil carbon. *Journal of Soil and Water Conservation*, 69(6), 186A-192A.
- Lampurlanés, J., & Cantero-Martínez, C. (2003). Soil bulk density and penetration resistance under different tillage and crop management systems and their relationship with barley root growth. *Agronomy Journal*, 95(3), 526–536.
- Larkin, A. A., & Martiny, A. C. (2017). Microdiversity shapes the traits, niche space, and biogeography of microbial taxa. *Environmental Microbiology Reports*, 9(2), 55–70. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/1758-2229.12523>
- Larkin, R. P., Honeycutt, C. W., & Griffin, T. S. (2005). Effect of swine and dairy manure amendments on microbial communities in three soils as influenced by environmental conditions. *Biol. Fertil. Soils*, 42, 1–11.
- Lasso Caiza, E. R. (2019). *Estudio de la diversidad de hongos y bacterias asociado a sistemas de labranza y especies vegetales cultivadas*. <http://www.dspace.uce.edu.ec/handle/25000/20357>
- Lienhard, P., Terrat, S., Prévost-Bouré, N. C., Nowak, V., Régnier, T., Sayphoummie, S., Panyasiri, K., Tivet, F., Mathieu, O., Levêque, J., Maron, P.-A., & Ranjard, L. (2014). Pyrosequencing evidences the impact of cropping on soil bacterial and fungal diversity in Laos tropical grassland. *Agronomy for Sustainable Development*, 34(2), 525–533. <https://doi.org/10.1007/s13593-013-0162-9>
- Liu, Z., Gu, H., Liang, A., Li, L., Yao, Q., Xu, Y., Liu, J., Jin, J., Liu, X., & Wang, G. (2021). *Conservation tillage regulates soil bacterial community assemblies, network structures and ecological functions in black soils*.
- López Vázquez, M. I. (2023). *Aislamiento, caracterización y minería de genoma de bacterias aisladas de suelo contaminado*. Universidad Autónoma Metropolitana .
- López-Bellido, L., Muñoz-Romero, V., Fernández-García, P., & López-Bellido, R. J. (2014). Ammonium accumulation in soil: the long-term effects of tillage, rotation and N rate in a Mediterranean Vertisol. *Soil Use and Management*, 30(4), 471–479.
- Lozano-García, B., Parras-Alcántara, L., & Muriel-Fernández, J. L. (2011). Soil tillage effects on monovalent cations (Na⁺ and K⁺) in vertisols soil solution. *CATENA*, 84(1), 61–69. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.catena.2010.09.005>

- Luo, X., Fu, X., Yang, Y., Cai, P., Peng, S., Chen, W., & Huang, Q. (2016). Microbial communities play important roles in modulating paddy soil fertility. *Scientific Reports*, *6*(1), 20326.
<https://doi.org/10.1038/srep20326>
- Ma, Y., Wang, J., Liu, Y., Wang, X., Zhang, B., Zhang, W., Chen, T., Liu, G., Xue, L., & Cui, X. (2023). Nocardioiides: “specialists” for hard-to-degrade pollutants in the environment. *Molecules*, *28*(21), 7433.
- Madriz-Valdovinos, D., Raymundo, T., Gutiérrez, A., Sánchez Flores, M., Coronado, M. L., & Esqueda, M. (2022). Pezizales (Ascomycota) asociados a bosque de pino-encino en Yécora, Sonora, México. *Acta Botánica Mexicana*, *129*.
- Maguire, V. G. (2020). “El género *Lotus* como alternativa para la promoción de ciclos de rotación arroz – pasturas”. UNIVERSIDAD NACIONAL DE GENERAL SAN MARTÍN.
- Manso, M. L., Studdert, G. A., Forján, H. J., & San Martino, S. (2012). Efecto de sistemas de labranza contrastantes sobre algunas propiedades de un molisol de Tres Arroyos bajo distintos usos previos. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias*, *44*(1), 85–99.
<https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=382837650008>
- Margalef, R. (1972). *Homage to Evelyn Hutchinson, or why there is an upper limit to diversity*. Connecticut Academy of Arts and Sciences.
- Melero, S., López-Garrido, R., Murillo, J. M., & Moreno, F. (2009). Conservation tillage: Short-and long-term effects on soil carbon fractions and enzymatic activities under Mediterranean conditions. *Soil and Tillage Research*, *104*(2), 292–298.
- Micucci, F. G., & Taboada, M. A. (2006). Soil physical properties and soybean (*Glycine max*, Merrill) root abundance in conventionally- and zero-tilled soils in the humid Pampas of Argentina. *Soil and Tillage Research*, *86*(2), 152–162.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.still.2005.02.004>
- Mohammadipanah, F., & Wink, J. (2016). Actinobacteria from Arid and Desert Habitats: Diversity and Biological Activity. *Frontiers in Microbiology*, *6*.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01541>
- Mondino, P., & Vero, S. (2006). Control biológico de patógenos en plantas. *Área Agraria*;
- Montoya, L., & Bandala, V. M. (2005). Revision of *Lactarius* from Mexico. Additional new records. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, *18*(4), 471–483.
- Moreno, J. L., Torres, I. F., García, C., López-Mondéjar, R., & Bastida, F. (2019). Land use shapes the resistance of the soil microbial community and the C cycling response to drought in a semi-arid area. *Science of The Total Environment*, *648*, 1018–1030.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.214>
- Mulqueen, J., Stafford, J. V., & Tanner, D. W. (1977). Evaluation of penetrometers for measuring soil strength. *Journal of Terramechanics*, *14*(3), 137–151.
[https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0022-4898\(77\)90012-X](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0022-4898(77)90012-X)

- Nannipieri, P., Ascher, J., Ceccherini, M., Landi, L., Pietramellara, G., & Renella, G. (2003). Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 54(4), 655–670.
- Nawaz, M. F., Bourrie, G., & Trolard, F. (2013). Soil compaction impact and modelling. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 33, 291–309.
- Nearing, J. T., Douglas, G. M., Hayes, M. G., MacDonald, J., Desai, D. K., Allward, N., Jones, C. M. A., Wright, R. J., Dhanani, A. S., Comeau, A. M., & Langille, M. G. I. (2022). Microbiome differential abundance methods produce different results across 38 datasets. *Nature Communications*, 13(1), 342. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-28034-z>
- Nilsson, R. H., Ryberg, M., Abarenkov, K., Sjökvist, E., & Kristiansson, E. (2009). The ITS region as a target for characterization of fungal communities using emerging sequencing technologies. *FEMS Microbiology Letters*, 296(1), 97–101. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2009.01618.x>
- Orcutt, B., Bailey, B., Staudigel, H., Tebo, B. M., & Edwards, K. J. (2009). An interlaboratory comparison of 16S rRNA gene-based terminal restriction fragment length polymorphism and sequencing methods for assessing microbial diversity of seafloor basalts. *Environmental Microbiology*, 11(7), 1728–1735. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.01899.x>
- Otero Jiménez, V. (2021). *Determinación del efecto del manejo del tamo de arroz sobre la estructura y función de la comunidad microbiana en suelos de cultivo de arroz*. Universidad Nacional de Colombia. <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/81291>
- Patrizzi, V. C., Vaz, C. M. P., Iossi, M. F., & Primavesi, O. (2003). Modelamento do efeito da umidade e densidade na resistência à penetração dos solos. *CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA DO SOLO*, 29.
- Peralta, G. E., Taboada, M. A., Kantolic, A., & Rubio, G. (2020). Topsoil Hardening: Effects on Soybean Root Architecture and Water Extraction Patterns. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 20(4), 2182–2194. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00286-y>
- Pinto-Figueroa, E. A., Seddon, E., Yashiro, E., Buri, A., Niculita-Hirzel, H., van der Meer, J. R., & Guisan, A. (2019). Archaeorhizomycetes Spatial Distribution in Soils Along Wide Elevational and Environmental Gradients Reveal Co-abundance Patterns With Other Fungal Saprobes and Potential Weathering Capacities. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00656>
- Powlson, D. S., Stirling, C. M., Jat, M. L., Gerard, B. G., Palm, C. A., Sanchez, P. A., & Cassman, K. G. (2014). Limited potential of no-till agriculture for climate change mitigation. *Nature Climate Change*, 4(8), 678–683.
- Price, M. N., Dehal, P. S., & Arkin, A. P. (2009). FastTree: Computing Large Minimum Evolution Trees with Profiles instead of a Distance Matrix. *Molecular Biology and Evolution*, 26(7), 1641–1650. <https://doi.org/10.1093/molbev/msp077>

- Puget, P., & Lal, R. (2005). Soil organic carbon and nitrogen in a Mollisol in central Ohio as affected by tillage and land use. *Soil and Tillage Research*, 80(1–2), 201–213.
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., & Glöckner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 41(D1), D590–D596.
<https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>
- Quiroga, R. A., & Studdert, G. A. (2015). Manejo del suelo e intensificación agrícola: agua y materia orgánica, dos aspectos clave. *Fertilidad de Suelos y Fertilización de Cultivos. 2da Edición. Ediciones INTA. Buenos Aires, Argentina*, 73–100.
- R Core Team. (2022). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*.
- Reboratti, C. (2010). Un mar de soja: la nueva agricultura en Argentina y sus consecuencias. *Revista de Geografía Norte Grande*, 45, 63–76. <https://doi.org/10.4067/S0718-34022010000100005>
- Reichardt, W., Mascarina, G., Padre, B., & Doll, J. (1997). Microbial communities of continuously cropped, irrigated rice fields. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(1), 233–238.
- Restovich, S. B., Andriulo, A. E., & Améndola, C. (2011). Introducción de cultivos de cobertura en la rotación soja-maíz: efecto sobre algunas propiedades del suelo. *Ciencia Del Suelo*, 29(1), 61–73.
- Reyes Ardila, W. L. (2023). *Diversidad de hongos y bacterias presentes en suelos de bosques tropicales de la Cordillera Occidental-Valle del Cauca en respuesta a un gradiente altitudinal*. Universidad Nacional de Colombia. <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/84089>
- Rodríguez Delgado, I., Pérez Iglesias, H. I., García Batista, R. M., & Quezada Mosquera, A. J. (2020). Efecto del manejo agrícola en propiedades físicas y químicas del suelo en diferentes agroecosistemas. *Revista Universidad y Sociedad*, 12(5), 389–398.
- Růžek, L., Voříšek, K., Strnadova, S., Nováková, M., & Barabasz, W. (2004). Microbial characteristics, carbon and nitrogen content in cambisols and luvisols. *Plant, Soil and Environment*, 50(5), 196–204.
- Sainz Rozas, H. R., Echeverría, H. E., & Angelini, H. P. (2011). Niveles de carbono orgánico y pH en suelos agrícolas de las regiones pampeana y extrapampeana argentina. *Ciencia Del Suelo*, 29(1), 29–37.
- Salvagiotti, F., Krüger, H. R., & Studdert, G. (2017). *Ensayos de larga duración en Argentina: un aporte al logro de sistemas agrícolas sustentables*. Ediciones INTA.
- SAMLA. (2004). *Recopilación de técnicas de laboratorio. Sistema de Apoyo Metodológico a Laboratorios de Análisis de Suelos, Aguas, Vegetales y Enmiendas Orgánicas*.
<https://samla.magyp.gob.ar/Cuenta/IniciarSesion?ReturnUrl=%2f>
- Santellanez Arreola, K. (2022). Efecto de los métodos de labranza sobre la composición y metabolismo de la microbiota y las propiedades fisicoquímicas del suelo en el altiplano potosino. *Tesis Doctoral. Universidad Autónoma Chapingo*.

- Schmidt, E. S. (2015). *Modificaciones estructurales y funcionales de epipedones mólicos en suelos de la región pampeana semiárida bajo siembra directa continúa.*
- Schmidt, E. S., & AMIOTTI, N. (2015). Propiedades edáficas superficiales en sistemas de agricultura de conservación en la región pampeana semiárida sur. *Ciencia Del Suelo*, 33(1), 0.
- Seklemova, E., Pavlova, A., & Kovacheva, K. (2001). Biostimulation-based bioremediation of diesel fuel: field demonstration. *Biodegradation*, 12(5), 311–316.
- Shannon, C. E., Weaver, W., Machado, T. B., Montes, S., & Pérez-Amat, R. (1981). *Teoría matemática de la comunicación.* Forja.
- Sharma-Poudyal, D., Schlatter, D., Yin, C., Hulbert, S., & Paulitz, T. (2017). Long-term no-till: A major driver of fungal communities in dryland wheat cropping systems. *PLOS ONE*, 12(9), e0184611. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184611>
- Silvestro, L. B., Merlos, C. S., Pacheco, W. G., Biganzoli, F., Forján, H. J., Manso, L., Pelizza, S. A., & Moreno, M. V. (2014). *Comunidades fúngicas del suelo: impacto en la sustentabilidad de los cultivos extensivos en regiones templadas.*
- Simpson, E. H. (1949). Measurement of diversity. *Nature*, 163(4148), 688.
- Sinclair, L., Osman, O. A., Bertilsson, S., & Eiler, A. (2015). Microbial Community Composition and Diversity via 16S rRNA Gene Amplicons: Evaluating the Illumina Platform. *PLOS ONE*, 10(2), e0116955. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116955>
- Six, J., Elliott, E. T., & Paustian, K. (2000). Soil macroaggregate turnover and microaggregate formation: a mechanism for C sequestration under no-tillage agriculture. *Soil Biology and Biochemistry*, 32(14), 2099–2103.
- Six, J., Elliott, E. T., Paustian, K., & Doran, J. W. (1998). Aggregation and Soil Organic Matter Accumulation in Cultivated and Native Grassland Soils. *Soil Science Society of America Journal*, 62(5), 1367–1377. <https://doi.org/https://doi.org/10.2136/sssaj1998.03615995006200050032x>
- Srour, A. Y., Ammar, H. A., Subedi, A., Pimentel, M., Cook, R. L., Bond, J., & Fakhoury, A. M. (2020). Microbial communities associated with long-term tillage and fertility treatments in a corn-soybean cropping system. *Frontiers in Microbiology*, 11, 1363.
- Staff, S. S. (2006). *Claves para la Taxonomía de Suelos.* Departamento de Agricultura de los Estados Unidos. Servicio de Conservación
- Studdert, G. A., Domínguez, G. F., Agostini, M. A., & Monterubbianesi, M. G. (2010). Cropping systems to manage Southeastern Pampas Mollisol health. I. organic C and mineralizable N. *New Advances in Research and Management of World Mollisols, Proceedings of the International Symposium on Soil Quality and Management of World Mollisols*, 199–200.
- Studdert, G. A., & Echeverria, H. E. (2000). Crop rotations and nitrogen fertilization to manage soil organic carbon dynamics. *Soil Science Society of America Journal*, 64(4), 1496–1503.

- Sumner, M. E., & Miller, W. P. (1996). Cation exchange capacity and exchange coefficients. *Methods of Soil Analysis: Part 3 Chemical Methods*, 5, 1201–1229.
- Sundram, S., Seman, I. A., Roslan, N. D., Lee Angel, L. P., Mohamed Azni, I. N. A., & Sirajuddin, S. A. (2019). Ganoderma: progresos en investigación, manejo y retos a futuro. *Federación Nacional de Cultivadores de Palma de Aceite*, 57–69.
- Taboada, M. A., Micucci, F. G., Cosentino, D. J., & Lavado, R. S. (1998). Comparison of compaction induced by conventional and zero tillage in two soils of the Rolling Pampa of Argentina. *Soil and Tillage Research*, 49(1–2), 57–63.
- Taylor, H. M., & Burnett, E. (1964). Influence of Soil Strength on the Root-Growth Habits of Plants. *Soil Science*, 98(3), 174–180.
- Torres Rodríguez, D. (2003). El papel de los microorganismos en la biodegradación de compuestos tóxicos. *Ecosistemas*, XII(2), 1–5. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=54012219>
- Trasar-Cepeda, C., Leirós, M. C., Seoane, S., & Gil-Sotres, F. (2008). Biochemical properties of soils under crop rotation. *Applied Soil Ecology*, 39(2), 133–143.
- Trivedi, P., Delgado-Baquerizo, M., Anderson, I. C., & Singh, B. K. (2016). Response of Soil Properties and Microbial Communities to Agriculture: Implications for Primary Productivity and Soil Health Indicators. *Frontiers in Plant Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00990>
- Vadkertiová, R., Dudášová, H., Stratilová, E., & Balaščíková, M. (2019). Diversity of yeasts in the soil adjacent to fruit trees of the Rosaceae family. *Yeast*, 36(10), 617–631. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/yea.3430>
- Vercellino, M. (2019). Evaluación de comunidades microbianas en suelos semiáridos del Sur-Oeste Bonaerense, bajo distintos sistemas de manejo agrícola. *Tesis de Postgrado*. <http://repositoriodigital.uns.edu.ar/handle/123456789/4677>
- Vezzani, F. M., & Mielniczuk, J. (2009). Uma visão sobre qualidade do solo. *Revista Brasileira de Ciência Do Solo*, 33, 743–755.
- Villalobos Flórez, Jeimy Geraldine Niño Céspedes, & Germán Andrés. (2020). *Caracterización de Consumo de Hidrocarburos Totales de Petróleo y Fijación de Nitrógeno Atmosférico por Kribbella sp Nativa del Piedemonte Llanero*. Universidad Santo Tomás. <http://hdl.handle.net/11634/28200>
- Wander, M. M., & Bidart, M. G. (2000). Tillage practice influences on the physical protection, bioavailability and composition of particulate organic matter. *Biology and Fertility of Soils*, 32, 360–367.
- Wen, C., Wu, L., Qin, Y., Van Nostrand, J. D., Ning, D., Sun, B., Xue, K., Liu, F., Deng, Y., Liang, Y., & Zhou, J. (2017). Evaluation of the reproducibility of amplicon sequencing with Illumina MiSeq platform. *PLOS ONE*, 12(4), e0176716. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0176716>

- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, 18(1), 315–322.
- Wingeyer, A., Amado, T., Pérez-Bidegain, M., Studdert, G., Varela, C., Garcia, F., & Karlen, D. (2015). Soil Quality Impacts of Current South American Agricultural Practices. *Sustainability*, 7(2), 2213–2242. <https://doi.org/10.3390/su7022213>
- Xiao, J., Liang, T., Yang, S., & Tan, H. (2023). Can Sugarcane Yield and Health Be Altered with Fully Mechanized Management? *Agronomy*, 13(1). <https://doi.org/10.3390/agronomy13010153>
- Yuan, Z. Q., & Mohammed, C. (1999). Pathogenicity of Fungi Associated with Stem Cankers of Eucalypts in Tasmania, Australia. *Plant Disease*, 83(11), 1063–1069. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.11.1063>
- Zhou, H., He, K., Chen, J., & Zhang, X. (2022). LinDA: linear models for differential abundance analysis of microbiome compositional data. *Genome Biology*, 23(1), 1–23.
- Zibilske, L. M., & Makus, D. J. (2009). Black oat cover crop management effects on soil temperature and biological properties on a Mollisol in Texas, USA. *Geoderma*, 149(3–4), 379–385.

9. ANEXO

Anexo 1: Asignación taxonómica de los ASVs bacterianos en ambos sistemas de labranza. “VERDADERO” significa que la asignación fue la misma en SD y LC.

ASV s	Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie
f0161655f8e2da64e98b153df15e243a	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
75f2f20496ffcad6b92636879fd14eba	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
c0ccae69c661af7dc02be29996bc25d0	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
38be0000c2a798f979d5ca699b0a6f1f	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
9bc9b6fa13e9d7b084fe6dc9b49ef79	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
249055e05376b506c9e9f6a3afc5e8c0	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
f7f0e0a1f7d7a295a12818704a8b47e8	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
da9b062295f036af7d6b90cf32e8eca7	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
3c670d9aa2b1c185d874e1ceba244c40	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
a8e2a26e263de707b79b8c867ae3ee15	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
cd1af2e097d3ffbc960c67c1dc16459	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
095266fa2a568cad8c9a6d9800097e7	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
0351defb8db2c4f4f8896ea21695bd	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
c648c36e00c071ac04b758d04170138e	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
7b79c69be84fb60f4e8700440da632d1	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
dae3c4bc6bdeba1009ea22292cc3b796	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
ea16e3e356f5f5da74a1f403bced09b3	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
c82a5572c8210b30189816474e7bda72	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
cd62db3ff2242bd6beba516be10cd5e	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
9956a75e0997f3a4fa7f11954797ba1	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
319833dbeb81139e4dfa229486e4b0e2	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
b622a72ec6fa8af613f7bad29cde95a5	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
019d4b343292e48c3f95fd46ad94cbf	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
ff0b0cefe884b971eade17e8ebbd3aa3	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
6a065caf9074538086dc43fb5b2487bb	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
Se repite para los 1864 ASV s restantes..							

Anexo 2: Asignación taxonómica de los ASVs fúngicos en ambos sistemas de labranza. “VERDADERO” significa que la asignación fue la misma en SD y LC.

ASV s	Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie
36cf17a42d02dae612ca844d2aa78b91	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
d32e1e3f90c77fd0765cfee32fd0d2e	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
100aa558a97f52806a9603010d471f96	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
b28a80daa8d56776547120b751abe0be	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
8c820675cb3b45719d1f534d961b0fb5	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
79bc81bc514b4ef6129db866130c310a	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
376cc3060cc08f62b66fd4175b787639	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
a4098e5051f00fa10fe2605d3a002155	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
f7b22d3cfd7f3bb42a5aa4d756ca4094	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
ace01a17bc8765167d509ea1b2560220	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
5371cd7701f3287384b3b116077854f0	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
a63f65b0b0efb7f62727ab6a9b7342c6	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
bae1e20ad38f26336b792bc265b25573	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
d1f80577629d234b407aab7ce0038586	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
aaecel7e1aaa1ea948f91c27bb63599a	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
2a8dece4bbfcf6793ff8eeab36b65eae	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
35ac72556ad39ff7c1711c8e0fe9e245	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
01bc34e0595df51b36ebe160ed2f7d9	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
03347e23f8309ded274b88a1b5983f52	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
d24c254d1c1640387e39225c6819d389	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
1f6d24c478623334535683ead82ff50a	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
1d8c1e1d86eb52c1f2bf999caa2146ba	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
5acd8c017cb98b56ee9bfb86634a5591	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
c8660207fecal1d261f6edb7b46c57e8	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
275b827c54b21e619c05bc713edfd7ce	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO	VERDADERO
Se repite para los 740 ASV s restantes..							

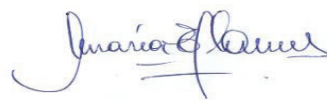
Versión definitiva de la tesis donde se incluyen las correcciones de los jurados correspondientes.

A stylized, abstract handwritten signature consisting of several overlapping, sweeping lines.

Firma autor

A handwritten signature that appears to read 'Moguel' in a cursive script.

Firma directora

A handwritten signature that appears to read 'María Flores' in a cursive script.

Firma codirectora