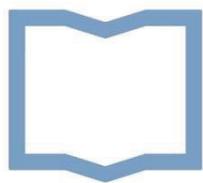


Universidad
Nacional
de San Martín

TESIS DOCTORAL

ING. VALERIA ESTHER ALVAREZ





Universidad
Nacional
de San Martín

Caracterización de la diversidad microbiana edáfica en
la interfase bosque–matriz agropecuaria bajo distintos
sistemas de uso y manejo del suelo en Patagonia
Norte. Implicancias para la toma de decisiones.

Ing. Valeria Esther Álvarez

Director de tesis: Dr. Pablo Adrián Tiftonell

Co-Directora de tesis: Dra. Verónica Andrea El Mujtar

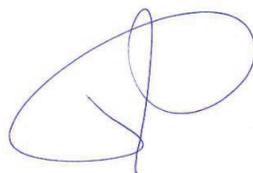
Trabajo de tesis doctoral para optar al título de Doctora en Biología
Molecular y Biotecnología

Grupo Interdisciplinario de Agroecología, Ambiente y Sistemas de Producción
Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche INTA–CONICET

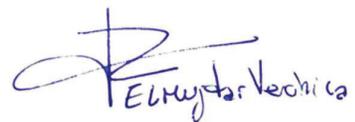
Chascomús, 2024



Ing. Valeria Álvarez
Tesisista



Dr. Pablo Titonell
Director



Dra. Verónica El Mujtar
Co-Directora

«Toda riqueza que no tiene origen en el suelo es incierta.»

Manuel Belgrano

A Martín Luciano Álvarez

12 de junio de 1942 – 25 de agosto de 2020

ÍNDICE DE CONTENIDOS

ÍNDICE DE CONTENIDOS	VI
RESUMEN	XI
ABSTRACT	XII
AGRADECIMIENTOS	XIII
ORGANIZACIÓN DE LA TESIS	XVI
1 INTRODUCCIÓN	1-2
1.1 Introducción general	1-2
1.1.1 La biodiversidad del suelo	1-2
1.1.1.1 ¿Qué es y porqué es importante?	1-2
1.1.1.2 Factores que modelan la biodiversidad del suelo	1-4
1.1.1.3 ¿Por qué poner el foco en la microbiota del suelo?	1-5
1.1.1.4 Tres dimensiones para la caracterización de la microbiota del suelo	1-7
1.1.1.5 Indicadores de salud del suelo basados en la biodiversidad	1-9
1.1.2 Relevancia de Patagonia Norte como sitio de estudio	1-10
1.1.2.1 Los Andosoles	1-10
1.1.2.2 Los bosques andino-patagónicos	1-11
1.1.2.3 La matriz agropecuaria	1-12
1.1.3 Agroecología y manejo agroecológico del suelo	1-13
1.1.4 Modelo de Estados y Transiciones	1-15
1.2 Objetivos, hipótesis y predicciones	1-19
1.2.1 Objetivo general	1-19
1.2.2 Objetivos específicos	1-19
1.2.3 Principales hipótesis y predicciones	1-19
2 MATERIALES Y MÉTODOS	2-22
2.1 Sitio de estudio	2-22
2.1.1 Comarca Andina del Paralelo 42	2-22
2.1.2 Valle de El Manso	2-24
2.2 Caracterización de los sistemas agropecuarios	2-25

2.2.1	Caracterización de la transición a la agroecología	2-25
2.2.2	Tipologías	2-28
2.3	Diseño de muestreo de suelo	2-30
2.3.1	Para evaluar el efecto de uso y manejo del suelo	2-30
2.3.2	Para evaluar la variación microambiental	2-31
2.4	Características biológicas del suelo	2-32
2.4.1	Abundancia de microorganismos	2-32
2.4.1.1	Biomasa microbiana	2-32
2.4.1.2	PCR cuantitativa	2-33
2.4.2	Actividad biológica	2-33
2.4.3	Diversidad y estructura de la comunidad microbiana	2-34
2.4.3.1	T-RFLP del gen ARNr 16S y región ITS	2-34
2.4.3.2	Secuenciación del gen ARNr 16S y análisis bioinformático	2-37
2.5	Características químicas del suelo	2-39
2.6	Espectrometría del infrarrojo cercano	2-40
2.7	Análisis estadísticos	2-41
2.7.1	Para la caracterización de la transición agroecológica	2-41
2.7.2	Para evaluar efecto de uso y manejo del suelo	2-41
2.7.3	Para evaluar la variación microambiental	2-44
2.7.4	Para la espectrometría del infrarrojo cercano	2-49
3	RESULTADOS	3-53
3.1	CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS AGROPECUARIOS DE LA COMARCA ANDINA DEL PARALELO 42	3-53
3.1.1	Caracterización de la transición agroecológica en la CAP42	3-53
3.1.2	Identificación de tipologías agroecológicas	3-56
3.1.2.1	Tipología basada en puntajes numéricos (análisis de arquetipos)	3-56
3.1.2.2	Tipología basada en puntajes categorizados (tipología de Reinert)	3-57
3.1.3	Comparación de los métodos de análisis	3-60
3.2	EFFECTO DEL USO Y MANEJO DEL SUELO EN LA MICROBIOTA EDÁFICA	3-62
3.2.1	Patrones de variación por cambio en el uso del suelo	3-62
3.2.1.1	Abundancia de microorganismos	3-62
3.2.1.2	Actividad biológica	3-63
3.2.1.3	α -diversidad	3-64

3.2.1.4	β-diversidad _____	3-66
3.2.1.5	Propiedades químicas _____	3-66
3.2.2	Impulsores químicos de los efectos del uso del suelo _____	3-68
3.2.3	Transición a la agroecología y propiedades del suelo _____	3-70
3.3	VARIACIÓN MICROAMBIENTAL DE LA MICROBIOTA EDÁFICA _____	3-72
3.3.1	Patrones de variación microambiental _____	3-72
3.3.1.1	Biomasa microbiana del suelo _____	3-72
3.3.1.2	Actividad biológica _____	3-73
3.3.1.3	α-diversidad _____	3-76
3.3.1.4	β-diversidad _____	3-78
3.3.2	Procesos que rigen el ensamblaje de la comunidad microbiana _____	3-82
3.3.3	Impulsores químicos de la variación microambiental _____	3-85
3.4	USO DE NIRS APLICADO A LAS PROPIEDADES DEL SUELO _____	3-88
3.4.1	Preprocesamiento y análisis multivariado de los espectros _____	3-88
3.4.2	Modelado de variables biológicas _____	3-89
3.4.2.1	Biomasa microbiana _____	3-89
3.4.2.2	Actividad biológica _____	3-90
3.4.3	Modelado de variables químicas _____	3-91
3.4.3.1	Materia orgánica y carbono total _____	3-91
3.4.3.2	Nitrógeno total y relación carbono:nitrógeno _____	3-92
3.4.3.3	pH y conductividad eléctrica _____	3-94
4	DISCUSIÓN _____	4-97
4.1	Sistemas agropecuarios de la Comarca Andina del Paralelo 42 _____	4-99
4.1.1	Eligiendo un método de análisis: Arquetipos vs. Reinert _____	4-102
4.2	Efecto del cambio del uso del suelo y de la variación microambiental en la microbiota edáfica _____	4-103
4.2.1	Abundancia _____	4-106
4.2.2	Actividad biológica _____	4-108
4.2.3	Diversidad genética _____	4-109
4.2.4	¿Cómo tomar muestras de suelo para estudios de la microbiota? _____	4-111
4.3	Indicadores de la salud del suelo basados en la biodiversidad _____	4-112
4.4	Agroecología y salud del suelo _____	4-113
4.5	Limitaciones del trabajo y recomendaciones a futuro _____	4-114

5 CONCLUSIONES	5-119
PUBLICACIONES Y COMUNICACIONES CIENTÍFICAS	121
Publicaciones en revistas con referato	121
Presentaciones a Congresos	122
Otras publicaciones	123
ÍNDICE DE FIGURAS	124
ÍNDICE DE TABLAS	130
ÍNDICE DE ECUACIONES	131
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	131
APÉNDICE	2
Materiales y métodos	2
Resultados	6
CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS AGROPECUARIOS DE LA COMARCA ANDINA DEL PARALELO 42	6
EFFECTO DEL USO Y MANEJO DEL SUELO EN LA MICROBIOTA EDÁFICA	10
VARIACIÓN MICROAMBIENTAL DE LA MICROBIOTA EDÁFICA	19
Discusión	30
Índice de figuras del Apéndice	32
Índice de tablas del Apéndice	34



RESUMEN & ABSTRACT



RESUMEN

Los suelos son ecosistemas complejos y dinámicos que sostienen numerosos procesos biológicos con un rol clave en la provisión de servicios ecosistémicos. La sostenibilidad de estos procesos depende de la diversidad genética y funcional de la microbiota edáfica, influenciada por tanto por factores ambientales como por las decisiones de uso y manejo del suelo. Esta tesis se centra en evaluar el impacto del uso y el manejo del suelo e identificar los factores que estructuran la microbiota del suelo y sus patrones de cambio en suelos norpatagónicos, específicamente en la interfase bosque–matriz agropecuaria. La investigación se llevó a cabo en sistemas de producción agropecuaria familiar de la Comarca Andina del Paralelo 42° (CAP42). Primero, se caracterizaron los sistemas agropecuarios de la CAP42 desde la mirada de la transición a la Agroecología. Luego, se evaluó el impacto del uso del suelo y la variación microambiental —profundidad del suelo y distancia espacial— en la microbiota edáfica, considerando tres dimensiones: abundancia, actividad biológica y diversidad genética. Finalmente, se evaluó la quimiometría del infrarrojo cercano como herramienta costo–efectiva para caracterizar las propiedades biológicas del suelo. Los resultados subrayan la importancia de enfoques multidimensionales para analizar sistemas socio-ecológicos complejos y revelan que el cambio de uso del suelo y la variación microambiental afectan significativamente a las propiedades biológicas —abundancia, actividad biológica y β -diversidad, pero no α -diversidad— y químicas del suelo —por ejemplo, materia orgánica—, validando además la espectrometría del infrarrojo cercano como una técnica eficaz y económica para predecir estas propiedades. Este estudio proporciona una referencia esencial para futuras investigaciones en Patagonia y para la definición de indicadores de monitoreo de la salud del suelo.

PALABRAS CLAVE: microbiota edáfica, bosque andino, andosoles, agroecología, uso del suelo, variación microambiental, quimiometría infrarroja, indicadores de salud del suelo.

ABSTRACT

Soils are complex and dynamic ecosystems that sustain numerous biological processes with a key role in nature's contributions to people. The sustainability of these processes depends on the genetic and functional diversity of soil microbiota, influenced both by environmental factors and soil use and management decisions. This thesis focuses on evaluating the impact of soil use and management and identifying the factors that structure soil microbiota and their patterns of change in North Patagonian soils, specifically at the forest–agricultural matrix interface. The research was conducted in family farming systems of the Andean Region of Parallel 42° (CAP42). First, the agricultural systems of CAP42 were characterized from the perspective of the transition to Agroecology. Then, the impact of soil use and microenvironmental variation —soil depth and spatial distance— on soil microbiota was evaluated, considering three dimensions: abundance, biological activity, and genetic diversity. Finally, near-infrared spectroscopy was evaluated as a cost-effective tool to characterize the biological properties of the soil. The results emphasize the importance of multidimensional approaches to analyse complex socio-ecological systems and reveal that land use change and microenvironmental variation significantly affect the biological properties —abundance, biological activity, and β -diversity, but not α -diversity— and chemical properties of the soil —such as organic matter—. Near-infrared spectroscopy was also validated as a cost-effective technique for predicting these properties. This study provides an essential reference for future research in Patagonia and for defining indicators for monitoring soil health.

KEYWORDS: soil microbiota, Andean Forest, andosols, agroecology, land use, microenvironmental variation, near-infrared spectroscopy, soil health indicators.

AGRADECIMIENTOS

Se puede decir que tengo un pequeño ritual, cada vez que una tesis se presenta frente a mis ojos –independientemente de conocer o no a la persona que la escribió– lo primero que hago es leer los agradecimientos. Descifro esos caracteres como un vistazo a lo más íntimo del viaje que significa una tesis, la síntesis perfecta de los buenos momentos representada por las personas con las que se compartió el camino. Aquí van las mías...¹

A la universidad pública, al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas y al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

A Pablo y Vero. Siempre digo que me gaste una gran cuota de mi magro *stock* de buena suerte cuando una serie de fortuitos acontecimientos me llevo a tenerles como directores. Gracias por haber estado tan presentes en estos años, por ser mis maestrxs y referentes en la ciencia y mis amigues en la vida.

A Lu y Cecita, ¿qué decirles que no sepan, si nos hemos dedicado al chisme por seis largos años? No sé qué hubiera hecho sin ustedes, fueron la sonrisa, el abrazo, la risa, la palabra y la dosis de locura que necesité cada día y espero que lo sigan siendo. A Fabio, quién completa este cuarteto de la oficina 11, gracias por tu amistad, los mates y el vino y, sobre todo, ¡gracias por aguantarnos! Les quiero <3

A Gime, Manu, Barbi y Luji agradezco infinitamente que en Bariloche se hayan encontrado nuestros caminos; gracias por ser mis amigas, por tantos momentos compartidos –y los que vendrán–, por el cobijo en cuerpo y alma que me han brindado.

A Jorgito, mi «medio hermano por parte de co-directora», gracias por las palabras justas en los momentos más difíciles, por las risas en el medio del caos y por la gran aventura que han sido todas nuestras salidas de campo (la Municipalidad de Ñorquinco apoya este comentario).

¹ El orden de aparición en los presentes agradecimientos no representa en modo alguno una organización jerárquica de cariño.

A Iván, mi brasilero con pinta de checo que habla mexicano favorito, quién diría que una clase de bio-matemática un domingo por la mañana podría resultar tan memorable; gracias por la compañía, las charlas y las risas, los consejos y los debates, por recibirme en Zürich y los paseos por Suiza.

To my «family» from the basement of *de Biotoop van Haren*. To Faru, Delip and Arif for sharing your culture with me and being interested in mine, for making me feel welcome. A Luis y Gabri, porque a pesar de los siempre grises cielos neerlandeses, mis recuerdos están llenos de colores gracias a ustedes; fueron mi hogar lejos de mi tierra. Espero que nunca nos falte una cerveza por compartir.

A Bruni y *madame* Inés, por recordarme lo maravilloso de las cosas más simples de la vida; la «tía» las quiere. A Osqui, Martín y Pablito, por hacerme sentir parte de sus familias, por brindarme su amistad.

Al GIAASP chico y al GIAASP grande –pasados y presentes–, a Eli, Andre, Sofi, Juanpi, Cami, Paula, Juanju, por ser mi lugar de pertenencia, por haber estado siempre dispuestos a darme una mano en el campo o el laboratorio, por hacer más amenos mis días. A Juanma, porque todo fue caótico, pero nunca nos faltó el pancito; sigue en la lista de pendientes el Rosario *spring*.

Al INTECH, mi *alma mater*, y su gente por acompañarme desde mis primeros pasos en la ciencia. Al IFAB y su gente, con mención especial para el grupo de becaries (larga es la lista de nombres, ustedes saben quiénes son), gracias por ser oídos en tiempos de catarsis y pragmáticos en tiempos de acción; y al equipo de la AER El Bolsón por todo su acompañamiento. A las familias productoras de El Manso, por abrirme las tranqueras de sus campos y recibirme siempre con una sonrisa y un mate.

To the RUG and all the wonderful people I met in the offices and corridors of the *Linnaeusborg*. Especially to Prof. Joana Falcão Salles for your kindness and willingness to collaborate on this thesis and for opening the doors of her lab to me, and to Dr. Xiu Jia for your kindness and indispensable assistance.

To Bangor University and all the people I shared my time with. Especially to Prof. Davey Jones and Dr. Karina Marsden, for providing me with their time and knowledge, and to CLIFF-GRADS for making it possible.

A les ADNs siempre presentes –La Sole, Ritus, Manyu, Rodri y Eze– y a les ADNcites de la nueva generación. La Sole, amiga, te has ganado el cielo aguantándonos a mi madre y a mí, pero en la Tierra serás recompensada con facturas sin TACC. A María, Mati y Carla, porque nunca perdamos la capacidad de reírnos de las mismas tres anécdotas hasta el fin de los tiempos.

A Juan Pedro y Meli –alias La Sharon–, gracias por estar siempre al pie del cañón; espero que las rutas argentinas nos encuentren con menos controles policiales, lomos de burro, campos minados, carros volcados y mates explotados.

A Andy. Porque si vos estas bien, yo estoy bien. Si vos sos feliz, yo soy feliz. Y porque aparentemente si yo estoy *morida*, vos te vas de viaje a Bariloche. Gracias por estas dos décadas de loca amistad –sí, 2 (dos) décadas–.

A María José y las Ro² –Rosario y Rocío–, hace tiempo que siento que mi paso por el conservatorio fue en otra vida, sin embargo, tenerlas a ustedes me recuerda que fue en ésta y que la música que más me gusta se hace en conjunto.

A les *Fulbrighters*, por el placer de coincidir en esta vida.

A los seres peludos de cuatro patas que me acompañaron estos últimos años. En especial a Cata, Tiqui, Teo, Maasai, Lola, Nina, Sunday, Darwin, porque su afecto incondicional ha sido mi cable a tierra en más de una ocasión.

A mi familia, la que no se elige.

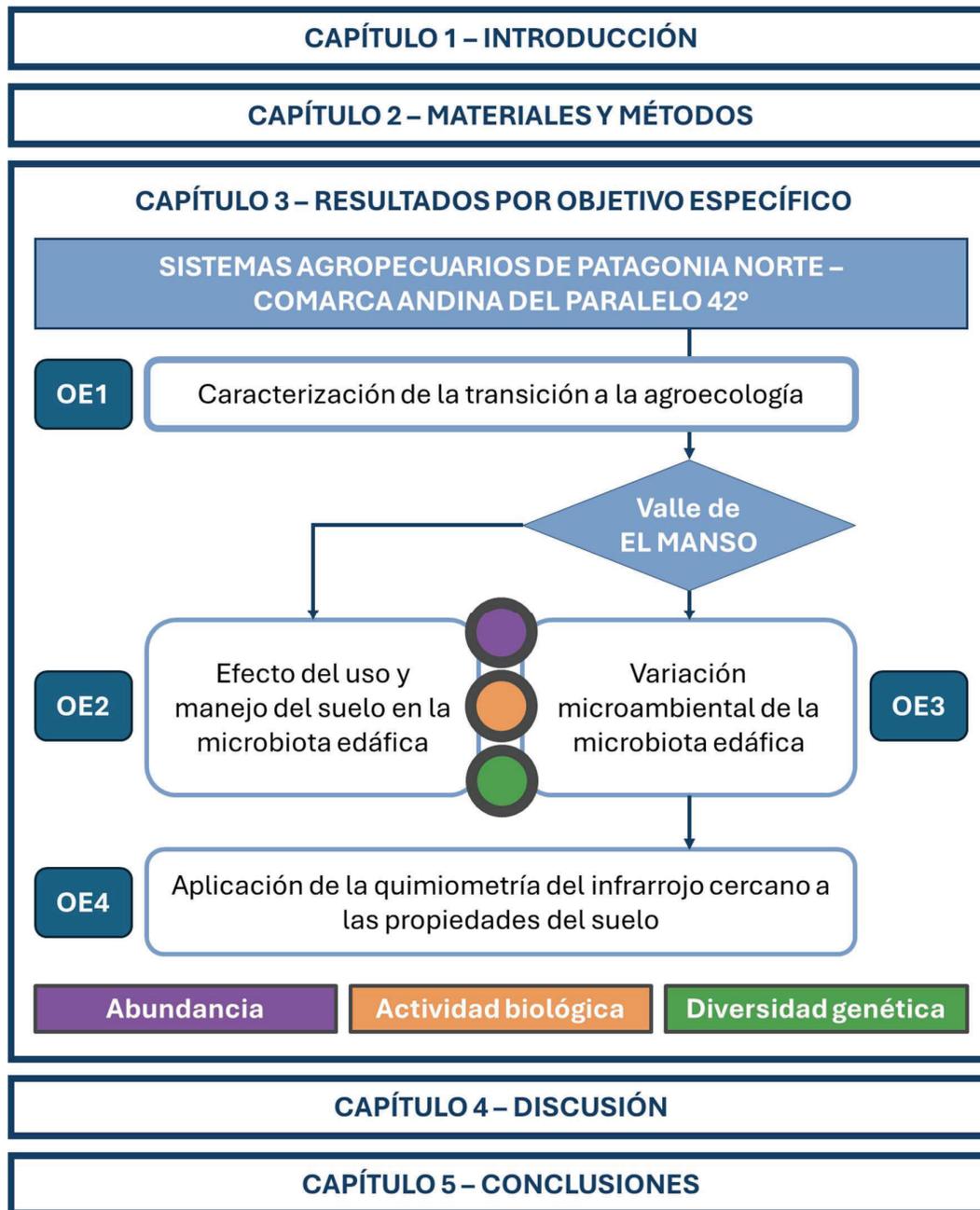
A mi familia, la que sí se elige.

A mamá, porque sin vos no sería lo que soy.

A papá. Te extraño todos los días. Espero que estes orgulloso de mi.

Muchas gracias a todes por ser parte de este viaje.

ORGANIZACIÓN DE LA TESIS



En la presente tesis doctoral se caracterizan los sistemas agropecuarios de Patagonia Norte desde la mirada agroecológica y el efecto del uso y manejo del suelo y de la variación microambiental sobre la microbiota edáfica. También se

evalúa la aplicación de la quimiometría del infrarrojo cercano para la caracterización de las propiedades del suelo. La organización general de la tesis puede visualizarse en el esquema que precede este texto. En el Apéndice se incluyen tablas y figuras que complementan lo expresado en el texto principal, en el orden de aparición e indicando las secciones a las que pertenecen (materiales y métodos, resultados o discusión).



INTRODUCCIÓN



1 INTRODUCCIÓN

1.1 Introducción general

1.1.1 La biodiversidad del suelo

1.1.1.1 ¿Qué es y por qué es importante?

Los suelos son considerados uno de los hábitats biológicamente más diversos del planeta, dado que se estima que hospedan a alrededor del 59% de las especies de seres vivos, incluyendo una vasta gama de tipos, tamaños y morfologías –desde organismos unicelulares como las bacterias o arqueas hasta insectos, plantas o pequeños vertebrados– (**Figura 1.1**) (Anthony et al., 2023). Dicha variedad de organismos vivos bajo la tierra, «desde los genes y especies hasta las comunidades que forman, así como los complejos ecológicos a los que contribuyen y a los que pertenecen, desde los microhábitats del suelo hasta los paisajes» es a lo que se llama **biodiversidad del suelo** (FAO et al., 2020). Esta miríada de organismos del suelo son partícipes indispensables en la composición y funciones de los ecosistemas, en general, y del ecosistema suelo, en particular; gobiernan los flujos biogeoquímicos globales, constituyen la base de la producción agropecuaria de alimentos y fibras e influyen directamente en la regulación atmosférica y la salud humana, entre otras funciones (Banerjee & van der Heijden, 2023; Bardgett & Van Der Putten, 2014; Crowther et al., 2019; Nielsen et al., 2015; Wall et al., 2015).

Las **funciones ecosistémicas del suelo** –es decir, los procesos naturales que ocurren en el ecosistema suelo originados por las múltiples y heterogéneas interacciones entre la biodiversidad y los componentes abióticos que lo constituyen– derivan en un conjunto de bienes y servicios de los que las personas se benefician, generalmente denominados **servicios ecosistémicos** (Costanza et al., 1997). Dichos servicios ecosistémicos se pueden agrupar en (I) servicios de aprovisionamiento: los bienes materiales (*e.g.*, producción de alimentos, agua, fibras, madera, combustibles, recursos biotecnológicos); (II) servicios de regulación: los beneficios obtenidos de la regulación de los procesos ecosistémicos (*e.g.*, la regulación de la calidad del aire, de la fertilidad de los suelos y de la hidrología, el

control de enfermedades), (III) servicios culturales: los beneficios inmateriales (*e.g.*, fuente de inspiración para las manifestaciones estéticas y las obras de ingeniería, educación, identidad cultural y bienestar espiritual); y (IV) servicios de soporte: aquellos necesarios para la producción de todos los demás servicios ecosistémicos (*e.g.*, biodiversidad, hábitat) (Millenium Ecosystem Assessment, 2005).

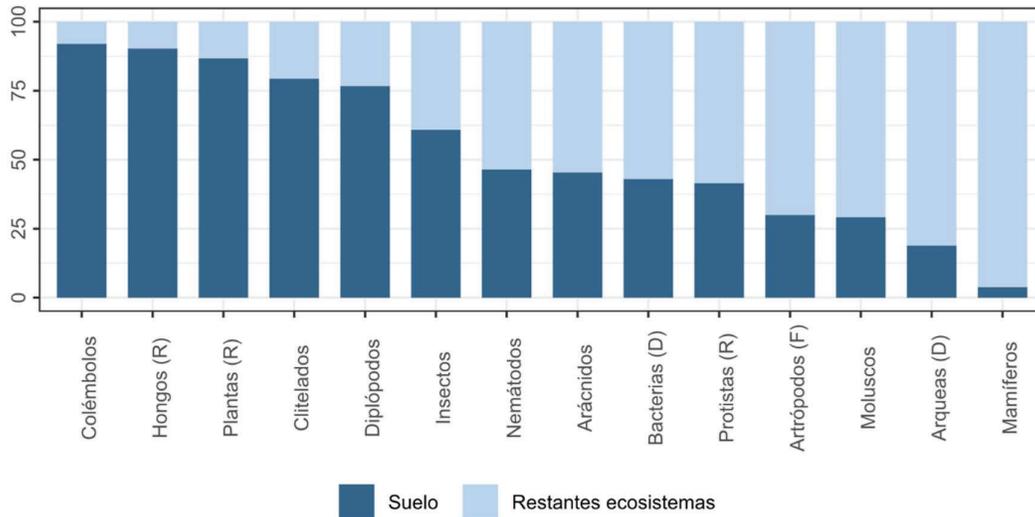


Figura 1.1. Porcentaje de especies de organismos en el suelo en contraste con los restantes ecosistemas combinados (*e.g.*, marino, agua dulce, organismos hospedadores). Clasificación taxonómica a nivel de clase, salvo indicación D: dominio, R: reino, F: filo. Adaptado de Anthony et al. (2023).

En un intento de facilitar su estudio y entendimiento, las funciones ecosistémicas y, por derivación, los servicios ecosistémicos, han sido asociados con la biodiversidad del suelo agrupada de acuerdo a su tamaño (**Figura 1.2**) (Orgiazzi et al., 2016). Al mismo tiempo, dependiendo de las principales funciones que llevan a cabo, la biodiversidad del suelo también se puede clasificar en tres grupos funcionales principales: (I) los ingenieros químicos, organismos responsables de la transformación del carbono mediante la descomposición de residuos vegetales y otras materias orgánicas y del reciclaje de nutrientes (*e.g.*, nitrógeno, fósforo, potasio y azufre); (II) los reguladores biológicos, organismos que controlan las poblaciones de otros organismos del suelo, como patógenos de plantas o insectos; y (III) los

ingenieros ecosistémicos, organismos responsables de mantener la estructura del suelo mediante la formación de redes de poros, bioestructuras y agregados, o transporte de partículas (**Figura 1.2**) (Kibblewhite et al., 2008; Lavelle et al., 1997).

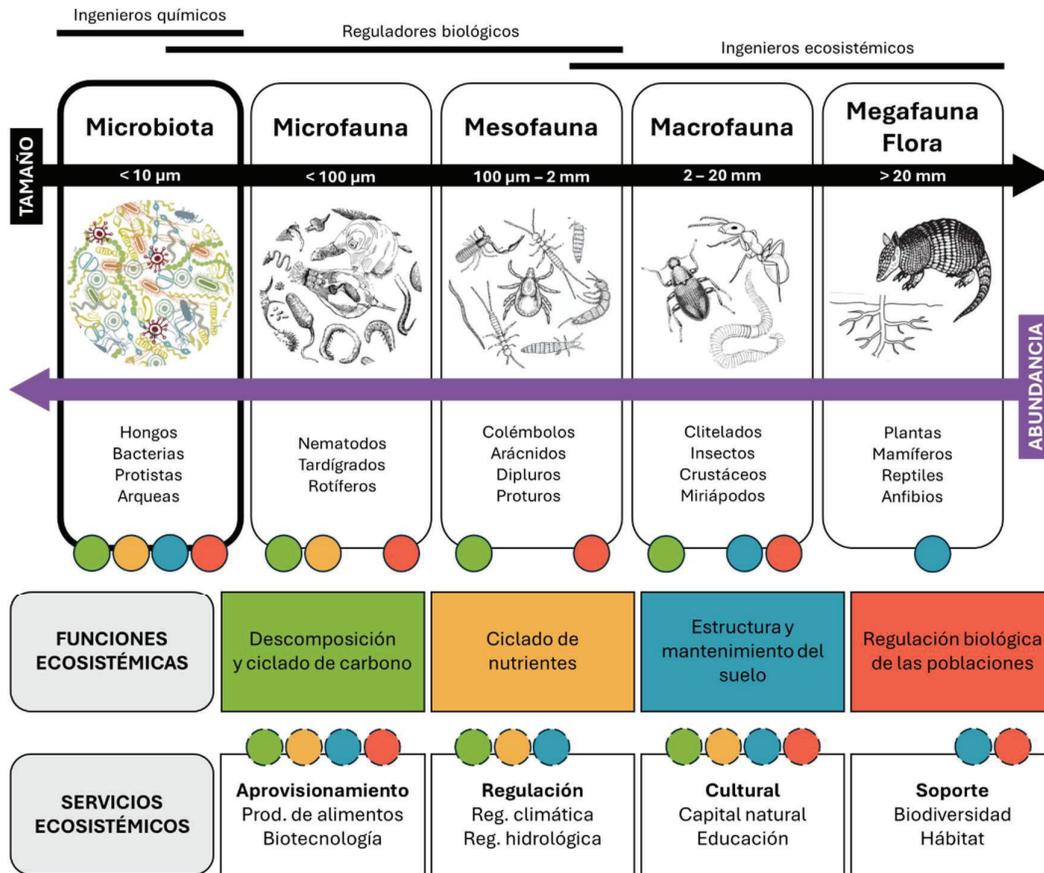


Figura 1.2. Biodiversidad del suelo clasificada por grupo funcional y tamaño (ancho del cuerpo) y su asociación a las funciones ecosistémicas (círculos coloreados de bordes continuos) y los servicios ecosistémicos derivados de las funciones (círculos coloreados de bordes discontinuos). Adaptado de Orgiazzi et al. (2016).

1.1.1.2 Factores que modelan la biodiversidad del suelo

La biodiversidad del suelo está modelada por factores tanto naturales como antropogénicos que actúan a escala global, regional o local (Orgiazzi et al., 2016; Turbé et al., 2010). Por ejemplo, entre los factores naturales, se ha informado que los patrones espaciales de la biodiversidad del suelo se explican mejor cuando se consideran las interacciones entre la cubierta vegetal, el clima y las propiedades del

suelo (Ding & Eldridge, 2022; Hedě nec et al., 2022; Labouyrie et al., 2023). Los procesos estocásticos (*i.e.*, dispersión homogeneizadora, limitación de la dispersión) y determinísticos (*i.e.*, selección homogénea y selección variable) también son factores que dan forma a las comunidades de organismos del suelo. A escala microambiental, por ejemplo, el impacto relativo de los procesos estocásticos y deterministas mostró variación según el tipo de organismos del suelo, su abundancia relativa (organismos raros *vs.* abundantes) y la profundidad del suelo o la distancia espacial (Bahram et al., 2016; Du et al., 2021; Jiménez et al., 2014; Richter-Heitmann et al., 2020; M. P. Thakur et al., 2020).

Por otro lado, entre los factores antropogénicos, se han reportado cambios en la abundancia, composición y redes trófico/génicas de la biodiversidad del suelo con el aumento de la intensificación del uso del suelo, el manejo agropecuario y el cambio climático (El Mujtar et al., 2021; Lupatini et al., 2019; Marsden et al., 2020; Romdhane et al., 2022; Singh et al., 2019; Yang et al., 2021; Zulu et al., 2022). La biodiversidad del suelo también está determinada por la variación microambiental en los ecosistemas naturales y manejados (Baldrian et al., 2010; Costantini & Mocali, 2022; Nielsen et al., 2012; Štursová et al., 2016; T. Sun et al., 2021) y los cambios en las características fisicoquímicas según la distancia espacial o la profundidad se han revelado como factores de modelado cruciales (Durrer et al., 2017; Eilers et al., 2012; Gutiérrez-López et al., 2010).

1.1.1.3 ¿Por qué poner el foco en la microbiota del suelo?

La microbiota son los organismos más abundantes del suelo y los ingenieros químicos por excelencia (**Figura 1.2**); más del 90% del flujo de energía en el ecosistema suelo está mediado por microorganismos, por lo que tienen un rol clave en la provisión de servicios ecosistémicos (Delgado-Baquerizo et al., 2016). La microbiota del suelo está formada por comunidades altamente complejas, tanto por el tipo de microorganismos que las componen –bacterias, hongos, protistas y arqueas– y sus abundancias absolutas y relativas, como en su estructura biológica (grupos y asociaciones de microorganismos) y diversidad funcional. Los procesos biológicos que ocurren en el suelo, y en los que intervienen las comunidades

microbianas, regulan los ciclos del carbono y los nutrientes (*e.g.*, nitrógeno, fósforo, potasio, azufre), son fuente y sumidero de gases de efecto invernadero, influyen en la calidad del agua, participan en la degradación e inmovilización de contaminantes y promueven el crecimiento vegetal (*e.g.*, Aislabie & Deslippe, 2013; de Vries et al., 2013; Van Der Heijden et al., 2008). Además, los microorganismos del suelo también son una fuente valiosa y diversa de recursos para la biotecnología, de productos farmacéuticos y de tratamientos médicos actuales y potenciales (*e.g.*, D'Acosta et al., 2006; Minton, 2003; B. K. Singh, 2010; Turbé et al., 2010). Por lo tanto, una disminución en la biodiversidad de la microbiota del suelo provocaría una reducción en la multifuncionalidad, resiliencia y sostenibilidad de los ecosistemas, con un impacto negativo sobre la provisión de los servicios ecosistémicos.

En particular, la microbiota del suelo es ampliamente afectada por las intervenciones antrópicas, tanto en su abundancia, como en su composición y en la estructura de sus redes tróficas y génicas (Lupatini et al., 2014; Paula et al., 2014; Romdhane et al., 2022). Estos cambios afectan la eficiencia de uso y reciclaje de nutrientes y la capacidad de adaptación de las comunidades a las variaciones climáticas (*e.g.*, De Vries et al., 2012). Se espera que intervenciones de distinto tipo y magnitud (*e.g.*, deforestación, manejo forestal, agricultura orgánica, fertilización) provoquen modificaciones de variado impacto en el suelo (Hartmann et al., 2015; Wood et al., 2017). En Patagonia, existen antecedentes de estudios del impacto antrópico sobre la biodiversidad del suelo en general (*e.g.*, Miglioranza et al., 2013; Miserendino et al., 2011; Sepúlveda & Chillo, 2017). Sin embargo, pocos trabajos se focalizan en los cambios asociados con la microbiota del suelo (*e.g.*, Fernández et al., 2015; Floriani et al., 2024; Gonzalez-Polo & Austin, 2009; Marcos & Olivera, 2016; Prack McCormick et al., 2022), en general analizan un tipo particular de impacto, y no relacionan de manera explícita la biodiversidad edáfica con los cambios en la cobertura vegetal natural, ni con sus impactos sobre la provisión de servicios ecosistémicos (Keesstra et al., 2016); a excepción de algunos reportes en los últimos años (Carron et al., 2020; Defrieri et al., 2011; Efron & Sarti, 2015; Gargaglione et al., 2017; Gonzalez-Polo et al., 2019). Sin embargo, no hay estudios que relacionen de manera explícita las dimensiones básicas de la biodiversidad (abundancia,

diversidad y función) con la variación macro y microambiental y las actividades agropecuarias, ni estudios que integren su multidimensionalidad.

1.1.1.4 Tres dimensiones para la caracterización de la microbiota del suelo

La identificación de los patrones de cambio de las comunidades edáficas asociados con el uso y manejo del suelo requiere de la caracterización de la diversidad microbiana del suelo a escala espacial. Dada la extrema complejidad de dichas comunidades (*e.g.*, abundancia, diversidad biológica y funcional) y su variación macro y microambiental la aplicación de una única metodología de caracterización no tiene amplia aceptación, ya que cada técnica tiene ventajas y limitaciones (Liu et al., 2017), aunque no hay acuerdo general sobre qué metodologías son más adecuadas para un monitoreo continuo. En consecuencia, para este trabajo de tesis doctoral se decidió emplear un abordaje metodológico integral que contemple la caracterización de la microbiota del suelo en tres dimensiones: abundancia, actividad biológica y diversidad genética (**Figura 1.3**).

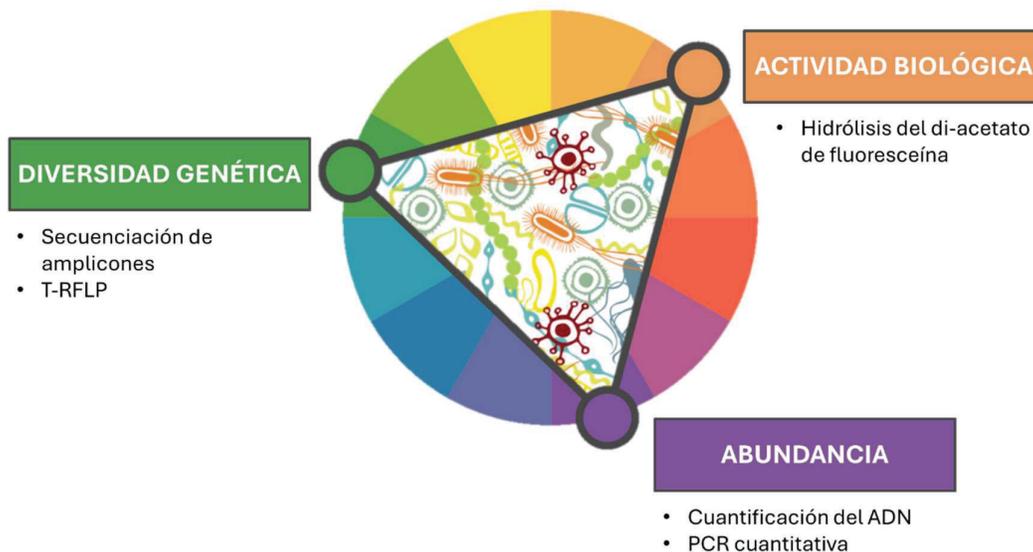


Figura 1.3. Las tres dimensiones para la caracterización de la microbiota del suelo y sus metodologías asociadas aplicadas en esta tesis.

Entre las técnicas más utilizadas para estimar la abundancia de los microorganismos en el suelo se encuentra la PCR cuantitativa. Esta metodología permite amplificar y cuantificar específicamente segmentos de ADN microbiano

(*e.g.*, gen ARNr 16S, ITS o genes funcionales) presentes en una muestra de suelo. Esta técnica ofrece una evaluación precisa de la abundancia de ciertos microorganismos y permite detectar cambios en su población en respuesta a diferentes condiciones ambientales o prácticas de manejo del suelo (Allegrini et al., 2021; L. Huang et al., 2019; Y. Yang et al., 2023). Por otro lado, la cuantificación del ADN extraído del suelo se ha validado y utilizado como una buena estimación de la biomasa microbiana en diferentes tipos de suelo (Bragato et al., 2016; Fornasier et al., 2014; Gangneux et al., 2011; Gong et al., 2021; Santoni et al., 2023; Semenov et al., 2018), esta medida de carácter general es útil en determinados contextos por su sencillez y bajo costo en comparación con los métodos tradicionales.

La hidrólisis del di-acetato de fluoresceína es uno de los parámetros frecuentemente utilizado para cuantificar la actividad microbiana (Adam & Duncan, 2001; Green et al., 2006; Schumacher et al., 2015). El uso de este indicador microbiológico ha permitido estimar la actividad general de la microbiota y cómo ésta es influenciada por las variables climáticas, las propiedades físicas y químicas del suelo, o diferentes prácticas de uso y manejo (Campbell et al., 1991; Celis et al., 2009; Conti et al., 2016; Ferreyroa et al., 2019; Medo et al., 2021). Combinada con las determinaciones de abundancia, estos parámetros son buenos indicadores de la presencia, carga y actividad de los microorganismos en el suelo, pero no brindan información sobre su diversidad.

Tecnologías como la metagenómica y la metatranscriptómica permiten caracterizar abundancia, diversidad genética y funcional, pero son aún costosas para proyectos de mediana/gran escala. La secuenciación de amplicones, aplicada al gen ARNr 16S de bacterias o de la región ITS de hongos de extracciones de ADN de suelo, permite explorar la diversidad microbiana y entender la estructura de las comunidades bacterianas en diferentes tipos de suelo, aunque más accesible que las anteriores aún resulta costosa en ciertos contextos. Mientras que otras herramientas moleculares, como T-RFLP o DGGE, focalizadas en un número restringido de genes (*e.g.*, gen ARNr 16S, ITS o genes funcionales), permiten caracterizar la diversidad biológica y funcional a un costo significativamente menor (*e.g.*, (El Mujtar et al., 2021; Gryta et al., 2020; Lynn et al., 2017; Prack McCormick et al., 2022; Zhou et al., 2017)).

1.1.1.5 Indicadores de salud del suelo basados en la biodiversidad

El término **salud del suelo** empezó a ganar popularidad hacia finales del siglo XX como un concepto holístico que considera al suelo como un sistema vivo, en lugar de solo un medio físico para el crecimiento de las plantas, y hoy en día está vinculado al concepto emergente de «**Una Salud**», en el que la salud de los seres humanos, los animales y el medio ambiente están todos interconectados (Banerjee & van der Heijden, 2023; Destoumieux-Garzón et al., 2018). Aunque representa un término en constante evolución, hoy en día existe cierto consenso en definir a la salud del suelo como «la capacidad continua del suelo para funcionar como un ecosistema vital que sustenta plantas, animales y seres humanos» (Doran et al., 1996). En particular, la diversidad y funciones de la microbiota del suelo es crucial para la salud del suelo y para el manejo sostenible de los sistemas agropecuarios (Costantini & Mocali, 2022; FAO et al., 2020; The Concept and Future Prospects of Soil Health, 2020). Por lo tanto, hay un creciente interés global en desarrollar **indicadores de salud del suelo** que permitan monitorear el impacto de estrategias de conservación y manejo que integren dichos aspectos biológicos (FAO, 2021; Guerra et al., 2021). Es así que, el desarrollo de metodologías de caracterización costo-efectivas que permitan una caracterización multidimensional de la microbiota del suelo es esencial para estudios masivos y sistemas de monitoreo a gran escala. En este contexto, la quimiometría del infrarrojo cercano aplicada a las propiedades del suelo –físicas, químicas y, especialmente, biológicas– se presenta como una alternativa prometedora (FAO, 2022).

La quimiometría del infrarrojo cercano es una técnica analítica que utiliza la espectrometría de infrarrojo cercano (NIRS, por sus siglas en inglés) para caracterizar y predecir diversas características y propiedades del suelo de manera robusta, rápida, no destructiva y a bajo costo (*e.g.*, Beć & Huck, 2019). Esta técnica se basa en la interacción entre la radiación electromagnética y los componentes químicos presentes en el suelo, lo que genera un espectro característico que puede ser analizado mediante modelos matemáticos y algoritmos de calibración. A través de la calibración y validación de los modelos, se establecen relaciones cuantitativas que permiten estimar las propiedades del suelo a partir de los espectros obtenidos

por NIRS. La aplicación de la quimiometría del infrarrojo cercano a las propiedades fisicoquímicas y biológicas del suelo es un campo en expansión (Comino et al., 2018; Soriano-Disla et al., 2014; Tiftonell et al., 2013; Zornoza et al., 2009). En particular, en lo que respecta a las propiedades biológicas del suelo ha sido empleada con buenos ajustes para estimar carbono, nitrógeno y fósforo de biomasa microbiana, respiración microbiana, actividades enzimáticas (*e.g.*, β -glucosidasa, fosfatasa, FDA) y diversidad microbiana (*e.g.*, bacterias totales, Gram(+) y Gram(-), relación hongos/bacterias) (Comino et al., 2018; Soriano-Disla et al., 2014; Zornoza et al., 2009). Esto la convierte en una herramienta valiosa para la evaluación y el monitoreo de la calidad del suelo en diversos contextos, incluyendo el monitoreo de la salud del suelo y sostenibilidad de los sistemas agropecuarios en múltiples escalas.

1.1.2 Relevancia de Patagonia Norte como sitio de estudio

1.1.2.1 *Los Andosoles*

Los andosoles (del japonés *an*, oscuro y *do*, suelo) son suelos jóvenes desarrollados a partir de materiales piroclásticos como las cenizas y vidrios volcánicos. Consecuentemente, se los encuentra principalmente en áreas de actividad volcánica reciente, como en las regiones montañosas de América Latina, Islandia, Japón, Indonesia o Nueva Zelanda, representando aproximadamente el 1% de los suelos del mundo (Takahashi & Shoji, 2002). Se distinguen por su alto contenido de materia orgánica –de lo que deriva el característico color oscuro que originó su nombre–, lo que los convierte en suelos altamente fértiles y les confiere una gran capacidad de retención de agua (Wada, 1985). Además, presentan una estructura granular suelta y una textura aparente franca a franco arenosa, lo que facilita el drenaje y la aireación del suelo (Wada, 1985). Estas características convierten a los andosoles en suelos únicos y altamente valiosos por su importancia en el sustento de una gran biodiversidad de plantas y en la producción agropecuaria.

En Patagonia Norte, los andosoles están estrechamente asociados con los bosques nativos de especies de *Nothofagus* –como el coihue, la lenga o el ñire– y ciprés de la cordillera (Diehl et al., 2003). Estos suelos proporcionan condiciones óptimas para el crecimiento de árboles y plantas nativas, principalmente debido a

su alta capacidad de retención de agua de las lluvias y nevadas invernales, lo que asegura una adecuada disponibilidad hídrica durante el verano, que es menos lluvioso (Diehl et al., 2003). Además, estos suelos son altamente productivos y se utilizan para la producción de una variedad de cultivos, como frutas, hortalizas y cereales. También son fundamentales para la ganadería, al proporcionar forraje de alta calidad para el ganado. Sin embargo, a pesar de su importancia, los andosoles de la Patagonia están poco estudiados en comparación con otros tipos de suelos y regiones del mundo. Esta falta de investigación limita nuestra comprensión de la dinámica de estos suelos y dificulta el desarrollo de prácticas agrícolas sostenibles y la conservación de estos ecosistemas frágiles.

1.1.2.2 Los bosques andino-patagónicos

Entre los ecosistemas terrestres, los ecosistemas boscosos son de especial interés ya que representan alrededor de 1/3 de la superficie terrestre –el equivalente a 4060 millones de hectáreas– y albergan la mayor parte de la biodiversidad terrestre del planeta, incluida la biodiversidad del suelo (FAO, 2020; FAO & UNEP, 2020; Orgiazzi et al., 2016). Aunque la tasa de pérdida neta de bosques disminuyó sustancialmente durante el período 1990–2020, el mundo ha perdido 178 millones de hectáreas de bosques desde 1990 (FAO, 2020). La deforestación y degradación de los bosques debido a la expansión agrícola siguen siendo los principales contribuyentes a la pérdida de biodiversidad forestal (FAO & UNEP, 2020).

Por su parte, las 6,5 millones de hectáreas de bosques andino-patagónicos distribuidos a ambos lados de la cordillera de los Andes, representan una de las últimas reservas mundiales de bosques templados con escasa intervención humana y una valiosa diversidad de flora y fauna autóctona (Marchelli et al., 2020; Paruelo et al., 1998). Además de su importancia ecológica, estos bosques son un depósito del patrimonio cultural de Argentina y Chile, con un alto valor arqueológico e histórico (Barberena et al., 2015; Borrero et al., 2019; Martínez Pastur et al., 2016; Molares & Ladio, 2012). Ofrecen una amplia gama de servicios ecosistémicos, desde la provisión de madera, leña y productos forestales no madereros –forraje, hongos y frutos comestibles, helechos ornamentales o plantas medicinales– hasta la

regulación de los flujos de carbono y agua, la generación de hábitat para la biodiversidad, la conservación de los suelos y la protección de las cuencas hídricas (Amoroso et al., 2021).

En el lado Argentino, alrededor del 34% de los bosques andino-patagónicos se encuentran actualmente protegidos dentro de los Parques Nacionales Lanín, Los Arrayanes, Nahuel Huapi, Los Alerces, Lago Puelo, Los Glaciares, Perito Moreno y Tierra del Fuego (APN, 2023). Además, la región norte de estos bosques ha sido parte de la Red Mundial de Reservas de la Biosfera de la UNESCO desde 2007, como parte del Programa «Hombre y Biósfera», con el objetivo de demostrar una relación equilibrada entre los humanos y su entorno natural (UNESCO, 2007, 2022). No obstante, los bosques andino-patagónicos no están exentos de procesos de degradación. En Patagonia Norte los factores de degradación más relevantes son los incendios forestales de origen antrópico o natural, las forestaciones con especies exóticas, el avance de la urbanización y el pastoreo por parte de animales domésticos (Amoroso et al., 2021).

1.1.2.3 La matriz agropecuaria

La ganadería fue la primera actividad de los colonos europeos que se asentaron de manera permanente en la cordillera alrededor del 1880, marcada por la utilización de incendios para transformar bosques andino-patagónicos en pastizales (Amoroso et al., 2021). Así, el fuego se convirtió en una herramienta clave para el cambio de uso del suelo, pasando de forestal a agrícola y ganadero, desplazando el bosque de áreas aptas para la agricultura y convirtiendo las zonas menos productivas en pastizales (Willis, 1914). Entre 1890 y 1920, se estima que se quemaron grandes extensiones de bosque, con aproximadamente 693 mil hectáreas de bosques andino-patagónicos afectadas (Rothkugel, 1916). Posteriormente se produjo una recuperación parcial, con áreas que fueron recolonizadas por las especies nativas (Gowda et al., 2012). Sin embargo, en los bosques más accesibles la ganadería se asentó definitivamente, primero centrada en la ganadería ovina, para luego extenderse a la ganadería bovina a partir de la segunda mitad del siglo XX y continuando hasta la actualidad (Amoroso et al., 2021; Bondel, 2008).

En los bosques andino-patagónicos de Patagonia Norte, además de la ganadería, también se ha desarrollado la agricultura, la horticultura y el cultivo de fruta fina y lúpulo. Estas actividades agrícolas han surgido como alternativas económicas en la región, aprovechando las condiciones climáticas y edafológicas particulares. La agricultura y la horticultura en esta área se han adaptado a las características del paisaje, combinando prácticas tradicionales de los pueblos originarios con técnicas modernas de cultivo (Cabrera et al., 2010; Eyssartier et al., 2011). La horticultura ha ganado terreno, con la producción de una gran variedad de vegetales que encuentran condiciones propicias en los suelos de la región, proveyendo a los mercados locales (Ocariz & Ojeda, 2018).

Por su parte, las bayas nativas –como el maqui, arrayán, chaura, calafate, entre otras– han sido utilizadas como alimento y medicina desde tiempos antiguos por los pueblos originarios y los primeros colonos (Chamorro et al., 2019). Hacia mediados del siglo XX, el cultivo de bayas tomó relevancia como actividad económica, al conjunto de bayas nativas se sumaron otras «frutas finas» comerciales como la frambuesa, la cereza, el arándano o el corinto, aprovechando las condiciones de altitud y clima frío-templado que favorecen la calidad de los productos (Aiani & Ejarque, 2019). Por otro lado, el cultivo de lúpulo ha experimentado un crecimiento significativo, impulsado por la demanda de la industria cervecera artesanal tanto a nivel nacional como internacional. Estas actividades agrícolas contribuyen a la diversificación económica de la región, aprovechando los recursos naturales de manera sostenible y generando oportunidades para los productores locales. Sin embargo, es importante abordar estas actividades con políticas y prácticas de manejo ambientalmente responsables para preservar la integridad de los ecosistemas forestales andino-patagónicos a largo plazo (Villagra et al., 2019).

1.1.3 Agroecología y manejo agroecológico del suelo

El término **agroecología** fue utilizado por primera vez en 1928 por Basil Bentsin para referirse a la «aplicación de la ecología a la agricultura» (Gliessman, 2013). Desde entonces, esta idea ha evolucionado de ser un concepto científico para convertirse en una filosofía de vida (James et al., 2023). Gracias a las prácticas

agroecológicas, numerosas comunidades rurales en todo el mundo reconocen el poder político y la importancia de sus propias prácticas agropecuarias tradicionales para mantener la sostenibilidad de sus medios de vida. Así, los diversos contextos en los que se ha utilizado este término han contribuido a forjar una definición funcional de la agroecología que la reconoce como **ciencia, práctica y movimiento** (Wezel et al., 2009).

La agroecología pretende armonizar los múltiples objetivos para los cuales son manejados los paisajes agropecuarios, implican reconfiguraciones de la estructura y funciones de los agroecosistemas y un uso intensivo de la biodiversidad a diferentes escalas para hacerlos más resilientes, socialmente equitativos y ambientalmente sostenibles (Tittonell, 2014, 2023). Rediseñar agroecosistemas e implementar cambios en las prácticas de manejo durante una transición agroecológica se espera que tenga un impacto positivo en la biodiversidad, sus funciones y los servicios ecosistémicos asociados (Tittonell, 2023). A escala de finca este manejo ecológicamente intensivo se traduce en una fuerte diversificación productiva, tanto en la combinación espacio-temporal de recursos genéticos domésticos –animales y vegetales– como de la biodiversidad asociada dentro y alrededor de las parcelas productivas (FAO, 2018b).

Estrategias efectivas de manejo del suelo dentro de la agroecología incluyen prácticas como la labranza reducida, la siembra de cubierta, la rotación de cultivos y la incorporación de materia orgánica, que promueven la proliferación y actividad de estos microorganismos benéficos del suelo (Liu et al., 2022; Moulin et al., 2023; Venter et al., 2017; Zuber & Villamil, 2016). Esto, a su vez, conduce a una mayor resiliencia del suelo, una mejor disponibilidad de nutrientes y una reducción de la dependencia de insumos sintéticos (Zhang et al., 2020). Reconocer el papel crucial de la biodiversidad microbiana del suelo en los sistemas agroecológicos subraya la importancia del manejo sostenible del suelo para la sostenibilidad agropecuaria y ambiental a largo plazo (Tahat et al., 2020).

Las decisiones de manejo del suelo a escala de finca se transforman en diversos patrones espaciotemporales a escala de paisaje, con impacto sobre las

funciones, propiedades y servicios ecosistémicos del suelo. Tales impactos son aún más críticos en zonas de interfase entre las matrices forestal (especialmente de bosque nativo) y agropecuaria, esta última en constante expansión; y se traducen en procesos de degradación de suelos y vegetación que son comunes y conocidos en Patagonia Norte, comprometiendo a la economía regional, al bienestar y al desarrollo de las poblaciones rurales (Gaitán et al., 2018). En este contexto, se espera que después de la conversión de los suelos de bosques nativos andino-patagónicos a parcelas de producción agropecuaria, la abundancia, actividad biológica y diversidad genética de las comunidades de organismos del suelo y su organización microambiental e interacciones se vean alteradas. Estos cambios tendrán un efecto significativo sobre la funcionalidad del ecosistema (Delgado-Baquerizo et al., 2020; Jiao et al., 2022; Wagg et al., 2014), destacando la necesidad de realizar monitoreos sobre la biodiversidad del suelo.

1.1.4 Modelo de Estados y Transiciones

Las intervenciones de uso y manejo, así como distintos factores de disturbio de origen natural, afectan tanto la biodiversidad de un ecosistema como su aptitud para proveer recursos y servicios. Este impacto puede incluso reducir su habilidad para regresar a su estado original o alcanzar otros estados deseados. El **Modelo de Estados y Transiciones** (MET) propone una visión dinámica de los sistemas, reconociendo «estados estables» de referencia y alternativos, fases dentro de cada estado, umbrales de cambio, y la resiliencia y resistencia del sistema, para diferentes sitios ecológicos (Bestelmeyer et al., 2009) (**Figura 1.4**).

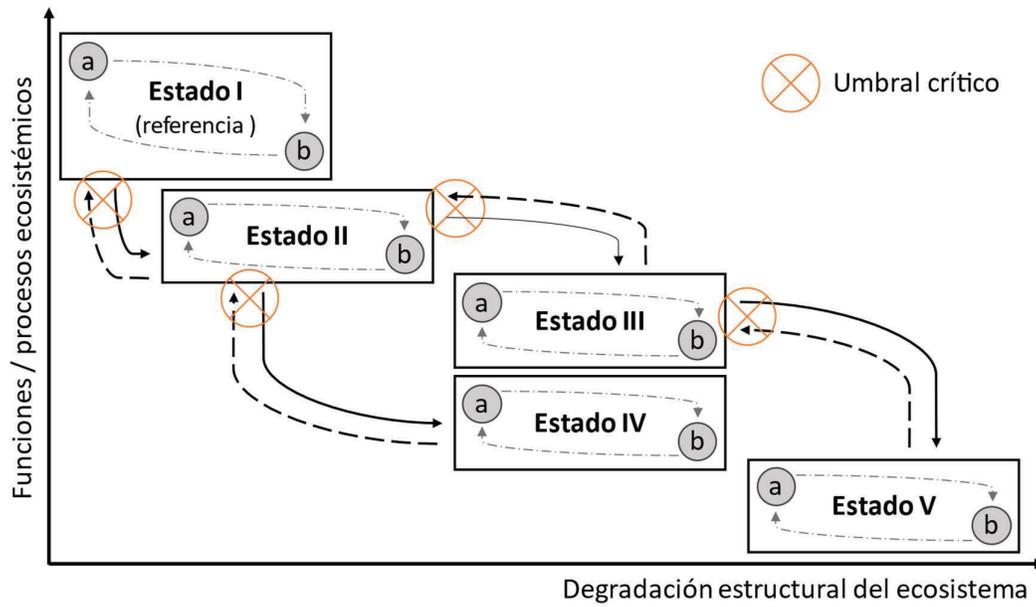


Figura 1.4. Marco conceptual del Modelo de Estados y Transiciones Estructural-Funcional para el estudio de las dinámicas de los ecosistemas. Los recuadros y números romanos representan a los diferentes estados (valores más altos indican estados más degradados), mientras que los círculos grises a y b representan diferentes fases dentro de cada estado y las flechas de línea gris punteada las transiciones entre fases. Las flechas de línea negra continua representan las transiciones negativas y las flechas de línea negra punteada las transiciones positivas (reversibilidad). Las cruces naranjas señalan los umbrales críticos. Adaptado de (Easdale & López, 2016; López et al., 2011).

La clasificación de los sitios ecológicos se basa en la idea fundamental de que las diferencias en las comunidades vegetales potenciales y su resiliencia se rigen por diferencias en las características del suelo, el entorno geomorfológico y el clima. En consecuencia, los sitios ecológicos se distinguen por diferencias significativas en la composición o producción potencial de la vegetación o en el tipo de proceso por el cual los estados de referencia cambian a estados alternativos (Bestelmeyer et al., 2009). Cada sitio ecológico puede describirse con un MET distintivo –caracterizado por las propiedades de la comunidad vegetal (composición, cobertura, función)– que contiene un *estado de referencia* y un número variable de *estados de comunidades*

vegetales alternativas. Se considera como *estado de referencia* al estado a partir del cual pueden derivarse los demás estados alternativos (y funciones asociadas), y se define como el estado que mejor refleja el potencial del suelo y el clima del sitio, representado por una comunidad potencial (prístina y/o histórica) asociada a una variabilidad natural. Se considera que las propiedades estructurales y funcionales de la comunidad de referencia son las que imparten resiliencia al estado. El modelo de estados y transiciones ha sido adaptado para su utilización en agroecosistemas como marco conceptual para la caracterización de transiciones agroecológicas y sus estados iniciales (Tittonell, 2020). En esta tesis, se avanza un paso más en la adaptación de este modelo a fin de identificar *clusters* homogéneos de suelo y unidades de paisaje que permitan separar los efectos del manejo agroecológico de los efectos de otros factores, tales como la historia de uso de la tierra, la vegetación natural, el tipo de suelo, en la biodiversidad microbiana del suelo.

Considerando este marco de conocimiento, para esta tesis se definió un MET que sitúa a los diferentes estados en un gradiente de modificaciones antrópicas del ecosistema natural, asociadas a diferencias en el uso del suelo y manejo de las unidades productivas representativas del área de estudio. El MET contempla un *estado de referencia*, conformado por bosque nativo prístino o mínimamente intervenido (BN), y un conjunto de *estados alternativos* formado por bosque intervenido (BI, *e.g.*, bosque nativo bajo manejo forestal o silvopastoril), pastizal destinado a la ganadería (PO, *e.g.*, pastoreo de ovejas), cultivo de especies perennes (CP, *e.g.*, fruta fina, entre las que se pueden nombrar frambuesas, arándanos, casis, etc.) y cultivo de especies anuales en rotación (CE, *e.g.*, hortalizas, cereales) (**Figura 1.5**). Las fases dentro de cada estado están determinadas por la identidad de las especies vegetales y la abundancia relativa de las mismas (*e.g.*, proporción Coihue-Ciprés en bosque nativo), por las especies animales que intervienen en el agroecosistema (*e.g.*, bovinos, ovinos) o por variaciones menores en el uso y manejo del sistema que no conlleven a un cambio de estado en este modelo (*e.g.*, utilización o no de abonos en los cultivos).

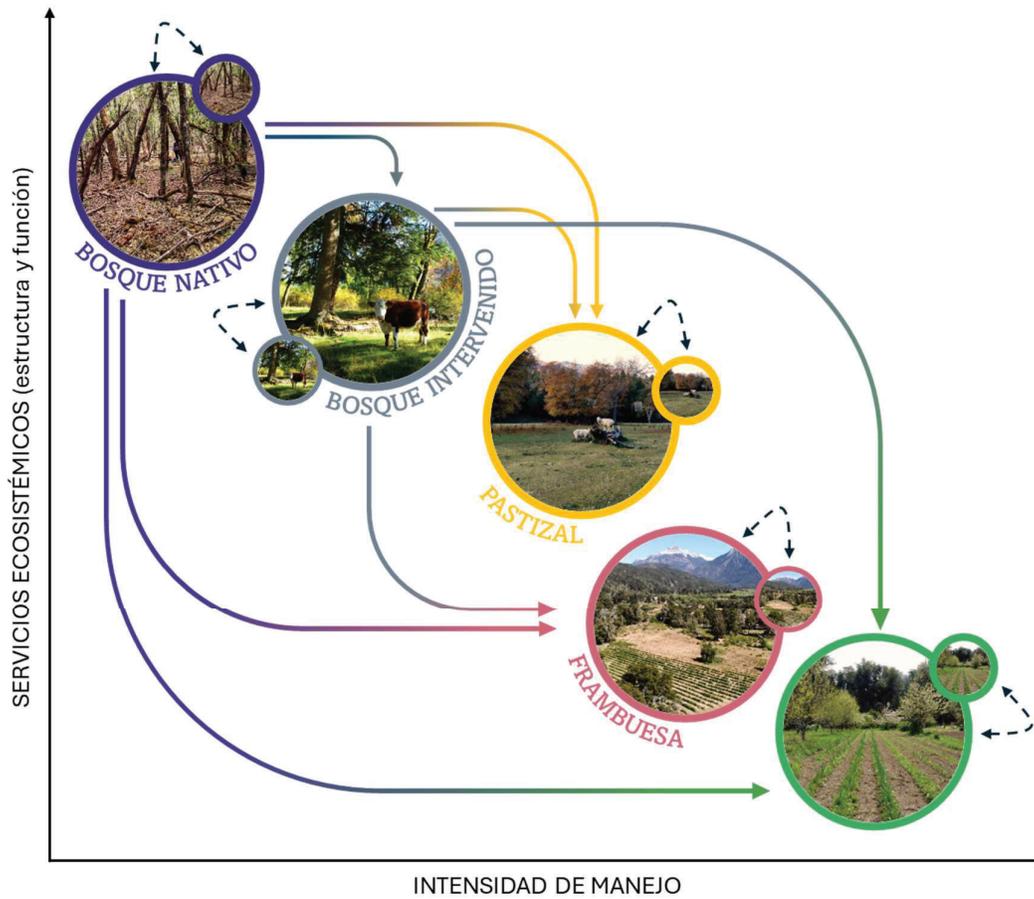


Figura 1.5. Modelo de Estados y Transiciones propuesto para el análisis de los cambios en la diversidad microbiana edáfica. Los diferentes estados bosque nativo –estado de referencia–, bosque interverido, pastizal, frambuesa –cultivo perenne– y huerta –cultivo estacional–, están representados por los círculos. Las flechas coloreadas representan las transiciones negativas entre estados. Los círculos pequeños representan las diferentes fases dentro de los estados y las flechas negras punteadas las transiciones entre fases.

1.2 Objetivos, hipótesis y predicciones

1.2.1 Objetivo general

Estudiar el impacto del uso y manejo del suelo en la diversidad de la microbiota edáfica como base para definir prácticas de manejo en equilibrio con la estructura y función de los paisajes en zonas de interfase crítica bosque-matriz agropecuaria, con su adaptabilidad al clima y sus servicios ecosistémicos.

1.2.2 Objetivos específicos

1. Caracterizar los sistemas agropecuarios de Patagonia Norte, específicamente de la Comarca Andina del Paralelo 42°, desde la perspectiva de la transición a la agroecología.
2. Caracterizar la biodiversidad microbiana de suelos de bosques nativos y de sistemas productivos agropecuarios norpatagónicos en términos de biomasa microbiana, actividad biológica y diversidad genética (α y β -diversidad) e identificar patrones de cambio asociados al uso del suelo y las actividades productivas como base para el desarrollo futuro de indicadores de salud de suelo.
3. Caracterizar la biodiversidad microbiana de suelos de bosques nativos y de sistemas productivos agropecuarios norpatagónicos y su variación microambiental, en términos de biomasa microbiana, actividad biológica y diversidad genética (α y β -diversidad).
4. Validar la implementación de la quimiometría del infrarrojo cercano como una herramienta costo-efectiva para caracterizar las propiedades biológicas del suelo.

1.2.3 Principales hipótesis y predicciones

- H1. Se encontrarán en los sistemas agropecuarios de Patagonia Norte la implementación de prácticas agroecológicas contemplando tanto aspectos socioeconómicos como ecológicos.
- P1. Los sistemas agropecuarios de Patagonia Norte –especialmente de la Comarca Andina del paralelo 42– presentarán alto grado de

transición a la agroecología, evidenciado por la incorporación de múltiples prácticas socioeconómicas y ecológicas sustentables/ agroecológicas.

- H2. La diversidad microbiana del suelo, en términos de biomasa microbiana, actividad biológica y diversidad genética, en las diferentes unidades de paisaje que componen la interfase agropecuaria-forestal es afectada por el uso y el manejo del suelo, siendo estos factores los que determinan cambios en las condiciones del ambiente edáfico.
- P2. La diversidad microbiana disminuirá con la intensidad del uso y manejo del suelo, siendo dicha disminución menos pronunciada en el bosque nativo intervenido, seguida por los pastizales, y más notable en cultivos perennes y en rotación, en comparación con el bosque nativo prístino o mínimamente perturbado..
- H3. Las comunidades microbianas del suelo presentarán estructuración microambiental: variación horizontal (autocorrelación espacial entre puntos cercanos) y vertical (profundidad del suelo), determinadas por cambios en el ambiente edáfico (*e.g.*, pH, materia orgánica).
- P3. La similitud en estructura y diversidad genética entre las comunidades microbianas disminuirá con la distancia (variación horizontal). La diversidad genética, la biomasa y actividad microbiana disminuirá con la profundidad del suelo (variación vertical).
- H4. La quimiometría del infrarrojo cercano permite una caracterización de las propiedades del suelo (incluyendo variables biológicas) sin pérdida de robustez respecto de otros métodos de laboratorio clásicos más costosos.
- P4. Los modelos basados en NIRS permitirán predecir las propiedades biológicas y químicas del suelo con menor costo, mayor sencillez y similar robustez que las metodologías tradicionales de referencia.



MATERIALES Y MÉTODOS



2 MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Sitio de estudio

2.1.1 Comarca Andina del Paralelo 42

La Comarca Andina del Paralelo 42 (CAP42) abarca aproximadamente 7550 km² en el norte de la Patagonia Argentina, al suroeste de la Provincia de Río Negro y noroeste de la provincia de Chubut, atravesada por el paralelo 42° al sur del ecuador (**Figura 2.1**). La CAP42 se configura como un sistema socio-ecológico² modelo, donde las dinámicas agropecuarias están intrínsecamente ligadas a la interacción entre los componentes humanos y naturales (Aiani & Ejarque, 2019; Madariaga & López, 2020). Esta región ha sido pionera en la implementación de sistemas agroecológicos, que tuvieron inicio con comunidades neorrurales conocidas como «hippies» que arribaron en la década de 1960. Los agroecosistemas³ presentes en la CAP42, que varían desde formas orgánicas hasta convencionales o tradicionales, representan una amalgama de conocimientos locales, principalmente de pequeños productores ganaderos nativos o de los primeros inmigrantes europeos dedicados a la fruticultura, horticultura y cultivo de lúpulo para el mercado nacional (Tjørring, 2013). Estos conocimientos se combinan

² Un sistema socio-ecológico (SES) representa una conceptualización innovadora que aborda la íntima relación entre los sistemas humanos y naturales. Estos sistemas son entendidos como entidades complejas y adaptativas, donde las interacciones entre componentes sociales y ecológicos generan patrones emergentes y de retroalimentación. Los SES se caracterizan por su capacidad para adaptarse y evolucionar frente a cambios, manifestando una dinámica de gestión adaptativa y gobernanza que involucra a múltiples actores y niveles de organización (Biggs et al., 2021).

³ Un agroecosistema es un sistema ecológico específico que surge de la interacción entre las actividades agropecuarias humanas y el entorno natural en el que se llevan a cabo (Swift et al., 1996). Consiste en un conjunto de elementos bióticos –como plantas, animales y microorganismos– y abióticos –como suelo, agua y clima– que interactúan entre sí dentro del contexto de la agricultura. Los agroecosistemas pueden variar ampliamente en tamaño y complejidad, desde pequeñas parcelas de cultivo hasta grandes áreas de producción agropecuaria. La gestión de un agroecosistema puede influir en la salud del suelo, la biodiversidad, la calidad del agua y otros aspectos ambientales, así como en la productividad agropecuaria y el bienestar humano.

con las ideas más modernas provenientes de diversas fuentes internacionales sobre «agricultura ecológica», aportadas por los nuevos habitantes procedentes de todo el mundo. El resultado es un paisaje agropecuario diverso y complejo –en términos de tipos de producción, escala y actores– entrelazado con bosques y vegetación nativa (Ochoa et al., 2019).

Adicionalmente, la CAP42 se encuentra dentro de la Reserva de Biósfera Andino Norpatagónica designada por la UNESCO en 2007 (UNESCO, 2007). Esta extensa reserva, con una superficie de 22670 km², abarca una amplia diversidad de ecosistemas, que van desde la Cordillera de los Andes con sus húmedos bosques hasta la semiárida estepa patagónica. A nivel mundial, las reservas de biósfera en el marco del Programa Hombre y Biósfera de la UNESCO son sitios destinados a probar enfoques interdisciplinarios para comprender y gestionar los cambios e interacciones entre los sistemas sociales y ecológicos. Esto incluye el diseño y estudio de sistemas agropecuarios sostenibles, consolidándose como espacios fundamentales para establecer bases científicas que promuevan una relación armoniosa entre las personas, el desarrollo socioeconómico y la preservación del entorno natural (UNESCO, 2022).

El territorio de la CAP42 presenta altitudes que van desde los 2400 msnm en las cumbres hasta los 300 msnm en los fondos de valle (IGN, 2024). Este relieve montañoso determina una gran variabilidad climática, con un marcado gradiente de precipitaciones que disminuye de oeste a este, generando medias anuales de 1000 mm en el límite con Chile y de 400 mm en la localidad de Ñorquinco (a 70 km al este), con un 75% de estas precipitaciones ocurriendo durante el semestre más frío (Viale et al., 2019). La temperatura media anual es de 9,8°C, siendo enero el mes más cálido (16,2°C) y julio el más frío (3,6°C) (SMN, 2024). Los valles, laderas y cumbres (hasta los 1500 msnm) están cubiertos por asociaciones boscosas, donde dominan las especies arbóreas del género *Nothofagus* –coihue (*Nothofagus dombeyi*), ñire (*Nothofagus antarctica*) y lenga (*Nothofagus pumilio*)– y ciprés de la cordillera (*Austrocedrus chilensis*). Los suelos de la CAP42 son de tipo Andosol (Taxonomía de suelos de la FAO) (Panigatti, 2010), de textura aparente principalmente franco arenosa a franco limosa (en promedio 11% arcilla, 42% limo, 47% arena) (**Figura**

A1) (Trinco et al., 2024) y caracterizados por una alta permeabilidad, buen drenaje, alta capacidad de retención de agua y abundante contenido de materia orgánica (IICA, 2013).

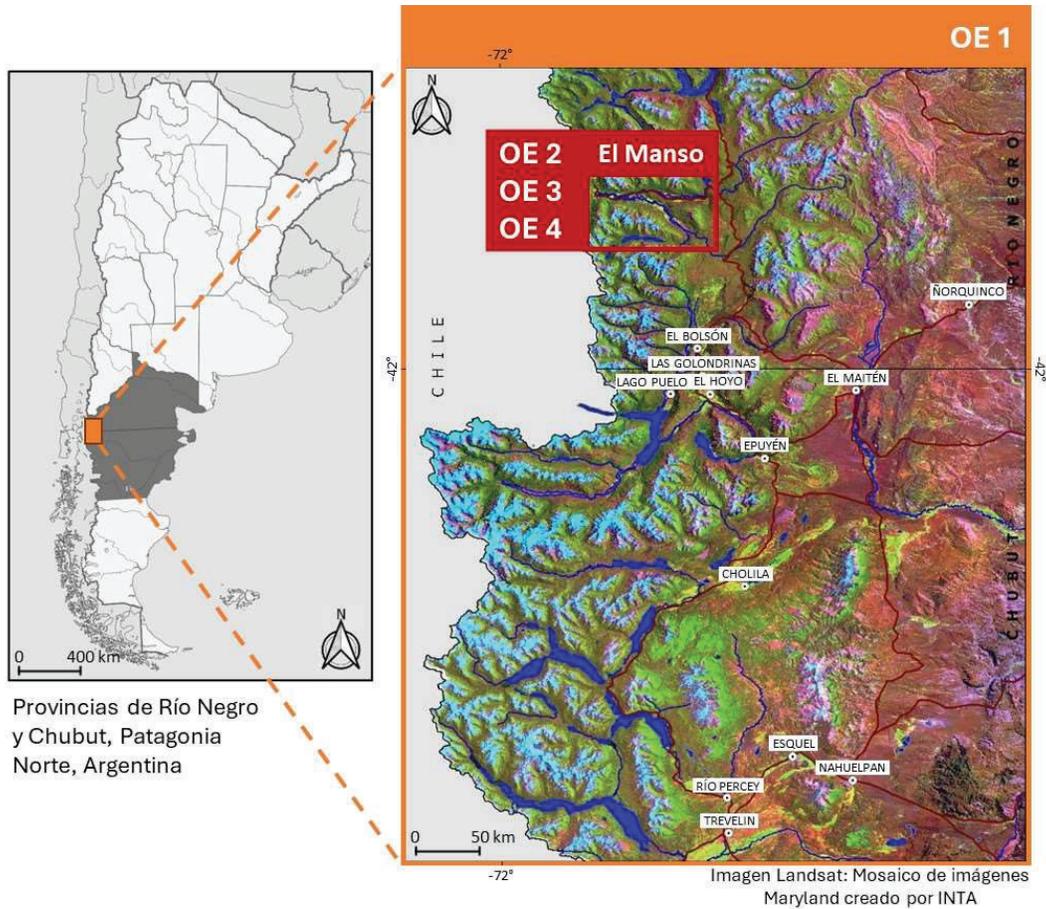


Figura 2.1. Ubicación geográfica de la Comarca Andina del Paralelo 42° –sitio de estudio del objetivo específico 1– y el Valle de El Manso –sitio de estudio de los objetivos específicos 2, 3 y 4–, al norte de la Patagonia Argentina.

2.1.2 Valle de El Manso

El Valle de El Manso (41° 35' S, 71° 35' O) es una subregión de la CAP42 en la Provincia de Río Negro (**Figura 2.1**) y límite sur del Parque Nacional Nahuel Huapi. En esta zona, numerosos pequeños emprendimientos de la agricultura familiar altamente diversificados conducen su producción en una matriz de bosques nativos mixtos Coihue-Ciprés. La heterogeneidad paisajística actual en el área de estudio se originó a partir de la conversión del uso del suelo de los bosques nativos por los

primeros colonos agricultores a fines del siglo XIX, intensificándose desde fines del siglo XX (Cabrera et al., 2010). La producción de cultivos está principalmente relacionada con la horticultura (variedad de hortalizas de hoja y pesadas), fruta fina (distintas variedades de frambuesa, frutilla, arándano, mora, entre otras) y, en menor medida, cereales. La producción ganadera, por su parte, está principalmente orientada al ganado ovino y vacuno.

2.2 Caracterización de los sistemas agropecuarios

2.2.1 Caracterización de la transición a la agroecología

Para la caracterización de la transición a la agroecología de la CAP42, se seleccionaron 53 fincas teniendo en cuenta: I) la ubicación geográfica según cuatro zonas de características socio-ecológicas homogéneas definidas *a priori* para la CAP42, II) tipos de producción representativos de la CAP42, III) pequeños y medianos productores/as agropecuarios en transición hacia sistemas más intensivos, y IV) acompañamiento activo por parte de la Agencia de Extensión Rural El Bolsón (AER El Bolsón) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) (**Figura 2.2**).

Para evaluar el grado de transición agroecológica dentro de los sistemas agropecuarios de la CAP42 se trabajó con el Instrumento para la Evaluación del Desempeño Agroecológico (TAPE, por sus siglas en inglés). Este instrumento fue desarrollado para generar evidencia global y comparativa sobre el rendimiento multidimensional de la agroecología dentro de cualquier tipo de sistema agropecuario Mottet et al. (2020). TAPE consta de dos pasos fundamentales: el Paso 1, basado en los 10 Elementos de la Agroecología (**Figura 2.3**) (Barrios et al., 2020; FAO, 2018a) –*i.e.*, Diversidad, Resiliencia, Sinergias, Eficiencia, Reciclaje, Valores Humanos y Sociales, Culturas y Tradiciones Alimentarias, Economía Circular y Solidaria, Co-Creación e Intercambio de Conocimientos y Gobernanza Responsable–, ofrece una evaluación diagnóstica del progreso del sistema hacia la sostenibilidad. En el Paso 2, el marco evalúa cuantitativa y cualitativamente el impacto de las prácticas agroecológicas en diversas dimensiones de la sostenibilidad, incluyendo factores críticos como la salud del suelo. Los dos pasos

fundamentales se complementan con una visión general de contexto (Paso 0), seguida potencialmente por la adición de una tipología de transición (Paso 1 bis), y concluye con un análisis integral e interpretación participativa de los hallazgos (Paso 3). Este enfoque facilita una evaluación completa del desempeño de la agroecología en diversos contextos agropecuarios.

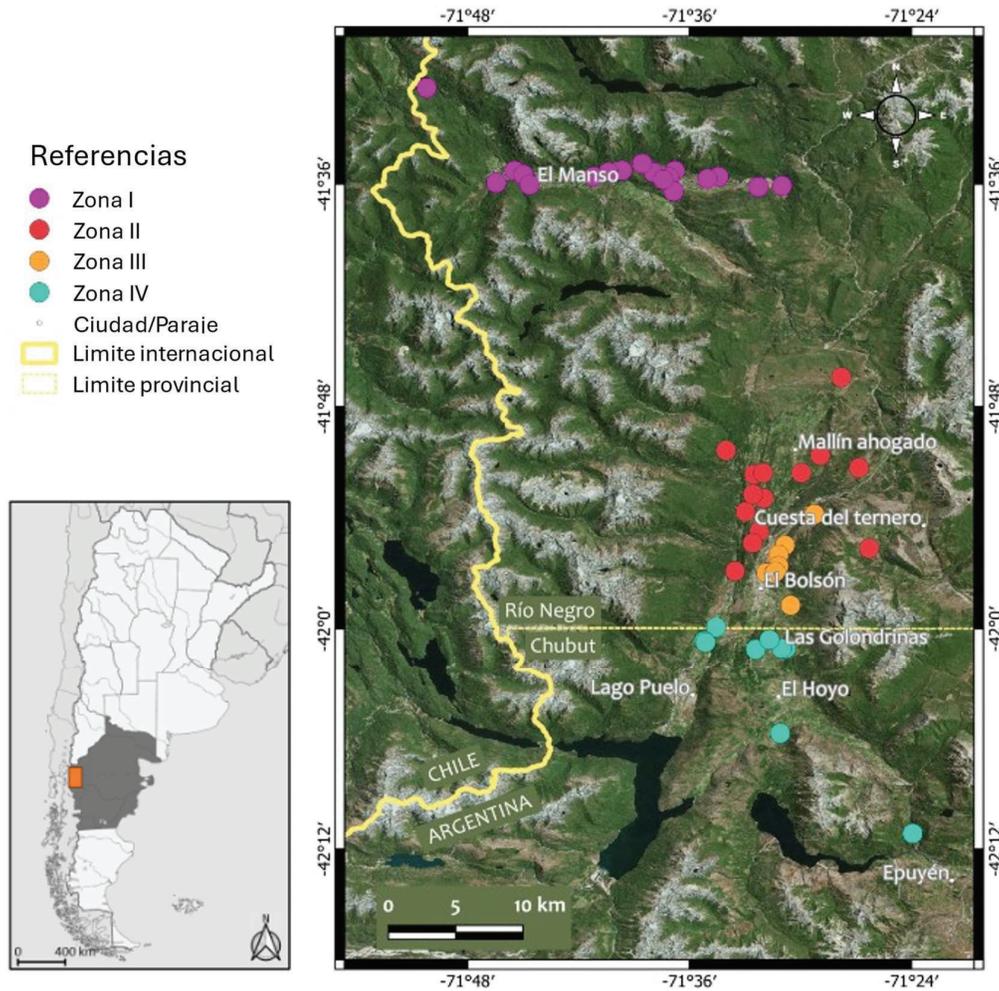


Figura 2.2. Distribución de las 53 fincas evaluadas a lo largo de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Zona I, II, III, y IV corresponden con cuatro zonas de características socio-ecológicas diferenciales.

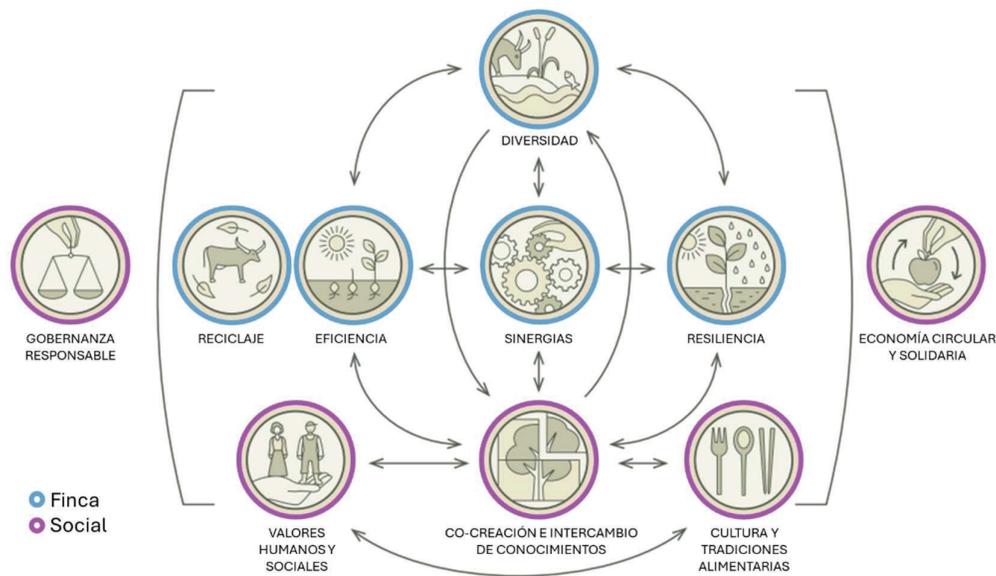


Figura 2.3. Los 10 Elementos de la Agroecología y sus interacciones (FAO, 2018a). En azul los Elementos que describen los aspectos de manejo e innovación relacionados con la finca; en violeta los Elementos relacionados a los aspectos sociales y características del entorno.

En este estudio, se realizó una encuesta basada en el Paso 1 de TAPE, denominada Caracterización de la Transición Agroecológica (CAET, por sus siglas en inglés). Los 10 Elementos considerados en el Paso 1 abarcan tanto aspectos de manejo e innovación relacionados con la finca (*i.e.*, Diversidad, Resiliencia, Sinergias, Eficiencia y Reciclaje), como aspectos sociales y características del entorno (*i.e.*, Valores Humanos y Sociales, Culturas y Tradiciones Alimentarias, Economía Circular y Solidaria, Co-Creación e Intercambio de Conocimientos, y Gobernanza Responsable) (**Figura 2.3**). Cada Elemento se evaluó a través de 3 o 4 índices basados en una escala descriptiva (Likert) que va de 0 (indicando el estado menos agroecológico) a 4 (indicando el estado agroecológico deseable), las puntuaciones de los índices por elemento se suman, estandarizan en relación con el puntaje máximo (suma de los puntajes máximos de todos los índices) y se expresan en porcentaje. Estos valores por elemento se utilizan posteriormente para el cálculo del CAET que corresponde al promedio global sobre los 10 elementos. En consecuencia, este puntaje proporciona el porcentaje de avance para cada Elemento

y un puntaje denominado CAET global, que representa el grado general de transición agroecológica dentro de la finca (Mottet et al., 2020). A su vez, el CAET global se puede fraccionar en un CAET–finca, considerando el puntaje de los Elementos de manejo e innovación, y un CAET–social teniendo en cuenta los puntajes de los Elementos restantes. La evaluación de las 53 fincas fue realizada por un único equipo de cinco integrantes (combinando investigadores y agentes de extensión locales) para evitar sesgos de percepción entre los integrantes durante la asignación valores a los índices. Además, se recopiló información contextual (Paso 0 de TAPE) basada en una matriz de ocho variables: tamaño de la finca, género y rango etario del principal tomador/a de decisiones, origen del agricultor/a, objetivo de producción, recursos económicos, tipo de producción y localización de la finca (*i.e.*, zona de la CAP42). Las definiciones de modalidad de cada variable de contexto se proporcionan en la **Tabla A1**.

2.2.2 Tipologías

Finalmente, los datos recopilados se utilizaron para la identificación de tipologías de transición a la agroecología (Paso 1 bis de TAPE). Los criterios para delinear tipologías no están definidos en el instrumento TAPE, por lo tanto, se han informado diferentes métodos, como el uso de criterios predefinidos (*e.g.*, FAO, 2019; Lucantoni et al., 2022) o métodos de clasificación (*e.g.*, Álvarez et al., 2019; El Mujtar et al., 2023). Los métodos de clasificación tienen la ventaja de tener en cuenta la disposición de los Elementos de la agroecología. Se evaluaron dos métodos de clasificación diferentes basados en puntajes numéricos o categorizados de los Elementos de la agroecología, análisis de arquetipos y clasificación jerárquica descendente, respectivamente.

El análisis de arquetipos es un método de aprendizaje no supervisado que busca puntos extremos –arquetipos– en un conjunto de observaciones multidimensionales (Cutler & Breiman, 1993; Eugster & Leisch, 2009). Los arquetipos representan configuraciones ideales o de referencia de las dimensiones y no reflejan necesariamente observaciones reales dentro del conjunto. Sin embargo, las observaciones reales pueden representarse como combinaciones de los arquetipos según su grado de similitud. En particular, las observaciones reales

con alto grado de correspondencia con un arquetipo (*e.g.*, proporción $\geq 0,8$) se denominan *arquetipoides* de dicho arquetipo. El análisis de arquetipos se ha utilizado con éxito para categorizar respuestas funcionales a nivel de hogar (Tittonell, 2020), lo que indica que podría ser adecuado para el análisis de datos de TAPE. En esta oportunidad, se utilizó el análisis de arquetipos para identificar arreglos extremos de los Elementos de la agroecología para la CAP42, representar las fincas como combinación de arquetipos y/o arquetipoides considerando el umbral de 0,8 previamente definido. El análisis de arquetipos se realizó en R (v 4.3.1) mediante la función 'stepArchetypes' (parámetros $k = 3:5$ y $nrep = 1000$) del paquete 'archetypes' (Eugster & Leisch, 2009). Entre los modelos de análisis probados, se seleccionó el modelo con cuatro arquetipos, conforme al número razonable de grupos que se pueden delinear a partir de 53 observaciones (Sharma, 2003) y debido a su capacidad para representar la diversidad observada en el territorio.

La clasificación jerárquica descendente, implementada por el método de Reinert, es un método de clasificación de datos de texto. Este método, desarrollado originalmente para clasificar segmentos de texto, también se puede utilizar para analizar matrices de variables categóricas. El objetivo del método es generar clases altamente diferenciadas de manera iterativa (Reinert, 1983). Una vez obtenida la primera partición, la clase con mayor heterogeneidad se divide nuevamente. Este método se ha utilizado anteriormente para analizar datos de TAPE, permitiendo identificar tipologías (El Mujtar et al., 2023). Se aplicó este método a una matriz de puntajes categorizados de los Elementos de la agroecología, generada aplicando a cada elemento la categorización propuesta por Lucantoni et al. (2022) para el puntaje CAET: convencional (puntaje promedio < 40), convencional con elementos de sostenibilidad (entre 40 y 50), en transición inicial (entre 50 y 60), en transición a la agroecología (entre 60 y 70), y fincas agroecológicas (> 70). La asignación de fincas a clases se evalúa en este método mediante la prueba de chi-cuadrado. El método también permite evaluar la asociación de variables de contexto (Paso 0 de TAPE, **Tabla A1**) con las clases identificadas. La clasificación jerárquica descendente se realizó en el programa Iramuteq (versión 0.7 alpha 2, <http://www.iramuteq.org/>) con la configuración predeterminada.

2.3 Diseño de muestreo de suelo

2.3.1 Para evaluar el efecto de uso y manejo del suelo

Para contemplar la heterogeneidad del paisaje y los cambios en el uso del suelo, los sitios de muestreo fueron seleccionados basándose en el modelo de estados y transiciones (MET) de la **Figura 1.5**. Se seleccionaron cinco fincas cercanas en el Valle de El Manso (< 13 km de distancia máxima) dónde se identificaron los cinco usos del suelo contemplados en el MET, incluyendo el bosque nativo de referencia (BN) y los cuatro estados alternativos: bosque intervenido (BI, bosque nativo con ganadería), pastizal (PO, pastizal destinado a la ganadería ovina), frambuesa (CP, cultivo perenne) y huerta (CE, cultivo estacional) (**Figura 2.4**). Se tomaron un total de 206 muestras de suelo de profundidad 0–10 cm de las cuales 46 corresponden a BN (10 × 4 fincas (RC, OG, BM, LL) + 6 × 1 finca (FL)), 30 a BI (10 × 3 fincas (FL, RC, OG)), 50 a PO (10 × 5 fincas (FL, RC, OG, BM, LL)), 35 a CP (10 × 3 fincas (FL, RC, OG) + 5 × 1 finca (LL)) y 45 a CE (10 × 4 fincas (FL, RC, OG, BM) + 5 × 1 finca (LL)) (**Figura 2.4**). Todas las muestras de suelo se secaron al aire, se tamizaron a través de una malla de 2 mm, se homogeneizaron y se almacenaron a temperatura ambiente para los análisis posteriores.

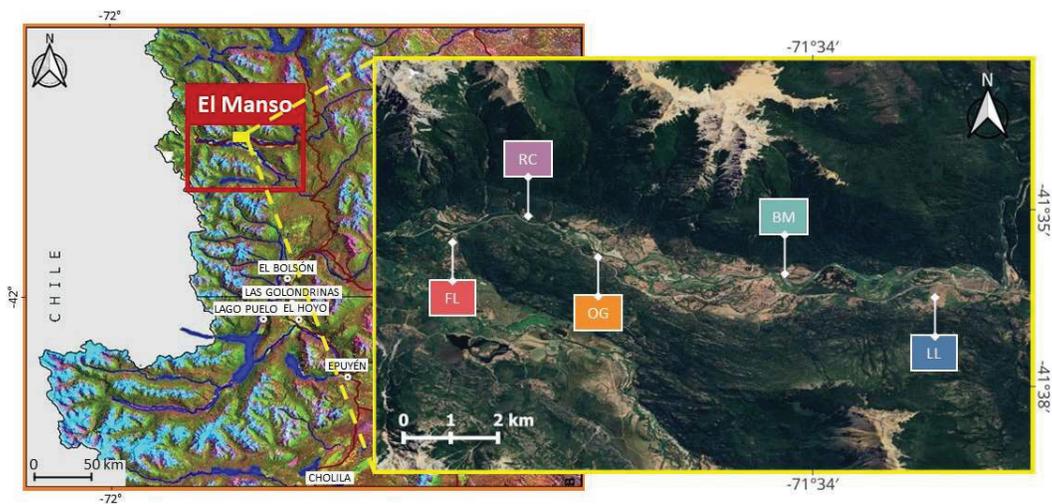


Figura 2.4. Ubicación geográfica de las cinco fincas dónde se tomaron muestras de suelo en el Valle de El Manso, Río Negro, Argentina.

2.3.2 Para evaluar la variación microambiental

Para evaluar los cambios de la biodiversidad microbiana edáfica en la escala microambiental, se seleccionaron tres de los principales usos del suelo en el área de estudio, el bosque nativo de referencia y dos usos alternativos del suelo, pastizal y huerta (**Figura 2.5a**). Los tres usos del suelo se encuentran separados por una distancia promedio de 3 km, lo que permite comparaciones entre ellos al minimizar la variación ambiental (**Figura 2.5a**), a la vez de que son representativos, en términos de características biológicas y químicas del suelo, de los sitios en el Valle de El Manso (**Figura A2**). En el caso de la horticultura, las principales hortalizas cultivadas en parcelas mixtas son *Solanum tuberosum*, *Daucus carota*, *Allium sativum*, *Allium cepa*, *Spinacia oleracea*, *Beta vulgaris*, *Lactuca sativa* y *Brassica oleracea*, y el laboreo se realiza con un motocultor a una profundidad máxima del suelo de 20 cm. El pastizal corresponde a cuadros de pastoreo de ovejas.

En cada tipo de uso del suelo, el diseño de muestreo de suelo incluyó cuatro distancias a lo largo de tres transectas: 0.1 m, 1 m, 10 m y 50 m en el bosque, 0.1 m, 1 m, 10 m y 46 m en el pastizal, y 0.1 m, 1 m, 10 m y 32 m en la huerta (**Figura 2.5b**). La variación en la distancia máxima respondió al tamaño del cuadro, que era más pequeño en la huerta. La distancia espacial máxima entre las muestras fue de 70 m (en diagonal). A su vez, se consideraron cuatro profundidades de muestreo de suelo en cada punto: 0–5, 5–10, 10–20 y 20–40 cm (**Figura 2.5b**). Este diseño de muestreo resultó en 48 ($3 \times 4 \times 4$) muestras para cada uso del suelo, dando un total de 144 muestras de suelo. El esquema de muestreo fue diseñado para generar distancias variables, lo que permite evaluar la autocorrelación espacial de las propiedades del suelo mediante análisis geoestadísticos (ver inciso 2.7), al tiempo que también es adecuado para los demás análisis. Las muestras de suelo se secaron al aire, se tamizaron a través de un tamiz de 2 mm, se homogeneizaron y se almacenaron a temperatura ambiente para análisis posteriores.

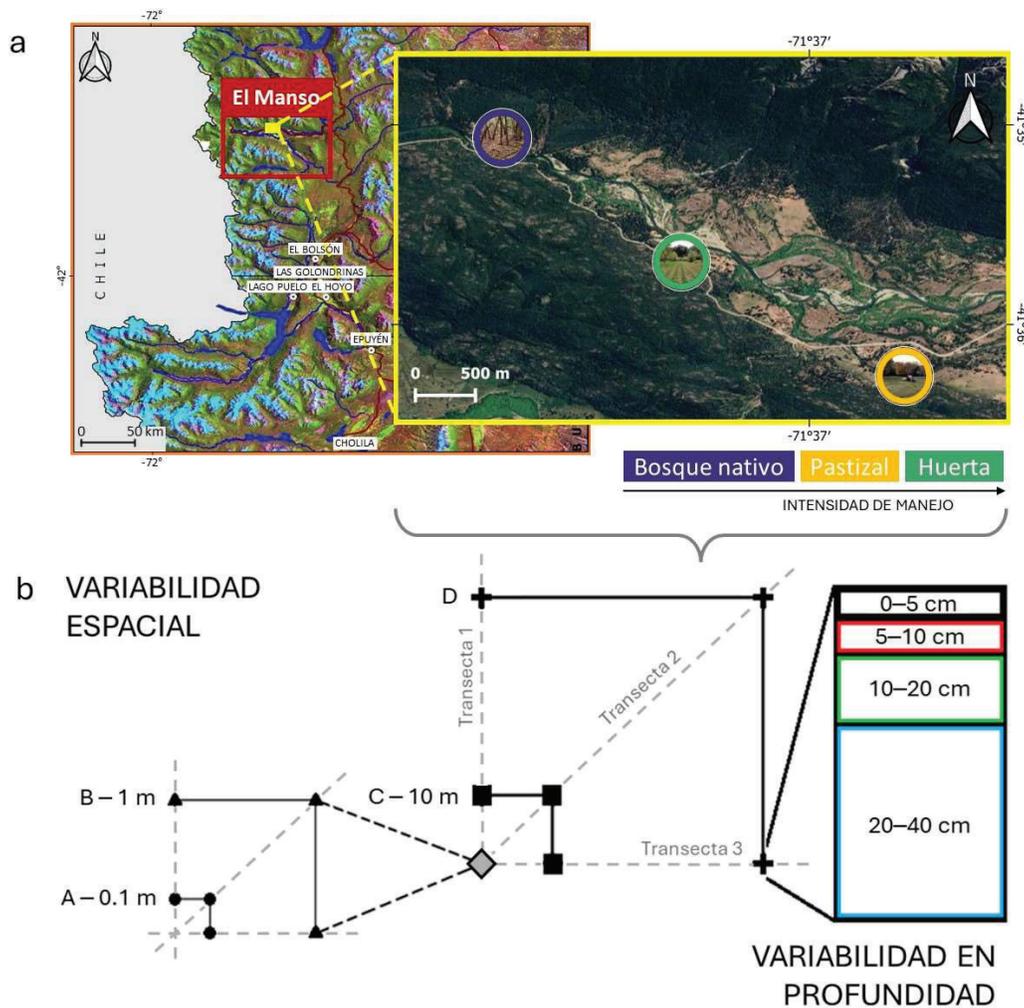


Figura 2.5. Diseño de muestreo de suelo. a) Ubicación geográfica en el Valle de El Manso de los tres sitios de muestreo, coloreados por el uso del suelo. b) Diseño de muestreo para evaluar la variación microambiental considerando la distancia espacial y la profundidad del suelo. La distancia «D» corresponde a 50 m en el bosque nativo, 46 m en el pastizal y 32 m en la huerta.

2.4 Características biológicas del suelo

2.4.1 Abundancia de microorganismos

2.4.1.1 Biomasa microbiana

La biomasa microbiana del suelo se estimó para todas las muestras (apartados 2.3.1 y 2.3.2) mediante la cuantificación de las extracciones de ADN del suelo. Las

extracciones de ADN del suelo se realizaron utilizando 0,25 g de suelo y el kit de extracción de ADN DNAeasy PowerSoil (MoBio Laboratories Inc., Carlsbad, CA, EUA) siguiendo las instrucciones del fabricante. El ADN del suelo se cuantificó para cada muestra mediante espectrofotometría a 260 nm (NanoDrop One/OneC, Isogen life science, De Meern, Utrecht, Países Bajos). La precisión en la cuantificación del ADN por espectrofotometría se validó mediante cuantificación del ADN por fluorescencia (Qubit, Invitrogen, Waltham, MA, EUA) en un subconjunto de muestras representativas, mostrando una correlación lineal significativa entre las medidas con un R de Pearson de 0,86 (**Figura A3**).

2.4.1.2 PCR cuantitativa

La abundancia de bacterias se estimó en las muestras de suelo (apartado 2.3.1) por cuantificación del número de copias del gen ARNr 16S mediante PCR cuantitativa (qPCR, por sus siglas en inglés) utilizando como molde de amplificación el ADN extraído (apartado **2.4.1.1**). La qPCR se realizó en 15 µl de volumen final conteniendo: 7,5 µl de Sso Advanced Universal mix con Sybr Green 2X (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, EUA), 0,3 µl de cada *primer* del par 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') y 518R (5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3') (Fierer et al., 2005), 1 µl de extracto de ADN de suelo (5,8 ng/µl) y 5,9 µl de agua destilada estéril. Las condiciones de amplificación fueron: desnaturalización inicial a 95°C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de 95°C durante 15 s, 53°C durante 30 s y 72°C durante 45 s (Zabaloy et al., 2015) en termociclador CFX96 Real-Time System (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, EUA). Para detectar posibles contaminaciones en la qPCR, se utilizaron controles negativos sin ADN y se incluyeron en el ciclo de fusión 65°C a 95°C. El número de copias fue calculado a partir de una curva estándar construida con diluciones seriadas (10^3 – 10^9 copias) de un plásmido con inserto clonado del gen ARNr 16S obtenido a partir de *Pseudomonas aeruginosa* (196 pb).

2.4.2 Actividad biológica

El método utilizado para determinar la actividad biológica se basó en la hidrólisis del di-acetato de fluoresceína (FDA) siguiendo el procedimiento diseñado

por Adam & Duncan (2001) con adaptación a formato de microtubo. Brevemente, se colocó una muestra de suelo de 0,1 g (seca y tamizada < 2,0 mm) en un tubo Eppendorf de 1,75 ml, junto con 750 µl de *buffer* fosfato de sodio 1 M. Los tubos se *vortexaron* y se incubaron a 4°C *overnight* (≈ 18 h), con el propósito de rehidratar completamente el suelo y reactivar a la comunidad microbiana del suelo. Posteriormente, se agregaron 10 µl de solución sustrato de FDA 1000 µg/l y se colocaron los tubos horizontalmente sin agitación en incubador Innova 40 (New Brunswick Scientific, NJ, EUA) durante 20 minutos a 30°C. Después del período de incubación, se añadieron 750 µl de una solución de cloroformo:metanol (2:1 v/v) y se agitó para detener la hidrólisis del FDA. Luego, 1 ml de la suspensión de suelo se transfirió a tubos Eppendorf limpios y se centrifugaron en centrífuga Eppendorf 5415C (Eppendorf, Hamburgo, Alemania) a 13000 rpm durante 5 minutos a temperatura ambiente. El sobrenadante se transfirió a una cubeta de cuarzo UV-Vis y la absorbancia se midió en espectrofotómetro ajustado a una longitud de onda de 490 nm. La concentración de fluoresceína formada se calculó a partir del ajuste lineal de una curva de calibración (realizada por triplicado) en el rango 0 a 6 µg/ml de fluoresceína preparados por dilución seriada a partir de una solución estándar de fluoresceína 20 µg/ml.

2.4.3 Diversidad y estructura de la comunidad microbiana

2.4.3.1 T-RFLP del gen ARNr 16S y región ITS

Las extracciones de ADN del suelo se realizaron utilizando 0,25 g de suelo y el kit de extracción de ADN DNAeasy PowerSoil (MoBio Laboratories Inc., Carlsbad, CA, EUA) siguiendo las instrucciones del fabricante. Para el caso del análisis del efecto del uso del suelo, el ADN genómico extraído de cada muestra de suelo (apartado **2.3.1**) se utilizó como molde para la amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) de la región del gen ARNr 16S de bacterias y la región ITS de hongos. Las extracciones de ADN se diluyeron para igualar sus concentraciones a la mínima concentración de ADN del conjunto (5,8 ng/µl). La PCR para la región hipervariable V4-V5 de bacterias se realizó en 25 µl de volumen final conteniendo la siguiente concentración final de cada reactivo: 1X Buffer GoTaq (incluyendo 1,5 mM de MgCl₂), 0,2 mM de dNTPs, 0,2 µM de cada

primer del par 341F (FAM*5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y 805R (HEX*5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3') (Herlemann et al., 2011), 0,08 mg/ml de BSA y 0,03 U/μl de GoTaq (Promega Corp., Madison, WI, EUA). Las condiciones de amplificación fueron: desnaturalización inicial a 95°C durante 5 min, luego 35 ciclos de 95°C durante 30 s, 55°C durante 30 s y 72°C durante 45 s, seguido de un paso final de elongación a 72°C durante 15 min. En el caso de las regiones separadoras del gen ARNr 5,8S de hongos, la PCR se realizó en 25 μl de volumen final conteniendo la siguiente concentración final de cada reactivo: 1X Buffer GoTaq (incluyendo 1,5 mM de MgCl₂), 0,5 mM de MgCl₂, 0,2 mM de dNTPs, 0,25 μM de cada *primer* del par ITS1F (FAM*5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') e ITS4R (HEX*5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') (White et al., 1990), 0,08 mg/ml de BSA y 0,03 U/μl de GoTaq (Promega Corp., Madison, WI, EUA). Las condiciones de amplificación fueron: desnaturalización inicial a 95°C durante 5 min, luego 38 ciclos de 95°C durante 30 s, 54°C durante 30 s y 72°C durante 1 min, seguido de un paso final de elongación a 72°C durante 15 min. Para ambos fragmentos se utilizaron controles negativos sin ADN para detectar contaminación en cada PCR. Las PCR se realizaron en un termociclador DLAB TC1000G (DLAB Scientific Co., Beijing, China). El éxito de la amplificación y la ausencia de contaminación en la PCR se verificó por electroforesis en gel de agarosa 2%, con revelado de ADN mediante el agente intercalante Gel Red (Biotium, Fremont, CA, EUA). Una alícuota de 15 μl de cada producto de PCR para el gen de ARNr 16S y región ITS fue digerida con la enzima de restricción HaeIII (5'-GG[^]CC-3', Promega Corp., Madison, WI, EUA) a 37°C durante 4 horas, seguida de la inactivación térmica de la enzima.

Los fragmentos de restricción terminal (TRF, por sus siglas en inglés) se separaron por electroforesis capilar (Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA), utilizando GS500 como estándar interno, en la UGB de INTA Castelar (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria de Castelar, Buenos Aires, Argentina). Los datos se analizaron con el programa Peak Scanner (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, EUA) para identificar los TRF, considerando un mínimo de intensidad de fluorescencia de 50 como umbral de detección de picos. La calibración de tamaño y la detección de picos se verificaron manualmente para cada muestra.

La abundancia relativa de TRF en el perfil, para cada una de las muestras de suelo, se calculó utilizando T-REX (Culman et al., 2009) (<http://trex.biohpc.org/>). La abundancia relativa de cada TRF se estimó como una proporción de la sumatoria de las alturas de pico de todos los TRF en el perfil (normalización), excluyéndose los TRF que contribuyeron en menos del 0.5%. La α -diversidad microbiana se estimó mediante la riqueza de la comunidad (número observado de TRF) y los índices de Shannon–Wiener y Simpson, mientras que la β -diversidad se estimó utilizando las matrices de distancia de disimilitud de Bray–Curtis para bacterias y hongos. Las estimaciones de la riqueza y los índices de Shannon–Wiener y Simpson se calcularon a partir de las tablas de abundancia relativa de TRF de bacterias y hongos utilizando la función 'estimate_richness' del paquete de R 'phyloseq' (McMurdie & Holmes, 2013). Las matrices de Bray–Curtis se calcularon a partir de las tablas de abundancia relativa de TRF de bacterias y hongos utilizando la función 'vegdist' del paquete de R 'vegan' (Oksanen et al., 2022).

El índice de Shannon–Wiener se calculó según la Ecuación (1),

$$H' = - \sum_{i=1}^S p_i \times \ln p_i \quad (1)$$

donde S indica el número total de TRF (riqueza) y p_i corresponde a la proporción del total de la muestra representada por TRF i . El signo negativo se aplica a toda la suma, haciendo que el índice sea un valor positivo. Por la forma del cálculo, este índice es más sensible a los TRF raros, siendo un valor más alto del índice de Shannon–Wiener indicativo de una mayor equitatividad en la comunidad.

El índice de Simpson se calculó según la Ecuación (2),

$$D = \sum_{i=1}^S (p_i)^2 \quad (2)$$

donde S indica el número total de TRF (riqueza) y p_i corresponde a la proporción del total de la muestra representada por TRF i . Por la forma de cálculo, este índice es más sensible a los TRF frecuentes. Los análisis posteriores se realizaron considerando la inversa del índice de Simpson (InvSimpson = 1/D), siendo un valor

más alto de InvSimpson indicativo de una menor dominancia (mayor equitatividad) en la comunidad.

La matriz de Bray–Curtis se calculó según la Ecuación (3),

$$BC = \frac{\sum |X_i - Y_i|}{\sum (X_i + Y_i)} \quad (3)$$

donde X_i e Y_i representan las abundancias relativas del i -ésimo TRF en un par de muestras. La suma se realiza sobre todas las TRF. La disimilitud de Bray–Curtis varía de 0 a 1, donde 0 indica composiciones idénticas y 1 indica composiciones completamente diferentes.

2.4.3.2 Secuenciación del gen ARNr 16S y análisis bioinformático

Las extracciones de ADN del suelo se realizaron como fue descrito previamente (apartado **2.4.3.1**). Para el caso del análisis de la variación microambiental, las extracciones de ADN genómico de cada muestra de suelo (apartado **2.3.2**) se enviaron al Centro de Genómica de la Universidad de Minnesota (UMGC, Minneapolis, MN, EUA) para la secuenciación de los amplicones. La secuenciación se realizó en la plataforma MiSeq Illumina (*paired-end* 2x300 bp) centrada en la región hipervariable V4 del gen ARNr 16S de bacterias y arqueas utilizando el par de *primers* universales 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') y 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTC TAAT-3') (Caporaso et al., 2011).

Los datos de las secuencias del gen ARNr 16S se procesaron utilizando la *pipeline* de análisis bioinformático de *Quantitative Insights Into Microbial Ecology* (QIIME2 versión 2020.8) para el conjunto de datos (**Figura 2.6**) (Bolyen et al., 2019) (<https://docs.qiime2.org/2020.8>). En un primer paso, se realizó la asignación de las secuencias a cada muestra (*demultiplexado*); posteriormente las secuencias directas (*forward*) se truncaron en 240 nucleótidos y las secuencias reversas (*reverse*) en 200 nucleótidos, se eliminaron las secuencias de baja calidad, se eliminaron las quimeras y se identificaron las secuencias representativas para inferir las variantes de secuencia de amplicones (ASV, por sus siglas en inglés) mediante la función 'denoise-paired' del complemento DADA2 con la configuración predeterminada (Callahan et al., 2016). La taxonomía de los ASV se asignó utilizando el clasificador

taxonómico Silva 138 Naive Bayes 515F/806R (Yilmaz et al., 2014). Todas las ASV asignadas a eucariotas, cloroplastos y mitocondrias y las secuencias únicas se eliminaron del conjunto de datos.

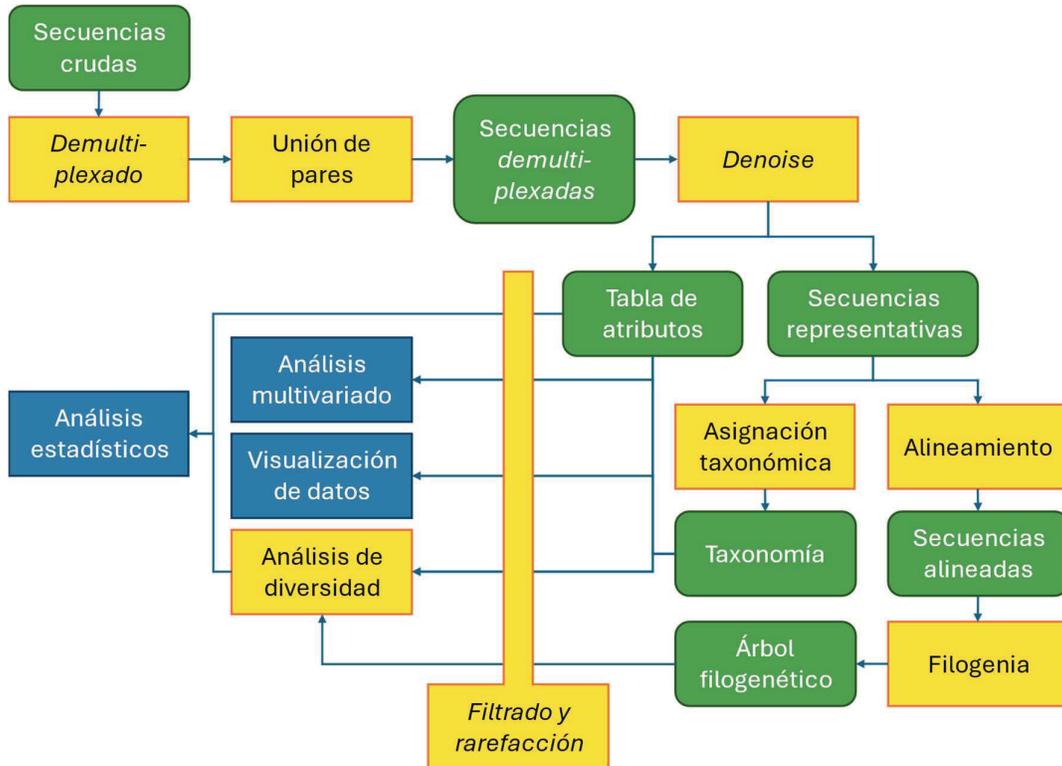


Figura 2.6. Pipeline de análisis bioinformático de QIIME2. Las cajas verdes representan datos de entrada o productos finales, las cajas amarillas representan acciones aplicadas sobre la caja verde anterior, las cajas azules análisis sobre los productos finales.

Para hacer comparables las muestras de suelo, la tabla de ASV se rarificó a una profundidad de 1200 secuencias por muestra. La α -diversidad microbiana se estimó mediante la riqueza de la comunidad (número observado de ASV) y los índices de Shannon–Wiener y Simpson, mientras que la α -diversidad filogenética se estimó utilizando el índice PD (por *phylogenetic diversity*) de Faith. Para calcular el índice PD Faith, primero se generó un árbol filogenético *de novo* alineando las secuencias de ASV utilizando MAFFT (Kato & Standley, 2013), enmascarando los alineamientos ambiguos e infiriendo un árbol utilizando el algoritmo FastTree (Price et al., 2009). Luego, se creó un árbol enraizado colocando la raíz en el punto medio de las puntas

más alejadas. Finalmente, para el cálculo del índice PD Faith se sumaron las longitudes de las ramas del árbol filogenético que representan las relaciones evolutivas entre los ASV en la comunidad. Un valor más bajo de PD Faith sugiere una baja diversidad filogenética, lo que indica especies estrechamente relacionadas o un ancestro común reciente; mientras que un valor más alto sugiere una mayor diversidad filogenética, representando especies más distantes o un rango más amplio de historia evolutiva. Las estimaciones de los índices de riqueza (número observado de ASV), Shannon–Wiener y Simpson se calcularon utilizando la función 'estimate_richness' del paquete de R 'phyloseq', mientras que el índice PD Faith se calculó utilizando QIIME2 versión 2020.8. Los índices de Shannon–Wiener y de Simpson se calcularon según la Ecuación (1) y la Ecuación (2), respectivamente.

La β -diversidad microbiana se estimó utilizando las matrices de distancia de disimilitud de Bray–Curtis y UniFrac ponderado (β -diversidad filogenética) de ASV. Para calcular la matriz de UniFrac ponderado se utilizó el árbol filogenético previamente descrito. Las matrices de Bray–Curtis y UniFrac ponderado se calcularon utilizando QIIME2. La matriz de Bray–Curtis se calculó según la Ecuación (3), mientras que la matriz de UniFrac ponderado se calculó según la Ecuación (4),

$$WU = \frac{\sum_{i=1}^N w_i \times d_i}{\sum_{i=1}^N w_i} \quad (4)$$

donde N es el número de ASV, w_i representa el peso asignado al i -ésimo ASV, correspondiente a la abundancia relativa, y d_i es la distancia filogenética asociada con el i -ésimo ASV. La disimilitud de UniFrac ponderado varía de 0 a 1, donde 0 indica composiciones idénticas y 1 indica composiciones completamente diferentes.

Los conjuntos de datos generados y analizados a lo largo de este apartado están disponibles en el *Sequence Read Archive* (SRA) del NCBI identificados por el *BioProject* ID PRJNA892123, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/892123>.

2.5 Características químicas del suelo

El pH, la conductividad eléctrica (CE) y la materia orgánica (MOS) se determinaron para todas las muestras de suelo (apartados **2.3.1** y **2.3.2**). El pH y la CE se midieron en una suspensión de suelo en agua en proporción 1:2,5 (Sparks et

al., 1996). La MOS se determinó mediante calcinación en mufla furnace (Controller B170, Nabertherm GmbH, Lilienthal, Alemania) a 550°C durante 4 horas.

Para el caso del análisis de la variación microambiental (apartado **2.3.2**), el carbono y el nitrógeno totales (CT y NT, respectivamente) se determinaron para las muestras de suelo de las tres primeras profundidades (0–5, 5–10 y 10–20 cm). Las cuantificaciones se realizaron mediante combustión (900°C) en un analizador de carbono-nitrógeno (NC Soil Analyzer Flash EA 1112, Thermo Electron Corp., Waltham, MA, EUA) (Sparks et al., 1996), en el laboratorio de Suelos del Centro Regional Universitario Bariloche–Universidad Nacional del Comahue. La relación C/N se calculó basándose en las medidas de C y N totales.

2.6 Espectrometría del infrarrojo cercano

Las muestras de suelo de bosque, pastizal y huerta del apartado 2.3.2 de variación microambiental se colocaron en viales de vidrio para su análisis por espectrometría del infrarrojo cercano (NIRS, por sus siglas en inglés). Las mediciones se llevaron a cabo por triplicado –cambiando la posición del vial en cada medición– en el rango de longitud de onda de 8000–4000 cm^{-1} (resolución 16 cm^{-1} , tiempo de barrido y escaneo 32 SCANS) para capturar la información química y estructural relevante del suelo por el método de reflectancia difusa (detector RT-PbS), en un espectrómetro de infrarrojo cercano modelo MPA FT-NIR (Bruker, Alemania). La espectrometría NIR se fundamenta en la absorción de energía por parte de los enlaces moleculares en el rango de longitudes de onda del infrarrojo cercano, especialmente los enlaces O–H, C–H, N–H, C=O y C–N, algunos de ellos muy abundantes en los grupos funcionales de las moléculas orgánicas (Pasquini, 2003). Estos enlaces pueden experimentar cambios en su longitud o en su ángulo de enlace durante la absorción de energía del NIR, lo que genera espectros característicos que pueden ser utilizados modelar propiedades físicas, químicas o biológicas de una muestra (Pasquini, 2003). Al conjunto de espectros de absorbancia obtenidos se aplicó un preprocesamiento de tipo Detrend de orden 2 para corregir la línea de base. Este tipo de preprocesamiento consiste en el ajuste sobre la media de los espectros de un polinomio de segundo orden, que luego se sustrae de los datos originales. Esto tiene el efecto de eliminar la tendencia no lineal de segundo

orden de los datos, dejando una señal más suavizada y potencialmente más fácil de analizar.

2.7 Análisis estadísticos

2.7.1 Para la caracterización de la transición agroecológica

Todos los análisis descriptos a continuación se llevaron a cabo en R (v 4.3.3) (R Core Team, 2020; RStudio Team, 2015). Para evaluar el efecto de las variables de contexto (**Tabla A1**) sobre el grado de transición agroecológica (CAET, CAET–finca y CAET–social) se realizaron Modelos Lineales, considerando cada variable como factor fijo del modelo. Los modelos fueron calculados utilizando la función 'lm' del paquete base de R incluyendo las ocho variables de contexto (*i.e.*, zona, tipo de producción, tamaño de la finca, objetivos de producción, disponibilidad de recursos económicos y género, rango etario y origen de la persona/s principal/es tomadora/s de decisiones). Luego, el mejor modelo para cada CAET (global, finca y social) fue seleccionado según el índice de Akaike utilizando la función 'step' del paquete de R 'stats' (R Core Team, 2020).

2.7.2 Para evaluar efecto de uso y manejo del suelo

Todos los análisis descriptos a continuación se llevaron a cabo en R (v 4.3.2) (R Core Team, 2020; RStudio Team, 2015). La caracterización de la diversidad microbiana del suelo en los distintos usos contempló la α -diversidad (diversidad de la comunidad dentro de la muestra) y la β -diversidad (diversidad de las comunidades entre muestras). Para analizar el efecto del uso del suelo sobre las variables biológicas y químicas del suelo (*i.e.*, biomasa microbiana, actividad biológica, índices de α -diversidad, pH, CE y MOS), se realizaron Modelos Lineales Mixtos (LMM), considerando el efecto de las distintas fincas como factores aleatorios dentro de cada tipo de uso del suelo con el propósito de eliminar el error derivado de la heterogeneidad del paisaje. El modelo se ajustó utilizando la función 'lmer' del paquete de R 'lme4' (Bates et al., 2015). Se especificó el tipo de uso del suelo como factor fijo y un término aleatorio para el efecto de la finca. Los modelos resultantes tienen entonces la siguiente ecuación (5) general,

$$Y_{LU} = \beta_{BN} + \beta_{LU} \times LU + (1|F) + \varepsilon \quad (5)$$

dónde, Y_{LU} representa el valor de la variable biológica del suelo (Y) para cada uso del suelo (LU), β_{BN} –u ordenada al origen– representa el valor esperado para la variable biológica cuando el uso del suelo es el bosque nativo de referencia (BN), β_{LU} representa los coeficientes fijos asociados a cada uso del suelo (*i.e.*, bosque intervenido (BI), pastizal (PO), frambuesa (CP) y huerta (CE), qué tendrán un valor de 1 o 0 según LU en Y_{LU} se corresponda con dicho uso del suelo o no, respectivamente), $(1|F)$ indica el efecto aleatorio del factor finca (F) y ε representa el error residual del modelo.

La significancia estadística de los coeficientes fijos del modelo se evaluó mediante pruebas de hipótesis basadas en la distribución t de Student y la de los efectos aleatorios mediante una comparación de modelos utilizando la prueba de razón de verosimilitudes (LRT, por sus siglas en inglés). Para la LRT, se calcularon los modelos sin efecto aleatorio para cada variable biológica y química del suelo y se compararon con los respectivos modelos con efecto aleatorio mediante la función 'anova' del paquete de R 'stats'. Se realizaron análisis *post hoc* para comparar las medias de las variables entre los diferentes tipos de uso del suelo utilizando el procedimiento de Tukey–Kramer mediante las funciones 'lsmeans' y 'pairs' del paquete de R 'emmeans' (Lenth, 2016).

Para visualizar la estructura de las comunidades de bacterias y hongos y su asociación con el uso del suelo se utilizó un Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS, por sus siglas en inglés). Los análisis se basaron en las matrices de distancia de Bray–Curtis previamente calculadas y se realizaron mediante la función 'metaMDS' del paquete R 'vegan'. Para examinar el efecto del uso del suelo en la estructura de las comunidades se utilizó el Análisis de Variación Permutacional Multivariado (PERMANOVA). Los análisis se basaron en las matrices de distancia de Bray–Curtis, seleccionando el uso del suelo como factor de análisis y la finca como factor de estratificación a fin de corregir el error derivado de la heterogeneidad del paisaje. Los PERMANOVA se realizaron utilizando la función 'adonis2' en el paquete R 'vegan'. A continuación, se realizó una prueba *post hoc* de comparaciones múltiples utilizando la función 'pairwise.adonis2' del paquete R 'pairwiseAdonis' (Martínez Arbizu, 2020). El análisis de homocedasticidad de la

dispersión (varianzas) multivariada se realizó con la función 'betadisper' (que implementa el procedimiento PERMDISP2) del paquete de R 'vegan'. Adicionalmente, se realizó un análisis de porcentaje de similitud (SIMPER) para evaluar los principales TRF que contribuyen en la diferenciación de las comunidades de bacterias y hongos entre los diferentes usos del suelo. El análisis se realizó utilizando la matriz de Bray–Curtis y utilizando la función 'simper' del paquete de R 'vegan'.

Finalmente, se utilizó una prueba de Mantel parcial (basada en la correlación de rangos de Spearman con 9999 permutaciones) para evaluar la correlación de la biomasa microbiana (ADN), la actividad biológica (FDA), la riqueza de bacterias y hongos y las matrices de distancia de Bray–Curtis de bacterias y hongos con la matriz de distancia de las características químicas del suelo y la distancia espacial geográfica. La prueba de Mantel parcial nos permite evaluar la correlación entre dos matrices de distancia, pero controlando el efecto de una tercera matriz de distancia. En este caso, el uso de la matriz de distancia espacial geográfica como matriz de control permite eliminar la variación debida a la heterogeneidad del paisaje entre las muestras de suelo y evaluar el efecto «puro» de la correlación entre las matrices de propiedades biológicas y químicas del suelo. Este control se realizó calculando la correlación entre los residuos de cada una de las dos principales matrices de distancia después de una regresión lineal sobre la tercera matriz de distancia. La matriz de distancia geográfica de las muestras de suelo se calculó a partir de sus coordenadas geográficas (latitud y longitud) utilizando la función 'distm' del paquete de R 'geosphere' (Hijmans et al., 2022). El análisis se realizó con la función 'mantel.partial' del paquete de R 'vegan' y se visualizó utilizando la función 'quickcor' del paquete de R 'ggcor' (Huang et al., 2019), que incluye simultáneamente la correlación de Pearson de las características químicas del suelo (*i.e.*, pH, CE y MOS).

Para evaluar la relación entre el grado de transición a la agroecología y el efecto del cambio del uso del suelo se realizó un análisis de entrelazamiento de dendrogramas de las cinco fincas evaluadas. Para ello se calculó, por un lado, un dendrograma de distancia euclidiana por el método de *Ward* basado en los índices correspondientes a los Elementos de la agroecología relevados mediante la TAPE

(apartado **2.2.1**). Luego, se calculó un segundo dendrograma basado en las propiedades químicas y biológicas del suelo (*i.e.*, biomasa microbiana, actividad biológica, riqueza e índices de Shannon y Simpson de bacterias y hongos, materia orgánica, pH y conductividad eléctrica). Para cada propiedad del suelo y para cada finca, se calculó la media de la diferencia entre el valor medio del bosque nativo de referencia y la media de los restantes estados alternativos (*i.e.*, bosque intervenido, pastizal, frambuesa y huerta). Ambos árboles se construyeron mediante las funciones 'dist' (method = "euclidean") y 'hclust' (method = "ward.D2") de los paquetes de R 'vegan' y 'ape', respectivamente; y se compararon mediante la función 'tanglegram' del paquete de R 'dendextend' (Galili, 2015). Para evaluar la robustez de los nodos del árbol filogenético se calcularon la probabilidad aproximada (indica la probabilidad aproximada de que un nodo particular sea verdadero, considerando diferentes escenarios de muestreo de datos) y la probabilidad *bootstrap* (indica la proporción de árboles replicados en el análisis de *bootstrap* que contienen el nodo en cuestión), en ambos casos valores más altos sugieren una mayor confianza en la validez del nodo.

2.7.3 Para evaluar la variación microambiental

Todos los análisis descriptos a continuación se llevaron a cabo en R (v 4.2.1) (R Core Team, 2020; RStudio Team, 2015) y se centraron en la variación microambiental dentro de cada uso del suelo. La caracterización de la diversidad microbiana del suelo contempló tanto la α -diversidad como la β -diversidad y en ambos casos los análisis se realizaron con y sin consideración de la filogenia. Para examinar el efecto de la profundidad del suelo y la distancia espacial en la biomasa microbiana e índices de α -diversidad, se aplicó la prueba no paramétrica de dos vías de Scheirer–Ray–Hare (SRH) utilizando la función 'scheirerRayHare' del paquete de R 'rcompanion' (Mangiafico, 2022; Sokal & Rohlf, 1995). Se utilizó la prueba SRH porque no se verificaron los supuestos del ANOVA (*i.e.*, distribución normal y homocedasticidad de la varianza). Para la prueba SRH, la distancia espacial se consideró una variable categórica con cuatro niveles (A, B, C y D, cada nivel incluyendo muestras de los tres puntos de muestreo ubicados en las distancias 0,1, 1, 10 y 50 m). Se realizó una prueba *post hoc* de comparaciones múltiples no

paramétrica (prueba de Dunn) utilizando la función 'dunnTest' del paquete R 'FSA' (Dunn, 1964; Ogle et al., 2022). Para examinar el efecto de la profundidad del suelo y la distancia espacial en la actividad biológica, se aplicó la prueba de ANOVA utilizando la función 'aov' seguida por la prueba *post hoc* de Tukey–Kramer para las comparaciones múltiples utilizando la función 'TukeyHSD', ambas del paquete de R 'stats'.

La variación microambiental espacial de la biomasa microbiana, actividad biológica e índices de α -diversidad se analizó, además, mediante análisis geoestadísticos basados en semivariogramas. El análisis con semivariogramas permite la evaluación de diferencias en la distancia entre pares de todas las muestras, complementando los análisis basados en clases de distancia (*i.e.*, prueba SRH). Un semivariograma representa la autocorrelación espacial de las muestras en diferentes puntos de muestreo con respecto a una variable medida. Para cada par de muestras, se calculan su distancia espacial (distancia euclidiana) y la semivarianza de la variable medida. Una vez que se ha ubicado cada par de muestras, se ajusta un modelo a través de ellas, dando forma al semivariograma empírico (**Figura 2.7**). En un semivariograma, el «nugget» es el valor de semivarianza (eje *y*) a una distancia de cero, el «sill» es el valor de semivarianza (eje *y*) en el cual el modelo se aplana (valor constante del variograma cuando las muestras no se influyen entre sí), y el «rango práctico» (límite de dependencia espacial) es el valor de distancia (eje *x*) en el que el modelo alcanza el «sill» (**Figura 2.7**). Las muestras separadas por distancias menores que el rango práctico están autocorrelacionadas espacialmente (**Figura 2.7**). Para este análisis, se ajustó un modelo esférico a los semivariogramas empíricos y luego se determinaron el *nugget*, el *sill* y el rango práctico. La autocorrelación espacial ocurre cuando las observaciones en ubicaciones cercanas son más similares entre sí de lo esperado por azar. Los semivariogramas ayudan a detectar la ocurrencia y entender las características de la autocorrelación espacial. El cálculo de los semivariogramas y el ajuste del modelo esférico se realizó utilizando las funciones 'variog' y 'variofit' del paquete de R 'geoR' (Ribeiro & Diggle, 2016).

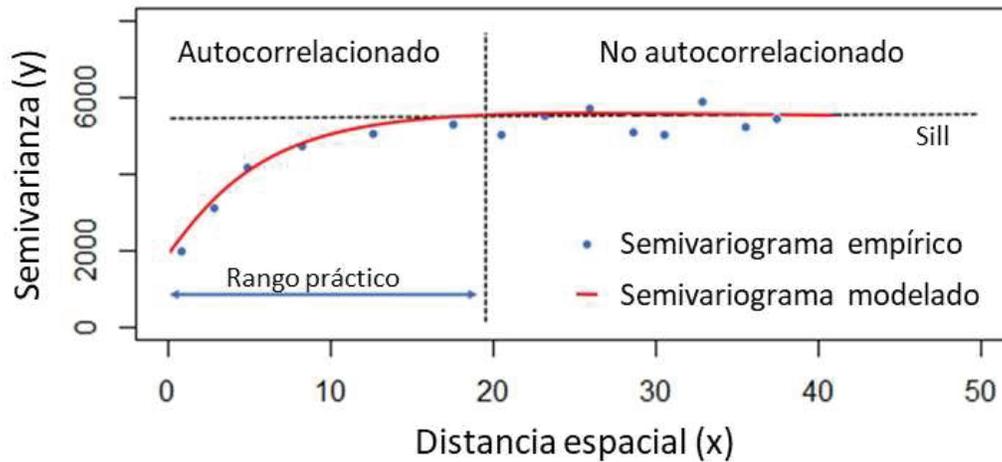


Figura 2.7. Esquema para la interpretación de un semivariograma.

Para visualizar la estructura de la comunidad microbiana y su asociación con la profundidad del suelo y la distancia espacial en cada uso del suelo se utilizó el Análisis de Coordenadas Principales (PCoA, por sus siglas en inglés). Los análisis se basaron en las matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderado previamente calculadas y se realizaron mediante la función 'pcoa' del paquete R 'ape'. Para examinar el efecto de la profundidad y la distancia espacial en la estructura de la comunidad microbiana se utilizó el Análisis de Variación Permutacional Multivariado (PERMANOVA). Los análisis se basaron en las matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderado y se realizaron utilizando la función 'adonis2' en el paquete R 'vegan' (Oksanen et al., 2022). Considerando el modelo con los factores significativos (modelo PERMANOVA más simple), se realizó una prueba *post hoc* de comparaciones múltiples utilizando la función 'pairwise.adonis2' del paquete R 'pairwiseAdonis' (Martínez Arbizu, 2020). El análisis de homocedasticidad de la dispersión (varianzas) multivariada se realizó con la función 'betadisper' del paquete de R 'vegan'. Considerando los resultados del PERMANOVA (**Tabla A5**), se realizó adicionalmente un análisis de porcentaje de similitud (SIMPER) para evaluar los principales grupos taxonómicos que contribuyen en la diferenciación de la comunidad microbiana entre las diferentes profundidades del suelo. El análisis se realizó utilizando una matriz de Bray–Curtis

calculada a partir de la tabla de abundancias relativas de filios microbianos (ASV con asignación taxonómica) y utilizando la función 'simper' del paquete de R 'vegan'.

Durante el muestreo, la distancia espacial máxima (distancia D en la **Figura 2.5b**) no fue igual para todos los usos del suelo (*i.e.*, 50 m en bosque, 46 m en pastizal y 32 m en huerta). Por lo tanto, para evaluar el impacto potencial de estas diferencias en la variación microambiental, se calculó la correlación entre las matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderado y la matriz de distancia euclidiana de la distancia espacial. La significancia estadística de las comparaciones se determinó mediante el estadístico r de Mantel basado en la correlación de rangos de Spearman con 9999 permutaciones, agregando las distancias secuencialmente para estimar la variabilidad 'puntual' (muestras de distancia A), 'micro' (muestras de distancias A y B), 'meso' (muestras de distancias A, B y C), y 'macro' (muestras de todas las distancias). El análisis se realizó utilizando la función 'mantel' del paquete de R 'vegan'. El valor de distancia espacial más alto en la matriz de distancia euclidiana secuencial del bosque, el pastizal y la huerta se consideró como la distancia máxima entre muestras para cada uso del suelo.

En base a los resultados de la prueba secuencial de Mantel, se llevó a cabo la regresión de las matrices de distancia de Bray–Curtis, UniFrac ponderada, índice β del taxón más cercano (β -NTI, por sus siglas en inglés) y la métrica de Raup–Crick basada en Bray–Curtis (RC_{bray}) con respecto a la matriz de distancia euclidiana de la distancia espacial por profundidad. El índice β -NTI compara el recambio filogenético observado entre pares de comunidades con una distribución nula, mientras que el RC_{bray} compara el recambio de ASV entre un par de comunidades y la distribución nula. Ambos índices se calcularon según Jia et al. (2018) y siguiendo el procedimiento detallado en los scripts de R disponibles en https://github.com/Jia-Xiu/Jia_et_al_Microorganisms_2020. En primer lugar, se calculó el índice β -NTI. El recambio filogenético observado entre pares de comunidades se determinó mediante la distancia media β más cercana al taxón (β -MNTD, por sus siglas en inglés) utilizando la función 'comdistnt' en el paquete de R 'picante' (Kembel et al., 2010). La distribución nula del recambio filogenético se generó mediante 999 permutaciones aleatorias de los ASV en la punta del árbol

filogenético. El β -NTI se midió como la diferencia entre el β -MNTD observado y la media de la distribución nula en unidades de desviación estándar. En segundo lugar, para crear la métrica RC_{bray} , se calculó la disimilitud de Bray–Curtis entre las comunidades observadas utilizando la función 'vegdist' del paquete de R 'vegan'. Luego, la distribución nula de la disimilitud Bray–Curtis entre comunidades simuladas se construyó mediante el muestreo aleatorio de ASV 999 veces. La desviación entre la disimilitud Bray–Curtis observada empíricamente y la distribución nula se estandarizó para variar entre -1 y $+1$.

En base a estos índices, se evaluó la influencia relativa de los procesos determinísticos (selección homogénea y selección variable), estocásticos (dispersión homogeneizadora, limitación de la dispersión) y no dominados en el recambio de la comunidad según Stegen et al. (2013). La combinación de β -NTI y RC_{bray} se utilizó para estimar la influencia relativa de cada proceso en el ensamblaje de las comunidades microbianas en la profundidad del suelo para bosque, pastizal y huerta (Dini-Andreote et al., 2015; Stegen et al., 2012). $|\beta\text{-NTI}| > 2$ indica que el recambio filogenético observado entre un par de comunidades es significativamente menor o mayor de lo esperado por azar y está principalmente gobernado por procesos determinísticos. La contribución relativa de la selección homogénea y variable se estimó como el porcentaje de los valores de $\beta\text{-NTI} < (-2)$ y > 2 , respectivamente. Por otro lado, $|\beta\text{-NTI}| < 2$ indica la ausencia de selección y una mayor influencia de los procesos estocásticos. En estos casos, la contribución relativa de la dispersión homogeneizadora y la limitación de la dispersión se estimó como el porcentaje de valores de la métrica $RC_{\text{bray}} < (-0,95)$ y $> 0,95$, respectivamente. La combinación de $|\beta\text{-NTI}| < 2$ y $|RC_{\text{bray}}| < 0,95$ indica que tanto el recambio filogenético como el de ASV en las comunidades observadas no difieren de lo esperado por azar. Por lo tanto, ni la selección ni la dispersión dominan los procesos de ensamblaje, pero actúan junto con la deriva genética, siendo designados como 'procesos no dominados'. Considerando los resultados reportados por Tripathi et al. (2014), los cuales revelan que el pH del suelo media el equilibrio entre los procesos estocásticos y deterministas en el ensamblaje de comunidades bacterianas del suelo, se realizó una regresión lineal entre la matriz β -NTI y una matriz de distancia euclidiana de

pH del suelo, calculada usando la función 'vegdist' del paquete de R 'vegan', para cada uso del suelo y por profundidad.

Finalmente, se utilizó una prueba de Mantel parcial (basada en la correlación de rangos de Spearman con 9999 permutaciones) para evaluar la correlación de la biomasa microbiana (ADN), la actividad biológica (FDA), la riqueza y el índice PD Faith, y las matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderada con la matriz de distancia de las características químicas del suelo y la distancia espacial euclidiana. En este caso, el uso de la matriz de distancia espacial euclidiana como matriz de control permite eliminar la autocorrelación espacial entre las muestras de suelo y evaluar el efecto «puro» de la correlación entre las matrices de propiedades biológicas y químicas del suelo. El análisis se realizó con la función 'mantel.partial' del paquete de R 'vegan' y se visualizó utilizando la función 'quickcor' del paquete de R 'ggcor' (Huang et al., 2019), junto con la correlación de Pearson de las características químicas del suelo (*i.e.*, pH, CE, CT, NT, C/N y MOS). Los datos faltantes de C y N total de la capa más profunda del suelo (20–40 cm) se calcularon a partir de la ecuación de regresión lineal de todas las medidas de CT y NT con la materia orgánica del suelo cuantificada en la misma muestra (**Figura A4**).

2.7.4 Para la espectrometría del infrarrojo cercano

Todos los análisis descritos a continuación se llevaron a cabo en la plataforma Galaxy ChemFlow 20.05 (<https://vm-chemflow-francegrille.eu/>) (Jalili et al., 2021; Rossard et al., 2016). Para evaluar la capacidad discriminante de los espectros NIRS, se realizó un Análisis de Componentes Principales (PCA, por sus siglas en inglés) a partir de los espectros preprocesados, seleccionando el tipo de uso del suelo (*i.e.*, bosque nativo, pastizal y huerta) y profundidad del suelo (*i.e.*, 0–5, 5–10, 10–20 y 20–40 cm) como variables suplementarias.

Luego, se realizó el modelado de las propiedades del suelo (*i.e.*, biomasa microbiana, actividad biológica, materia orgánica, carbono total, nitrógeno total, relación carbono:nitrógeno, pH y conductividad eléctrica) mediante el método de regresión de mínimos cuadrados parciales (PLS, por sus siglas en inglés). El método de PLS permite modelar relaciones complejas entre múltiples variables predictoras

–como los datos espectrales– y la variable respuesta, especialmente en situaciones donde hay multicolinealidad en las variables predictoras. Al extraer componentes latentes (menos correlacionadas entre sí) que maximizan la covarianza entre las variables predictoras y la variable respuesta, el PLS puede proporcionar modelos predictivos robustos y generalizables (Wold et al., 1983, 2001). Para el modelado por PLS se calcularon 20 variables latentes y se seleccionaron como parámetros adicionales el algoritmo *IKernel* y el método de validación cruzada *venitian blinds* con 4 bloques. Los modelos resultantes están descritos de manera general por la siguiente ecuación (6),

$$VS = \sum \beta_{\lambda} \times Abs_{\lambda} \quad (6)$$

donde VS representa la variable del suelo correspondiente, mientras que β_{λ} y Abs_{λ} indican el valor del coeficiente β del modelo y de la absorbancia medida a cada longitud de onda λ , respectivamente.

Los modelos se validaron utilizando un conjunto independiente de muestras de suelo no utilizadas en la etapa de calibración, correspondientes a un tercio del total de los espectros (134/405). La separación de los conjuntos de muestras para la calibración y la validación de los modelos se realizó mediante submuestreo al azar. Se evaluaron métricas de desempeño, coeficiente de determinación (R^2) y la raíz del error cuadrático medio (RMSE, por sus siglas en inglés), para determinar la fiabilidad –exactitud y precisión– del modelo. El R^2 indica la proporción de la variabilidad en la variable dependiente que es explicada por el modelo y fue calculado para una regresión lineal según la ecuación (7),

$$R^2 = \frac{\sigma^2_{Y\hat{Y}}}{\sigma^2_Y \sigma^2_{\hat{Y}}} \quad (7)$$

donde Y representa los valores observados e \hat{Y} los valores predichos de la variable dependiente, $\sigma^2_{Y\hat{Y}}$ representa la covarianza de $Y\hat{Y}$, σ^2_Y representa la varianza de Y y $\sigma^2_{\hat{Y}}$ la varianza de \hat{Y} . Un valor de R^2 más alto indica un mejor ajuste del modelo.

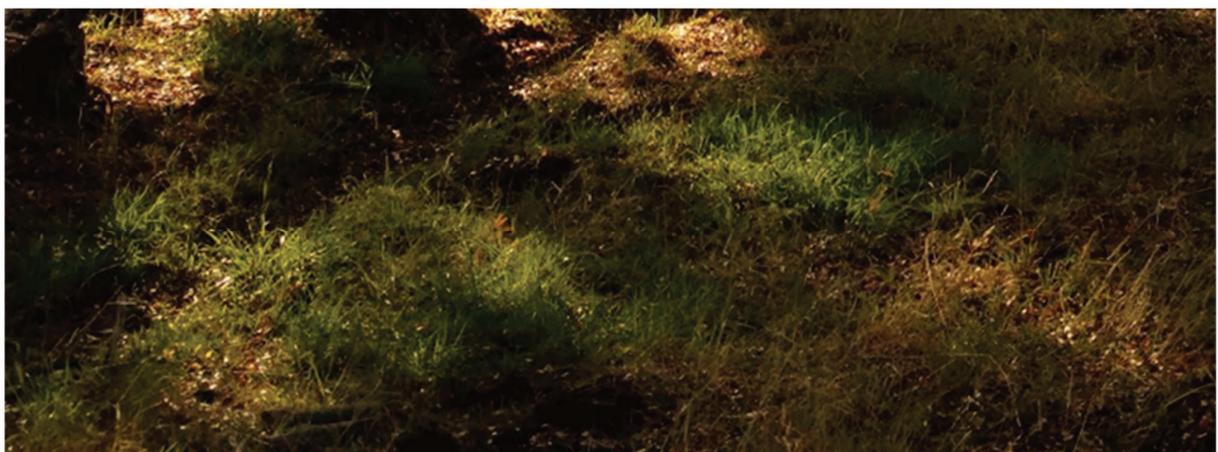
El RMSE es una medida de la diferencia entre los valores predichos por un modelo y los valores observados, se calculó según la siguiente ecuación (8),

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{Y}_i)^2} \quad (8)$$

donde Y_i e \hat{Y}_i representan los n valores observados y predichos de la variable dependiente, respectivamente. El RMSE se expresa en las mismas unidades que la variable que se está prediciendo. Cuanto menor sea el valor del RMSE, mejor será el ajuste del modelo a los datos. Un RMSE más pequeño indica que el modelo predice con mayor precisión los valores observados.



RESULTADOS



3 RESULTADOS

3.1 CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS AGROPECUARIOS DE LA COMARCA ANDINA DEL PARALELO 42

3.1.1 Caracterización de la transición agroecológica en la CAP42

Las 53 fincas evaluadas en la Comarca Andina del Paralelo 42° (CAP42) mostraron variación entre los puntajes de los distintos elementos (**Figura A5**). Reciclaje fue el Elemento con menor puntaje promedio entre las fincas, en tanto que Economía Circular y Solidaria fue el de mayor puntaje promedio (**Figura 3.1a**). El Elemento Co-Creación e Intercambio de Conocimientos, por su parte, fue el que mostró mayor dispersión, seguido por Sinergias (**Figura 3.1a**). En términos generales, las fincas presentaron un grado de transición hacia la agroecología relativamente avanzado, con un índice CAET promedio del 66%, que varió entre el 45% y el 81% (**Figura 3.1a**).

De acuerdo con la clasificación propuesta por Lucantoni et al. (2022), 32% de las fincas evaluadas pueden clasificarse como agroecológicas (CAET > 70%), 40% se encuentran en transición hacia la agroecología (CAET entre 60–70%), 24% en transición inicial y sólo el 4% son convencionales con elementos de sostenibilidad (CAET entre 40–60%). No se encontraron fincas convencionales (CAET < 40%), ni «faros» agroecológicos (CAET > 90%). El puntaje máximo de CAET entre las fincas evaluadas fue del 81%, observado en una finca de la Zona-II dedicada a la producción fruti-hortícola. Otras dos fincas, ubicadas en las Zonas I y III presentaron un puntaje promedio del 80%, siendo ambas de producción mixta. El puntaje promedio para los Elementos relacionados con el manejo y la innovación dentro de las fincas (CAET–finca) fue del 63% (44–80%), mientras que para los Elementos que abarcan los aspectos sociales y las características del entorno (CAET–social) fue del 69% (46–92%). También se encontró una mayor correlación entre el CAET y el CAET–social en comparación con el CAET–finca (**Figura 3.1b**).

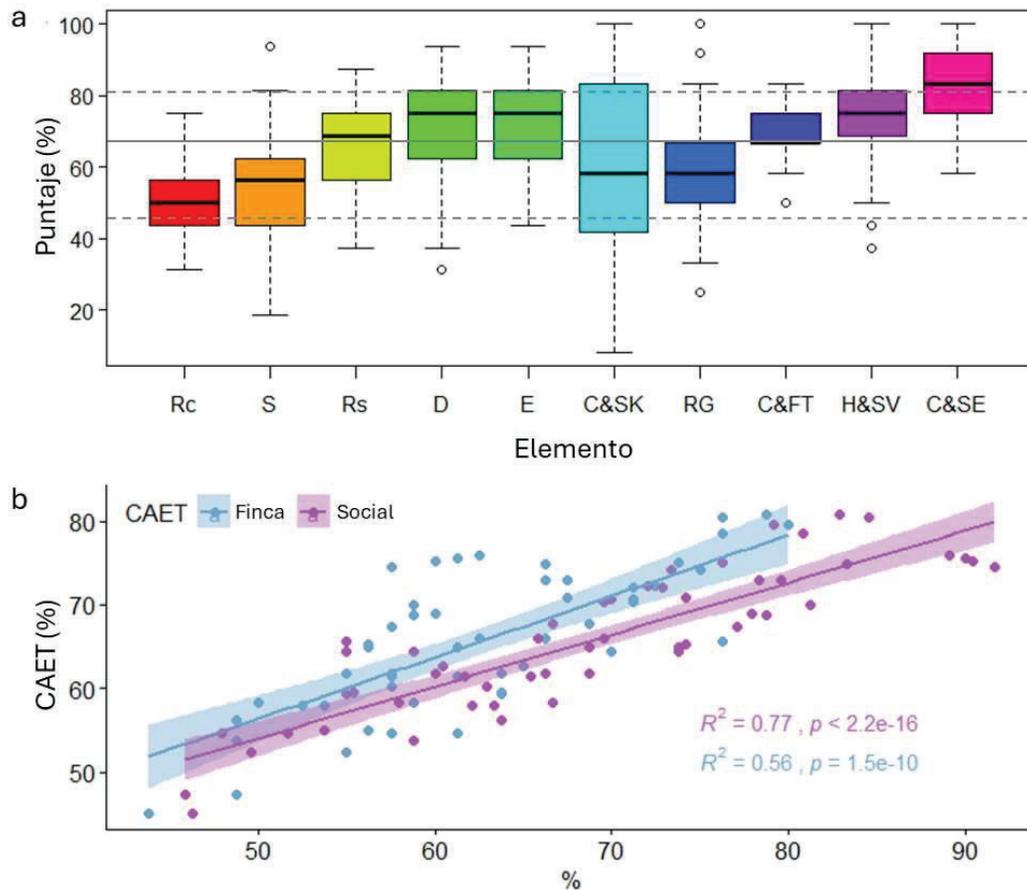


Figura 3.1. a) Porcentaje de avance para cada Elemento de Agroecología en 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Elementos relacionados con la finca: Reciclaje (Rc), Sinergias (S), Resiliencia (Rs), Diversidad (D) y Eficiencia (E); Elementos relacionados con los aspectos sociales: Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK), Gobernanza Responsable (RG), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Valores Humanos y Sociales (H&SV) y Economía Circular y Solidaria (C&SE). La línea gris continua representa la media del CAET y las líneas grises discontinuas sus valores mínimo y máximo. b) Correlación entre el CAET con los CAET–finca y CAET–social.

De las ocho variables de contexto analizadas, sólo tres *-i.e.*, Tipo de producción, Género de las personas principales tomadoras de decisiones (Género de PPTD) y Disponibilidad de recursos económicos– mostraron un impacto significativo en el CAET, CAET–finca y CAET–social. Además, se incorporó la Zona

geográfica de localización de la finca como factor significativo para el CAET–finca (**Figura 3.2**). En términos generales, se observó que los niveles de transición hacia la agroecología son más altos en las producciones hortícolas, frutícolas, fruti-hortícolas y mixtas en comparación con las ganaderas. A su vez, los niveles de transición son más bajos en las fincas donde el género de PPTD es masculino en comparación con femenino o ambos, y en fincas con disponibilidad de recursos económicos de media a baja en comparación con las de alta disponibilidad (**Figura 3.2**). En cuanto al factor Zona en el CAET–finca, se observó que la Zona IV mostró un menor grado de transición hacia la agroecología en comparación con las demás.

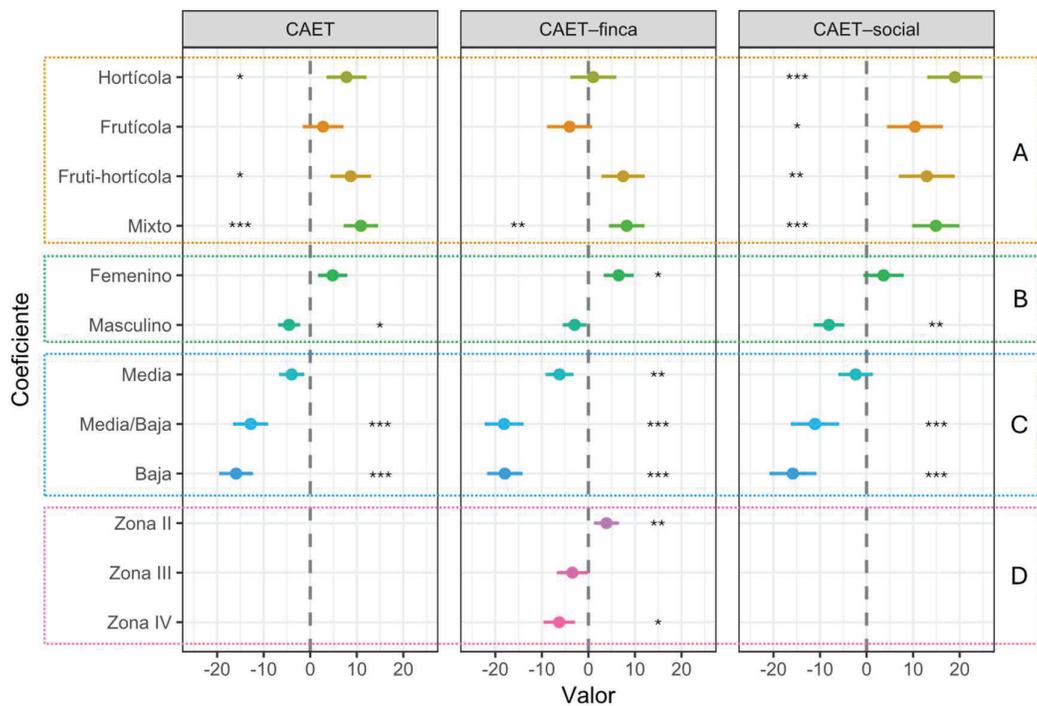


Figura 3.2. Coeficientes estimados del modelo lineal para el CAET, CAET–finca y CAET–social. Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (*** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). A: Tipo de producción, nivel de referencia “Ganadera”; B: Género de la/s persona/s principal/es tomadora/s de decisiones, ref. “Ambos”; C: Disponibilidad de recursos

económicos, ref. “Alta”; D: Zona geográfica, ref. “Zona I”. Intercepto CAET: 65,2; CAET–finca: 67,8; CAET–social: 63,6.

3.1.2 Identificación de tipologías agroecológicas

3.1.2.1 Tipología basada en puntajes numéricos (análisis de arquetipos)

Considerando un modelo con cuatro arquetipos, las puntuaciones de las fincas y la clasificación propuesta por Lucantoni et al. (2022), el Arquetipo 1 representa fincas agroecológicas con un arreglo equilibrado de los Elementos de la agroecología (**Figura 3.3a**) y un puntaje promedio para CAET, CAET–finca y CAET–social de 75, 76 y 75%, respectivamente. El Arquetipo 2 representa fincas agroecológicas con un arreglo desequilibrado de los Elementos de la agroecología, con valores más bajos para el CAET–finca (60%) en comparación al CAET–social (86%), siendo el CAET de 73% (**Figura 3.3a**). En este caso, se detectó que el CAET–social fue fuertemente traccionado por los Elementos Co-Creación e Intercambio de Conocimientos y Gobernanza Responsable. El Arquetipo 3 representa fincas en transición agroecológica con arreglo desequilibrado (CAET–finca < CAET–social) (**Figura 3.3a**), pero con valores generales más bajos que el arquetipo 2, traducándose en valores promedio de 65, 59 y 70% para CAET, CAET–finca y CAET–social, respectivamente. Siendo en este caso, los Elementos Valores Humanos y Sociales, Culturas y Tradiciones Alimentarias y Economía Circular y Solidaria los que traccionaron el CAET–social. Por último, el Arquetipo 4 representa fincas en transición inicial, mostrando las puntuaciones promedio más bajas (**Figura 3.3a**) para CAET, CAET–finca y CAET–social (51, 54 y 48%, respectivamente). Las diferencias más amplias entre los cuatro arquetipos se observaron para los Elementos Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (25–100%), Gobernanza Responsable (33–92%) y Valores Humanos y Sociales (56–94%) (**Figura 3.3a**). Se encontraron 3, 5, 1 y 8 arquetipoides para los arquetipos 1, 2, 3 y 4, respectivamente (**Figura 3.3b, Figura A6**), los que representan un 32% del total de fincas evaluadas. Este bajo número de arquetipoides reveló que las fincas de la CAP42 tienen, de hecho, arreglos de los Elementos de la agroecología intermedios respecto de los arquetipos. Dicho de otra manera, las fincas están representadas por combinaciones de los arquetipos.

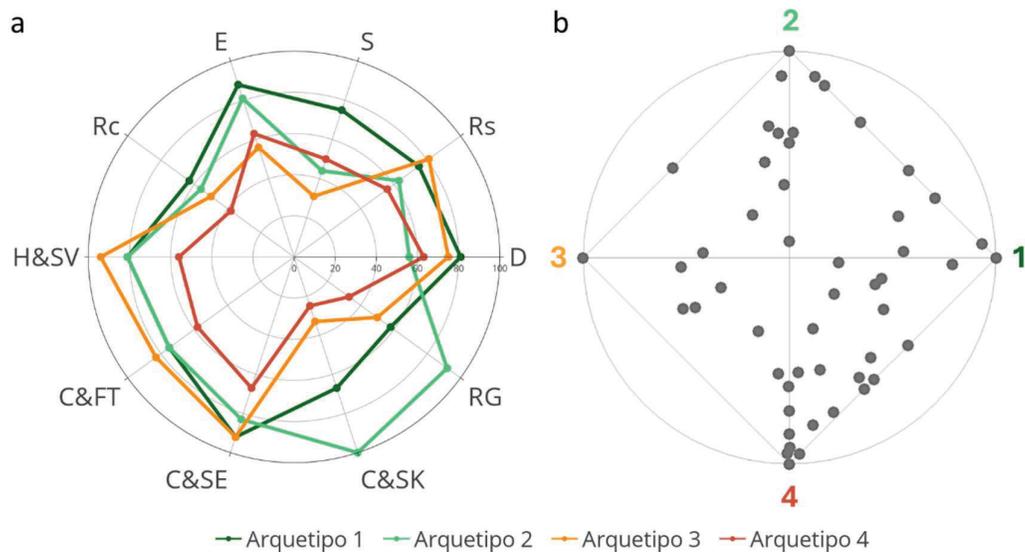


Figura 3.3. a) Puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro arquetipos. Diversidad (D), Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG). b) Distribución de las 53 fincas en el espacio definido por los cuatro arquetipos.

3.1.2.2 Tipología basada en puntajes categorizados (tipología de Reinert)

Mediante la clasificación jerárquica descendente se identificaron ocho clases que pueden organizarse en cuatro grupos según el dendrograma (**Figura 3.4**). Todas las fincas se asociaron significativamente a una clase según la prueba de Chi-cuadrado (**Figura 3.4**). Cada clase tiene un arreglo específico de modalidades de los Elementos de la agroecología que la caracterizan (**Figura 3.4**). Por ejemplo, la Clase 1 se caracteriza por un arreglo con: modalidad FA (fincas agroecológicas, puntuaciones > 70%) para Diversidad, TA (transición a la agroecología, puntuaciones entre 60–70%) para Sinergias, TI (transición inicial, puntuaciones entre 50–60%) para Co-Creación e Intercambio de Conocimientos y Gobernanza Responsable y CES (convencional con elementos de sostenibilidad, puntuaciones entre 40–50%) para Reciclaje.

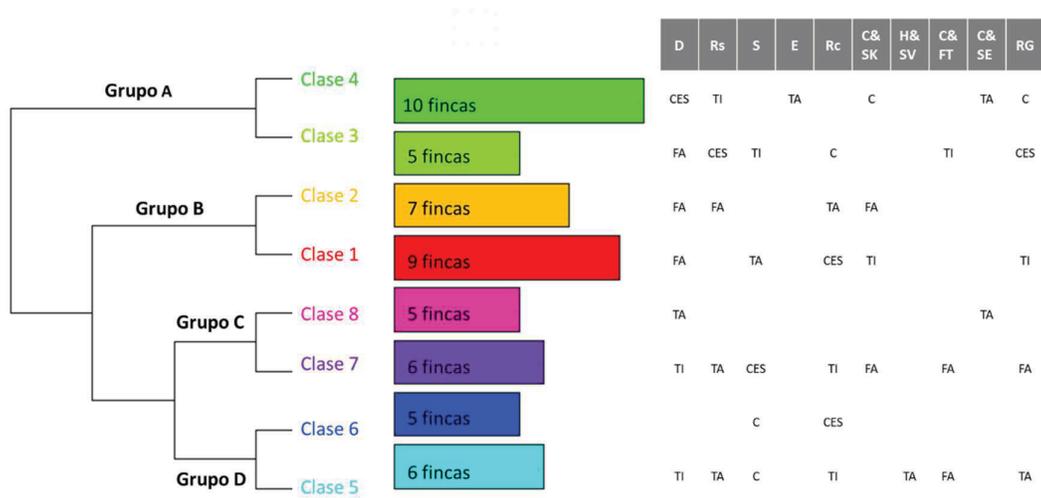


Figura 3.4. Clasificación basada en el método de Reinert, incluye el agrupamiento de las clases –dendrograma– (panel izquierdo) con el número de fincas asociadas a cada clase y el arreglo de las modalidades de los 10 Elementos de la agroecología asociados significativamente con cada clase (panel derecho). FA: fincas agroecológicas, puntuaciones > 70%, TA: transición a la agroecología, puntuaciones entre 60–70%, TI: transición inicial, puntuaciones entre 50–60%, CES: convencional con elementos de sostenibilidad, puntuaciones entre 40–50%.

Considerando las fincas asociadas a cada clase (**Figura A6**), los puntajes promedio de CAET, CAET–finca y CAET–social mostraron patrones diferentes (**Tabla 3.1**). El Grupo A mostró las clases con los puntajes más bajos de CAET, representando fincas en transición inicial (CAET entre 50–60%), con puntajes equilibrados de CAET–finca y CAET–social. Dentro del Grupo B, la Clase 1 representa fincas en transición agroecológica (CAET entre 60–70%) con CAET–finca y CAET–social equilibrados, mientras que la Clase 2 representa fincas agroecológicas (CAET > 70%) con un puntaje ligeramente superior para el CAET–social que para el CAET–finca. El Grupo C también mostró una clase que representa fincas en transición agroecológica (Clase 8) y otra que representa fincas agroecológicas (Clase 7); sin embargo, en este grupo ambas clases mostraron puntajes más bajos de CAET–finca que de CAET–social. Esta diferencia fue más acentuada en la Clase 7. Dentro del Grupo D, ambas clases representan fincas en transición agroecológica y tienen puntajes más bajos de CAET–finca que de CAET–

social, siendo la diferencia más acentuada para la Clase 6. Estos resultados mostraron que las diferencias entre las clases se deben no solo a los valores de CAET, sino al arreglo de los Elementos de la agroecología. Las diferencias más amplias entre los cuatro grupos se observaron para los Elementos Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (33–93%), Gobernanza Responsable (43–81%) y Sinergias (35–65%) (**Figura 3.5**).

Tabla 3.1. Promedio de CAET global de cada grupo y clase, CAET–finca, CAET–social y la diferencia entre CAET–finca y CAET–social para cada clase identificada por la clasificación jerárquica descendente de Reinert.

Grupo	CAET (grupo)	Clase	CAET (clase)	CAET–finca	CAET–social	Dif. CAET finca–social
Grupo A	57	Clase 4	55	55	55	0
		Clase 3	58	60	57	3
Grupo B	73	Clase 2	77	74	79	–5
		Clase 1	68	68	68	0
Grupo C	70	Clase 8	66	62	71	–9
		Clase 7	73	62	84	–22
Grupo D	65	Clase 6	63	56	70	–14
		Clase 5	67	63	72	–9

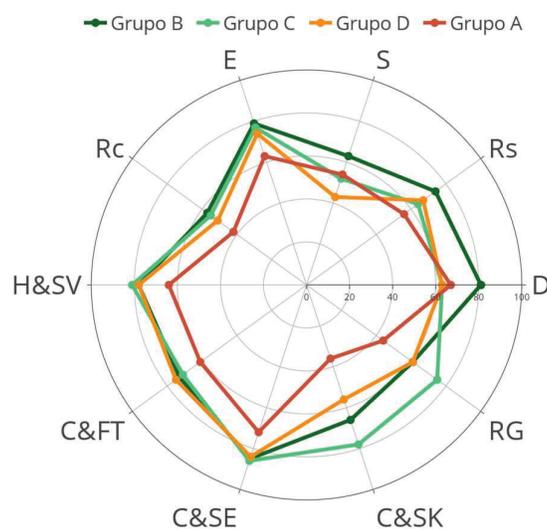


Figura 3.5. Puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro grupos de Reinert (promedio de las fincas que integran cada grupo). Diversidad (D),

Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG).

3.1.3 Comparación de los métodos de análisis

Tanto en el método de análisis de arquetipos como en el de clasificación jerárquica descendente de Reinert, las variables CAET y el balance entre los CAET–finca y CAET–social fueron determinantes en la estructura de ambas tipologías. En consecuencia, es posible establecer un vínculo de similitud entre los arquetipos y los grupos/clases de Reinert cuando se comparan los promedios y relaciones de dichas variables (**Tabla 3.2, Figura 3.6**). Ambos análisis, permitieron identificar cuatro diferentes arreglos de los Elementos de la agroecología, caracterizando el gradiente de la transición agroecológica de la CAP42, que va desde la transición inicial hasta las fincas consideradas completamente agroecológicas. La comparación de ambas metodologías de clasificación muestra buena coherencia de agrupamientos de fincas, siendo las fincas del grupo D las que menor ajuste presentan (**Figura A7**).

Tabla 3.2. Relación entre arquetipos y clases de Reinert según sus valores de CAET y la relación entre el CAET–finca y el CAET–social.

CAET	Relación CAET–finca/CAET– social	Arquetipo	Grupo de Reinert
Alto (≥ 73)	Equilibrada	1	B
Alto (≥ 70)	Desequilibrada	2	C
Medio (= 65)	Desequilibrada	3	D
Bajo (≤ 57)	Equilibrada	4	A

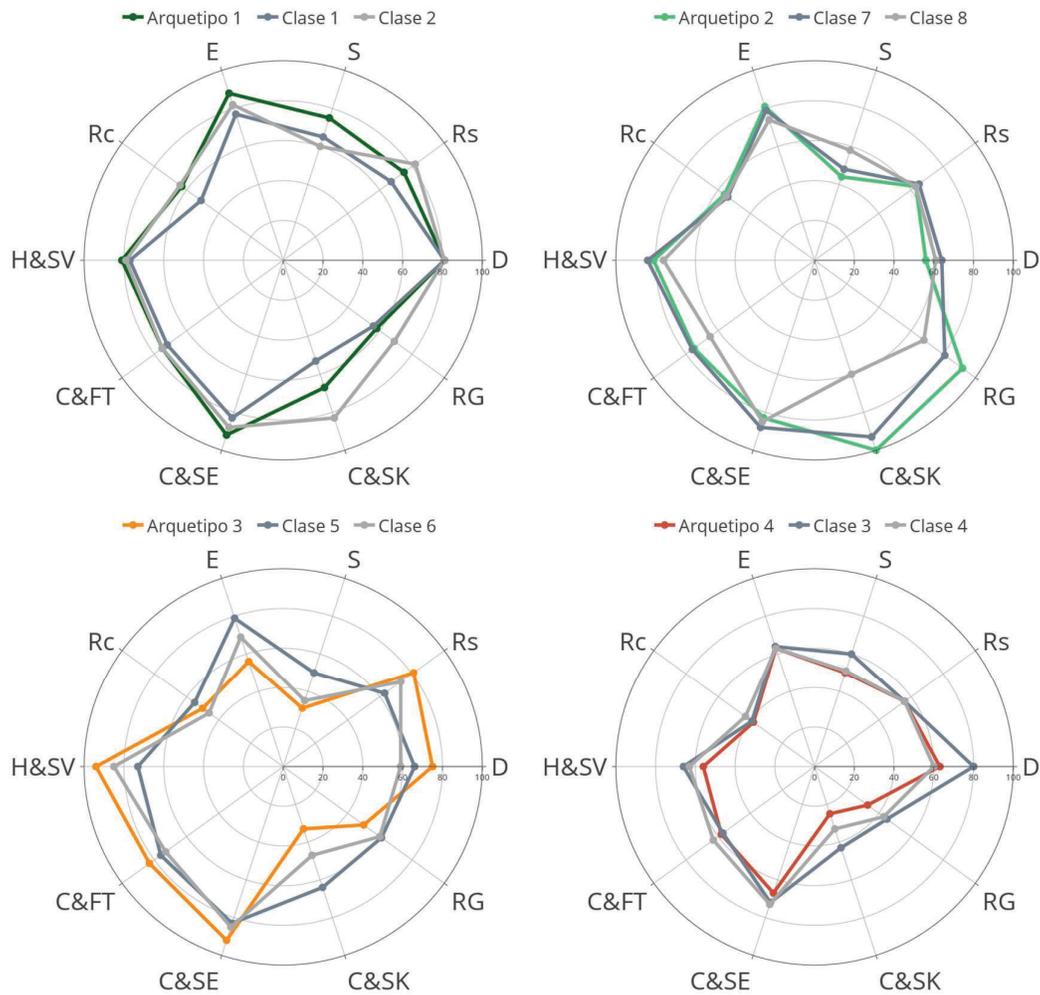


Figura 3.6. Comparación de los puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro tríos formados según grado de similitud entre arquetipo y clases de Reinert (promedio de las fincas que integran cada clase). Diversidad (D), Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG).

3.2 EFECTO DEL USO Y MANEJO DEL SUELO EN LA MICROBIOTA EDÁFICA

3.2.1 Patrones de variación por cambio en el uso del suelo

3.2.1.1 Abundancia de microorganismos

Al comparar los distintos usos del suelo con el bosque nativo de referencia, se observa que la biomasa microbiana (estimada como la cantidad de ADN extraída del suelo) aumenta en el bosque intervenido y disminuye en los suelos de pastizal y huerta, mientras que la frambuesa –cultivo perenne– no muestra diferencias estadísticamente significativas (**Figura 3.7a**). Igualmente, es importante destacar que el efecto de la finca como factor aleatorio resultó ser significativo según la prueba de razón de verosimilitudes (**Tabla A2**), lo que puede observarse en la variabilidad de los valores de biomasa microbiana entre las fincas (Figura 3.7b). En cuanto al número de copias del gen ARNr 16S bacteriano, se observó un patrón similar al de la biomasa microbiana, con excepción del bosque intervenido que no presentó diferencias estadísticamente significativas al compararlo con el bosque nativo de referencia (**Figura 3.8a**), de igual manera el efecto aleatorio de la finca fue significativo (**Tabla A2, Figura 3.8b**).

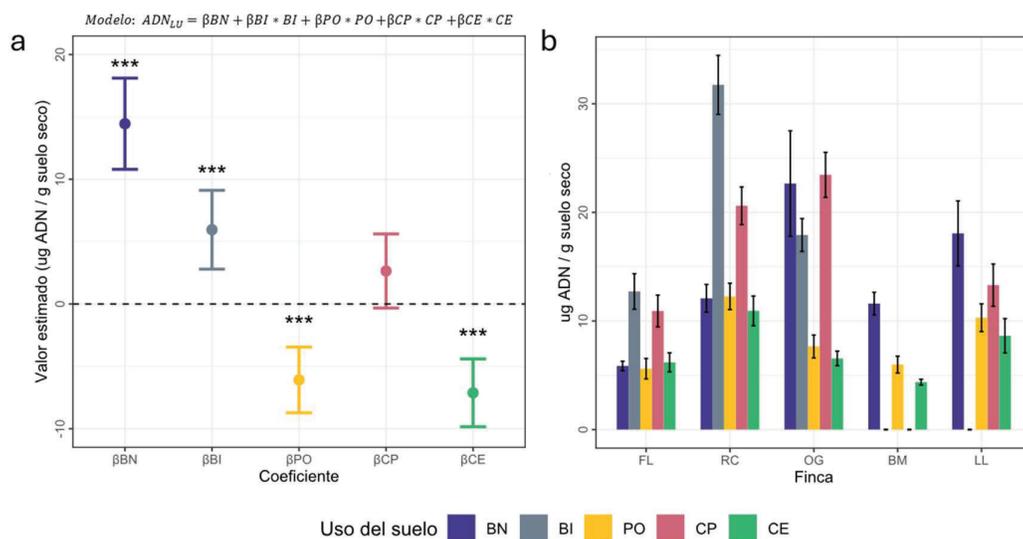


Figura 3.7. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la biomasa microbiana (estimada como la cantidad de ADN extraída del suelo) (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto aleatorio

de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p<0,001$, $**p<0,01$, $*p<0,05$). Perfiles de variación de la biomasa microbiana (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. Barras de error representan el error estándar. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. Sin datos: BI y CP de finca BM; BI de finca LL.

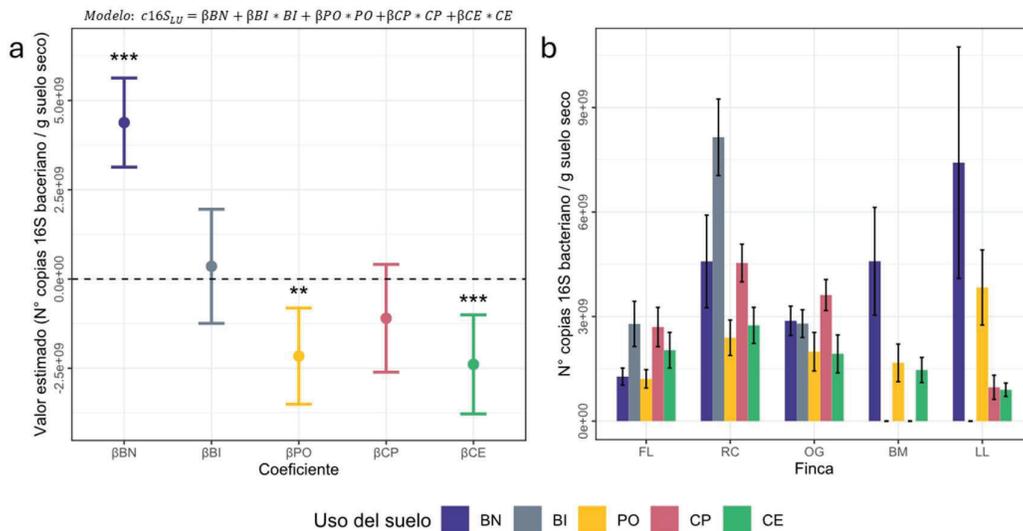


Figura 3.8. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para el número de copias del gen bacteriano ARNr 16S (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto aleatorio de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p<0,001$, $**p<0,01$, $*p<0,05$). Perfiles de variación del número de copias del gen bacteriano ARNr 16S (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. Barras de error representan el error estándar. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. Sin datos: BI y CP de finca BM; BI de finca LL.

3.2.1.2 Actividad biológica

La actividad biológica del suelo (estimada como la cantidad de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína) disminuyó en los suelos de frambuesa y huerta en comparación con el bosque nativo de referencia,

mientras que los suelos de bosque intervenido y pastizal no mostraron diferencias significativas (**Figura 3.9a**). Nuevamente, se destaca que el efecto de la finca como factor aleatorio fue significativo según la prueba de razón de verosimilitudes (**Tabla A2, Figura 3.9b**).

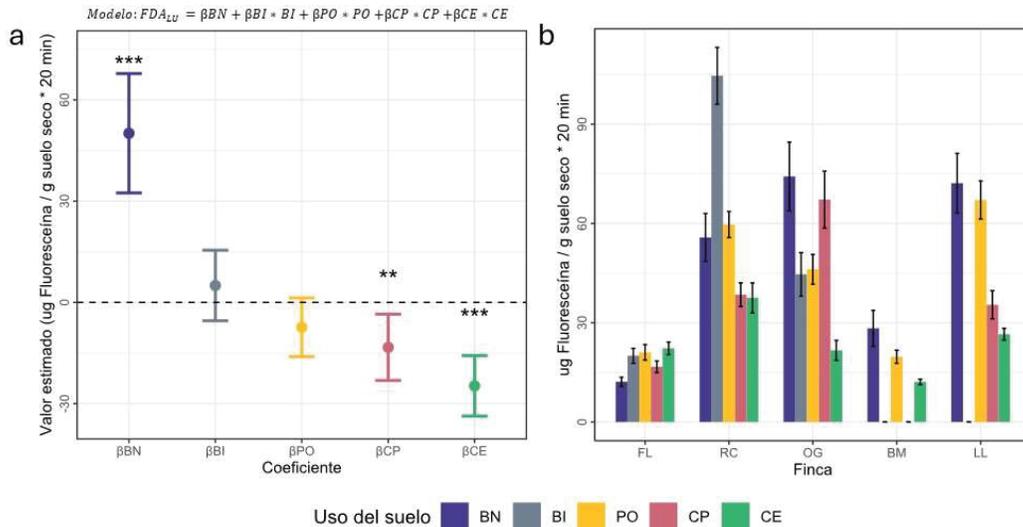


Figura 3.9. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la actividad biológica del suelo (estimada como la cantidad de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína) (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (*** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). Perfiles de variación de la actividad biológica (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. Sin datos: BI y CP de finca BM; BI de finca LL.

3.2.1.3 α -diversidad

En cuanto a la α -diversidad, la riqueza (número observado de TRF) de bacterias no mostró diferencias significativas entre el bosque nativo de referencia y los restantes usos del suelo (*i.e.*, bosque intervenido, pastizal, frambuesa y huerta) (**Figura 3.10**), mientras que se observó una disminución de la riqueza de hongos sólo en el pastizal con respecto al bosque nativo de referencia. En el caso de los índices de diversidad de Shannon–Wiener e InvSimpson, tanto para bacterias como

para hongos, no se observaron diferencias significativas entre el bosque nativo de referencia y los restantes usos del suelo (*i.e.*, bosque intervenido, pastizal, frambuesa y huerta) (**Tabla A3**). En todos los casos, el efecto de la finca como factor aleatorio es estadísticamente significativo según la prueba de razón de verosimilitudes (**Tabla A2**).

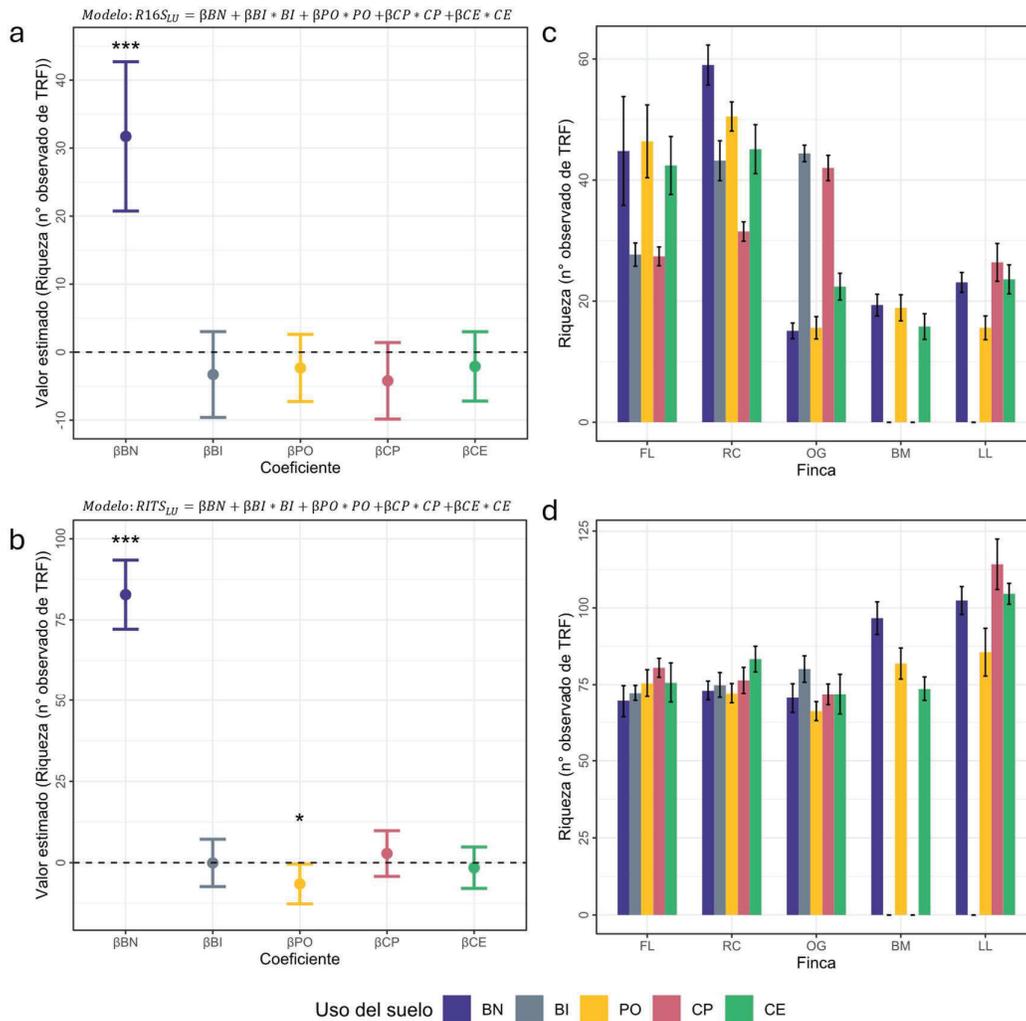


Figura 3.10. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la riqueza (número observado de TRF) de bacterias (a) y hongos (b) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). Perfiles de variación de la riqueza de bacterias (c) y hongos (d) para cada tipo de uso del

suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. Sin datos: BI y CP de finca BM; BI de finca LL.

3.2.1.4 β -diversidad

El análisis NMDS para la matriz de distancias de Bray–Curtis para las comunidades de bacterias obtuvo un valor de *stress* de 0.16, mientras que para la matriz de distancias de Bray–Curtis para las comunidades de hongos resultó de 0.21, los cuales indican que el gráfico proporciona una razonablemente buena representación de las relaciones de disimilitud entre las muestras. En ambos casos, la representación en el plano de las muestras no permitió identificar patrones claros de clasificación alrededor del tipo de uso del suelo (**Figura A8**). En cambio, el análisis de PERMANOVA reveló que el factor «uso del suelo» tuvo un efecto significativo en la β -diversidad de ambas comunidades microbianas ($p < 0.001$). Además, se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) entre casi la totalidad de los pares de usos del suelo para las comunidades de bacterias y para todos los pares de las comunidades de hongos (**Figura A9**), lo que sugiere que distintos tipos de usos del suelo tienen un impacto diferencial en la estructura de las comunidades de estos microorganismos. Mediante el análisis SIMPER para las bacterias, se identificaron 41 TRF –de un total de 205– que representan en promedio el 82,7% de la abundancia total, que contribuyeron significativamente a la diferenciación entre los usos del suelo. Por otro lado, en el caso de los hongos, la diferenciación entre usos del suelo se explica principalmente por 81 TRF –de un total de 532– que representan en promedio el 80,2% de la abundancia total.

3.2.1.5 Propiedades químicas

En cuanto a las propiedades químicas del suelo, todas las variables evaluadas (*i.e.*, pH, conductividad eléctrica y materia orgánica del suelo) se vieron afectadas por el cambio de uso del suelo. Al comparar los distintos usos del suelo con el bosque nativo de referencia, el pH no mostró cambios en el bosque intervenido, disminuyó en el pastizal y la huerta y aumentó en la frambuesa; la conductividad eléctrica sólo mostró un aumento significativo en el pastizal; mientras que la materia orgánica del

suelo disminuyó significativamente en todos los usos. En todos los casos el efecto aleatorio de la finca fue significativo (**Tabla A2**).

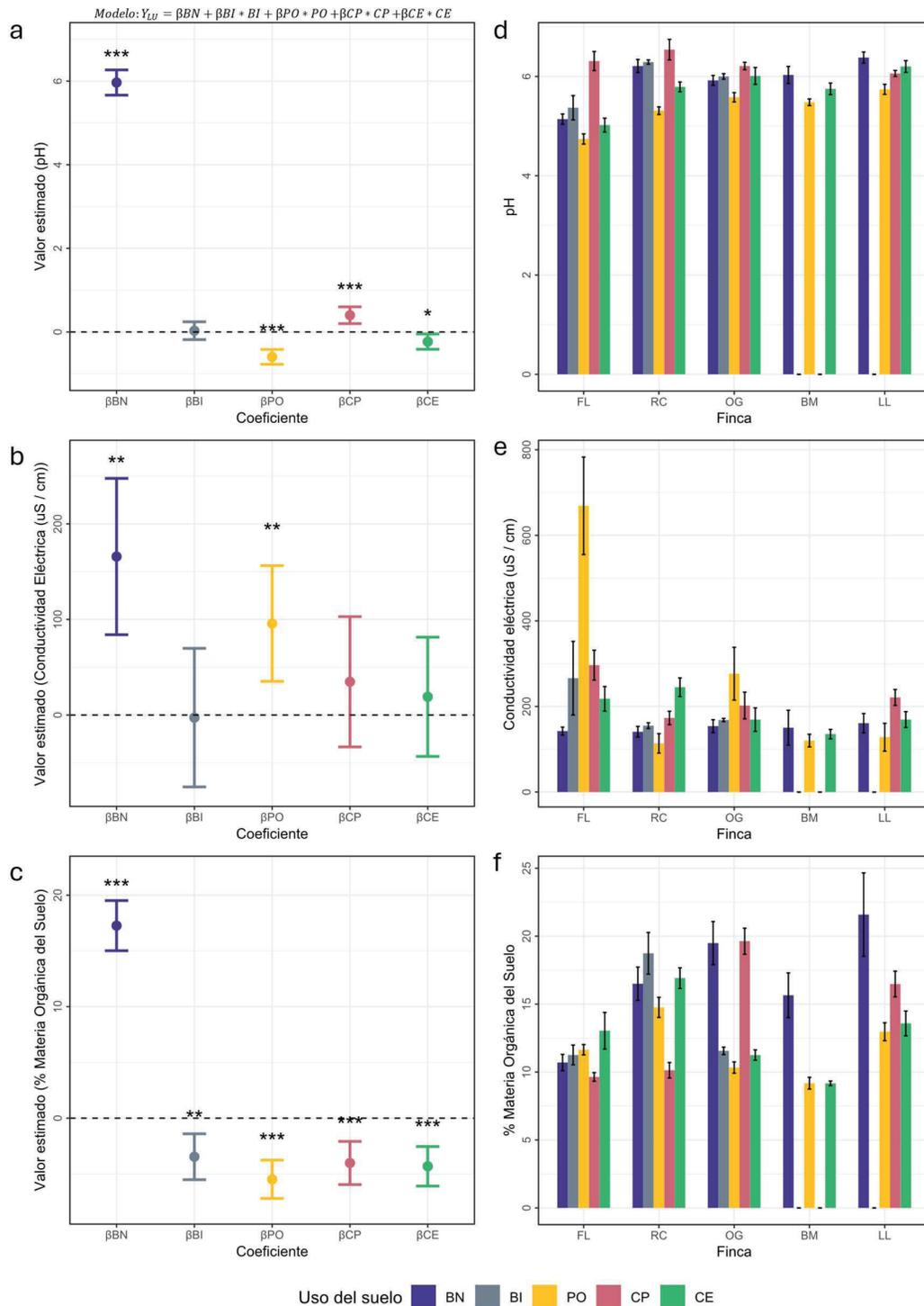


Figura 3.11. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para el pH (a), la conductividad eléctrica (b) y la materia orgánica del suelo (c) mostrando las

diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación con el bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p < 0,001$, $**p < 0,01$, $*p < 0,05$). Perfiles de variación de el pH (d), la conductividad eléctrica (e) y la materia orgánica del suelo (f) para cada tipo de uso del suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. Sin datos: BI y CP de finca BM; BI de finca LL.

3.2.2 Impulsores químicos de los efectos del uso del suelo

Las pruebas de Mantel parcial mostraron fuertes correlaciones entre las variables de diversidad microbiana y las características químicas del suelo (**Figura 3.12**). En el bosque nativo, el número de correlaciones mostró la siguiente tendencia: riqueza 16S y Bray–Curtis ITS (2) > actividad biológica y riqueza ITS (1), siendo las correlaciones con el pH y la conductividad eléctrica (CE) más fuertes que con la materia orgánica del suelo (MOS). En el bosque intervenido, la tendencia fue Bray–Curtis ITS (3) > riqueza 16S (2) > actividad biológica y Bray–Curtis 16S (1), siendo las correlaciones asociadas a índices bacterianos las más débiles. En el pastizal, se encontró el mismo patrón del bosque nativo, aunque todas las correlaciones fueron relativamente más débiles. El cultivo de frambuesa fue el tipo de uso del suelo donde se encontró el menor número de correlaciones, actividad biológica (2) > riqueza 16S y Bray–Curtis ITS (1), y todas ellas relativamente débiles. Por último, en la huerta la tendencia fue actividad biológica y Bray–Curtis ITS (2) > riqueza 16S, riqueza ITS y Bray–Curtis 16S (1), siendo las correlaciones con la CE y la MOS las más fuertes. La biomasa microbiana no mostró correlación con ninguna propiedad química del suelo. Las correlaciones más conservadas a lo largo de todos los usos del suelo fueron la actividad biológica con la MOS y la β -diversidad de hongos con el pH y la CE. En comparación con el bosque nativo de referencia, los perfiles de correlación en el bosque intervenido, el pastizal y la huerta fueron similares, mientras que la frambuesa mostró las mayores diferencias. De manera general, las correlaciones de las variables químicas entre sí fueron débiles, con cierta tendencia a una correlación positiva de la MOS con el pH y la CE (**Figura 3.12**).

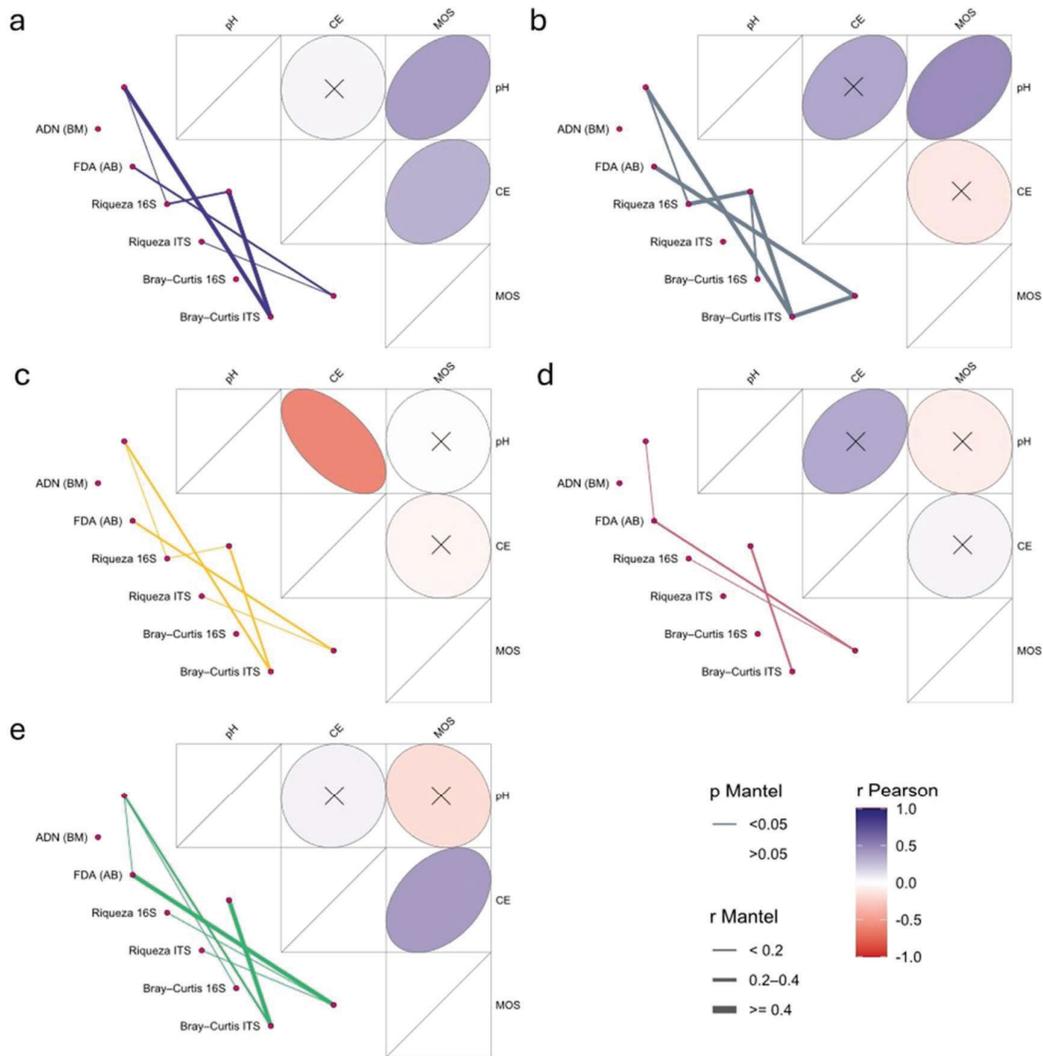


Figura 3.12. Impulsores químicos del efecto del uso del suelo. Se correlacionaron las cuantificaciones de la extracción de ADN del suelo (biomasa microbiana), las cuantificaciones de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína (actividad biológica), riqueza de TRF 16S (bacterias) y riqueza de TRF ITS (hongos) y las matrices de distancia de Bray-Curtis de bacterias y hongos ponderada con la matriz de distancia de las características químicas del suelo para el bosque (a), el bosque intervenido (b), el pastizal (c), la frambuesa (d) y la huerta (e). Las comparaciones por pares de las características del suelo se muestran con un gradiente de color que representa los coeficientes de correlación de Pearson, y las cruces indican correlaciones no estadísticamente significativas ($p > 0.01$). El ancho de la línea corresponde al estadístico r del Mantel parcial para las correlaciones

correspondientes (controladas por el efecto de la matriz de distancia espacial geográfica) y el color de la línea representa la significancia estadística basada en 9999 permutaciones. CE: conductividad eléctrica; MOS: materia orgánica del suelo.

3.2.3 Transición a la agroecología y propiedades del suelo

La comparación entre el dendrograma de las fincas basado en los índices de la TAPE y el correspondiente a las propiedades químicas y biológicas del suelo (como media de las diferencias entre el estado de referencia y los estados alternativos) arrojó un valor de entrelazamiento de 0,48 (**Figura 3.13**). Esto indicaría una relación moderada entre el grado de transición a la agroecología y las propiedades del suelo para este caso, dado que un valor de entrelazamiento significativo sugiere que las fincas que han experimentado una mayor transición hacia prácticas agroecológicas tienden a tener perfiles de suelo diferentes en comparación con aquellas que mantienen más prácticas convencionales. Esto puede indicar que las prácticas agroecológicas influyen de manera positiva en las propiedades químicas y biológicas del suelo.

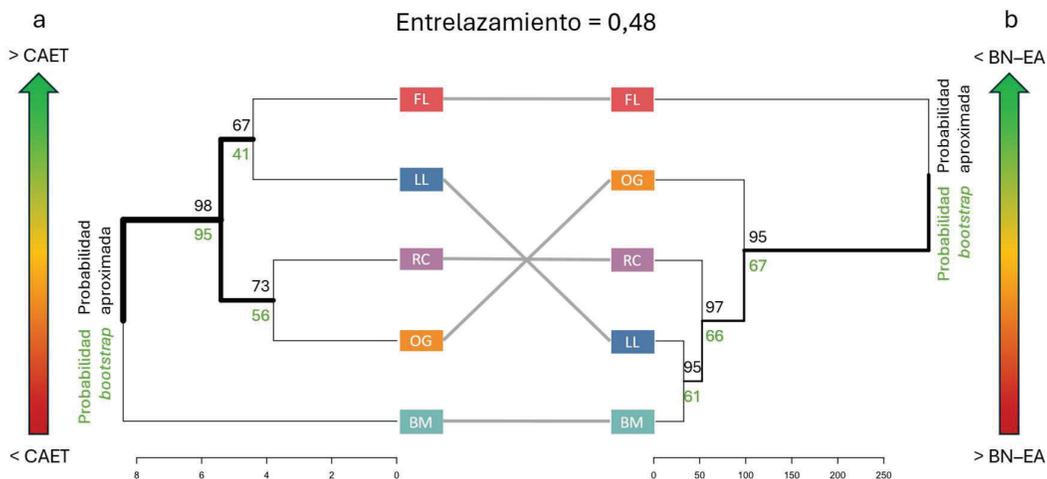


Figura 3.13. Entrelazamiento entre el dendrograma de distancia *Ward* basado en los valores de los índices de la TAPE (a) y el dendrograma de distancia *Ward* basado en las propiedades químicas y biológicas del suelo (como media de las diferencias entre el bosque de referencia y los demás estados) (b) de las cinco fincas evaluadas. Las flechas a cada lado indican la tendencia en los valores de CAET (a) y de la

diferencia en las propiedades del suelo entre el bosque nativo de referencia (BN) y los estados alternativos (EA) (b).

3.3 VARIACIÓN MICROAMBIENTAL DE LA MICROBIOTA EDÁFICA

3.3.1 Patrones de variación microambiental

3.3.1.1 *Biomasa microbiana del suelo*

La biomasa microbiana del suelo se vio afectada tanto por la profundidad del suelo como por la distancia espacial, mientras que no se detectaron interacciones significativas entre profundidad del suelo y distancia según la prueba SRH (**Tabla A4**). La biomasa microbiana disminuyó con el aumento de la profundidad en los tres tipos de uso del suelo (**Figura 3.14**), sin embargo, los patrones fueron distintos en cada caso. En el suelo de bosque, se distinguieron dos grupos principales de profundidades del suelo en el patrón de disminución de la biomasa microbiana (0–10 vs. 10–40 cm, **Figura 3.14a**). En el suelo de pastizal, en cambio, la biomasa microbiana disminuyó gradualmente con el aumento de la profundidad (**Figura 3.14b**), mientras que, en la huerta, sólo los primeros 0–5 cm del suelo se diferenciaron estadísticamente del resto de las profundidades (**Figura 3.14c**). La distancia espacial solo afectó la biomasa microbiana en la huerta (**Tabla A5, Figura A10**). En este tipo de uso del suelo, la biomasa microbiana de las muestras de las clases de distancia espacial A y B (0,1 y 1 m, respectivamente) fue mayor que la de la clase de distancia espacial C (10 m). En comparación, la biomasa microbiana de la clase de distancia D (32 m) no fue diferente de las otras clases (**Figura A10c**). En cuando a la autocorrelación entre muestras, sólo se detectó autocorrelación espacial para la biomasa microbiana en el suelo de la huerta, siendo de 8,7 m entre las muestras de suelo de 10–20 cm de profundidad (**Figura A11**).

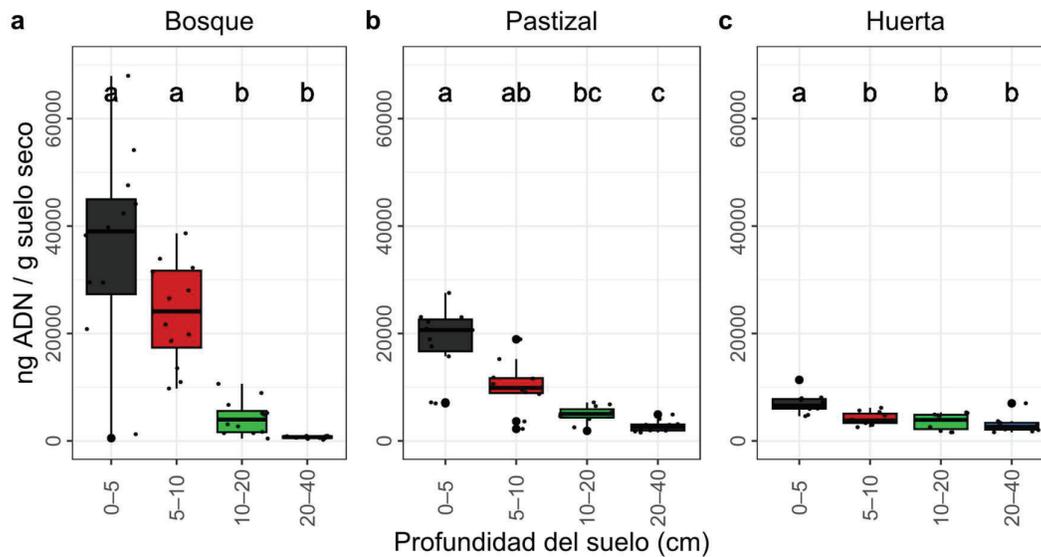


Figura 3.14. Efecto de la profundidad del suelo sobre la biomasa microbiana (estimada mediante cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c). Letras diferentes indican diferencias significativas en las comparaciones por pares (Prueba de Dunn; $p < 0,05$).

3.3.1.2 Actividad biológica

La actividad biológica del suelo se vio afectada tanto por la profundidad del suelo como por la distancia espacial y se detectaron interacciones significativas entre profundidad y distancia según la prueba de ANOVA (**Tabla A5**). De manera general, la actividad biológica disminuyó con el aumento de la profundidad en los tres tipos de uso del suelo (**Figura 3.15**). En el bosque, la actividad biológica disminuyó gradualmente con el aumento de la profundidad del suelo, mientras que no se observaron diferencias significativas entre categorías de distancia (**Figura 3.15a**). En el pastizal, se observó un efecto combinado de la profundidad del suelo y la distancia espacial, la actividad biológica disminuyó con la profundidad, aunque no se encontraron diferencias significativas entre los últimos dos estratos (*i.e.*, 10–20 y 20–40 cm); simultáneamente, se observó que la actividad disminuyó con el aumento de la distancia, siendo más evidente en las profundidades de suelo superiores (*i.e.*, 0–5 y 10–20 cm) (**Figura 3.15b**). En el caso de la huerta, también se observó una disminución gradual de la actividad biológica con el aumento de la

profundidad del suelo; a su vez, la actividad biológica de las muestras de las clases de distancia espacial A y B (0,1 y 1 m, respectivamente) fue mayor que la observada para las clases de distancia espacial C y D (10 y 32 m, respectivamente) (**Figura 3.15c**). En cuanto a la autocorrelación espacial, los tres usos del suelo presentaron autocorrelación espacial para la actividad biológica en al menos un rango de profundidad del suelo. En el suelo de bosque, se detectó autocorrelación de 8.5 m en la profundidad 10–20 cm (**Figura 3.16a**). En el pastizal la autocorrelación fue de 5.0 m en la profundidad 20–40 cm (**Figura 3.16b**). Y en el caso de la huerta, se detectó autocorrelación en las profundidades 5–10 y 10–20 cm, siendo de 1.3 y 5.7 m, respectivamente (**Figura 3.16c**).

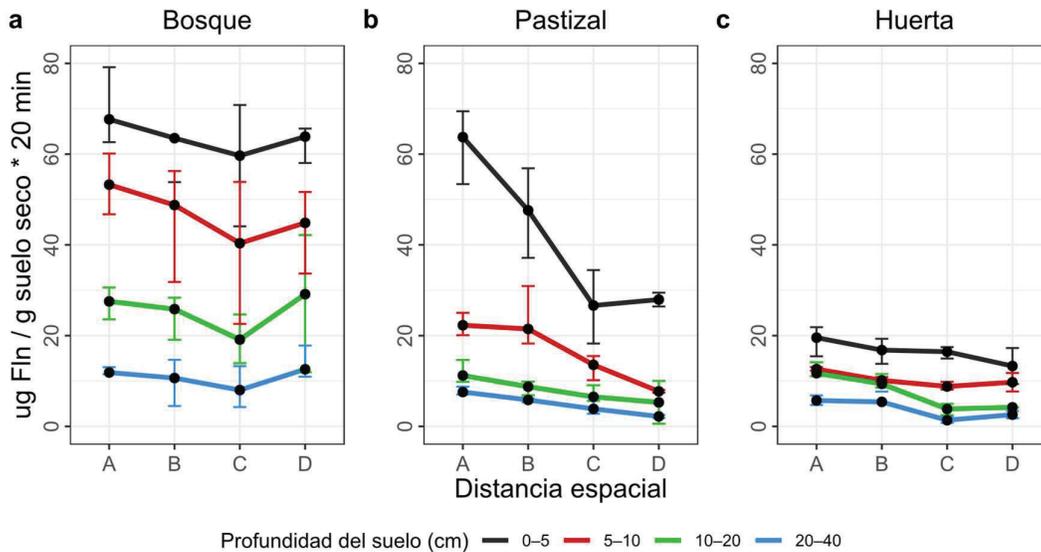


Figura 3.15. Efecto de la profundidad del suelo y la distancia espacial sobre la actividad biológica en el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c). A = 0.1 m, B = 1 m, C = 10 m y D = 50 m en bosque, 46 m en pastizal y 32 m en huerta.

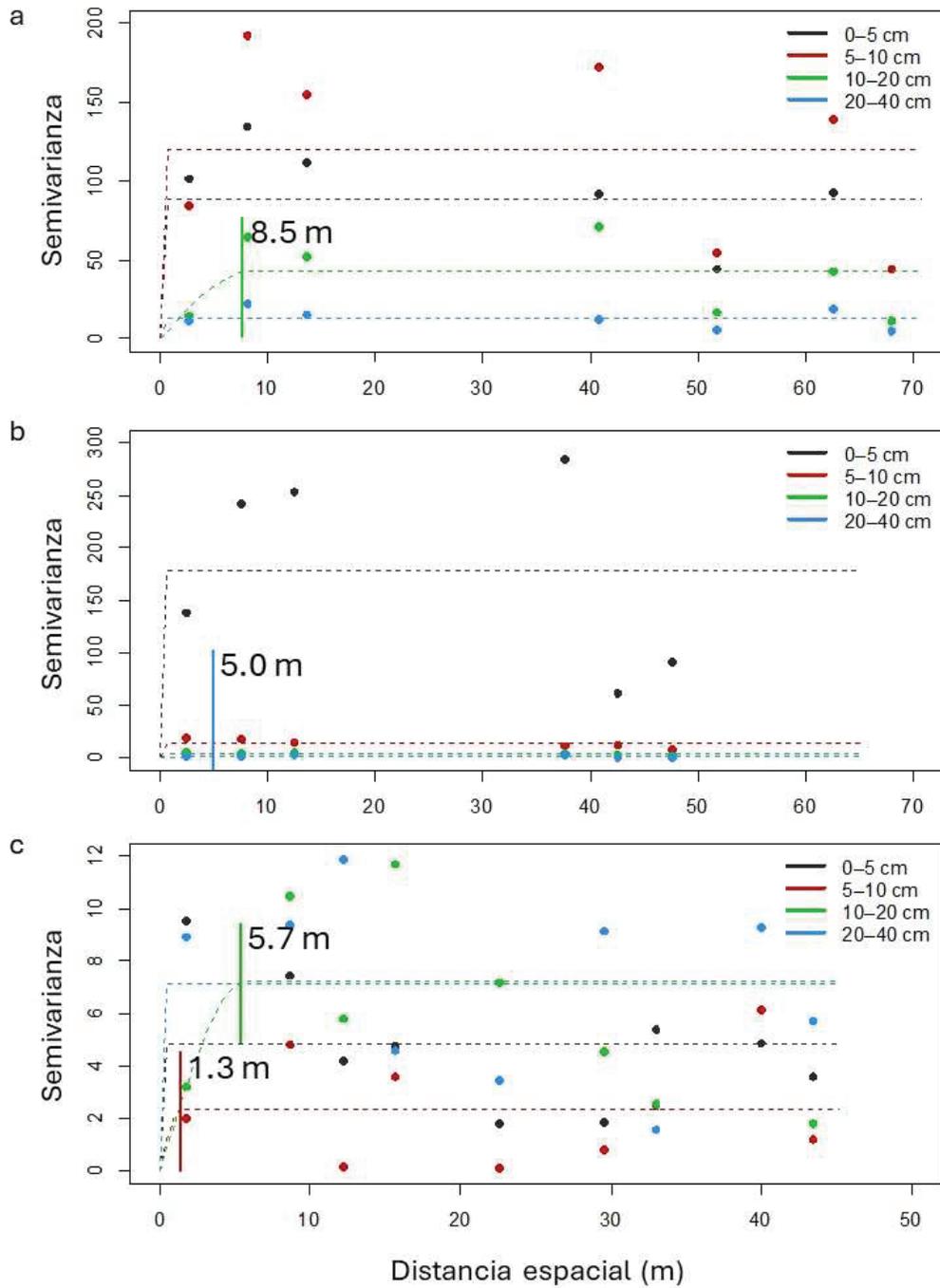


Figura 3.16. Patrones de variación microambiental de la actividad biológica. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la actividad biológica en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales indican el límite de la dependencia espacial y el valor del rango práctico correspondiente en los casos en que existe autocorrelación.

3.3.1.3 α -diversidad

La α -diversidad se vio afectada significativamente por la distancia espacial en el suelo de bosque y huerta. Por el contrario, no se detectó ningún efecto de la profundidad o de la interacción profundidad \times distancia espacial en el bosque, pastizal o huerta (**Tabla A5**). En el bosque, se detectaron valores más bajos de riqueza, índices de Shannon–Wiener e InvSimpson para la distancia espacial clase A que para la clase D; mientras que se detectaron valores más bajos de Faith PD para la distancia espacial clase A que para la clase C (**Tabla 3.3**). En contraste, los valores más altos de los índices de α -diversidad en la huerta se detectaron para las clases de distancia espacial A y B que para la clase D, con valores intermedios para la distancia espacial C (**Tabla 3.3**). No se detectó efecto de la distancia espacial en los índices de α -diversidad para el pastizal (**Tabla A5**). La riqueza mostró autocorrelación espacial de 8,3 m en el bosque entre muestras de la profundidad 20–40 cm y de 7,6 m en el pastizal entre las muestras de 5–10 cm de profundidad del suelo (**Figura 3.17a–b**). Un patrón equivalente se detectó para los índices de Shannon–Wiener e InvSimpson (**Figura A12, Figura A13**). De manera similar, el índice Faith PD mostró autocorrelación espacial en el bosque a 8,7 m entre las muestras de 20–40 cm de profundidad y en el pastizal a 7,5 m entre las muestras de 5–10 cm de profundidad del suelo (**Figura 3.17d–e**). La autocorrelación espacial en la huerta solo se detectó para el índice de Shannon–Wiener a 12,3 m entre muestras de 5–10 cm de profundidad del suelo (**Figura A12**).

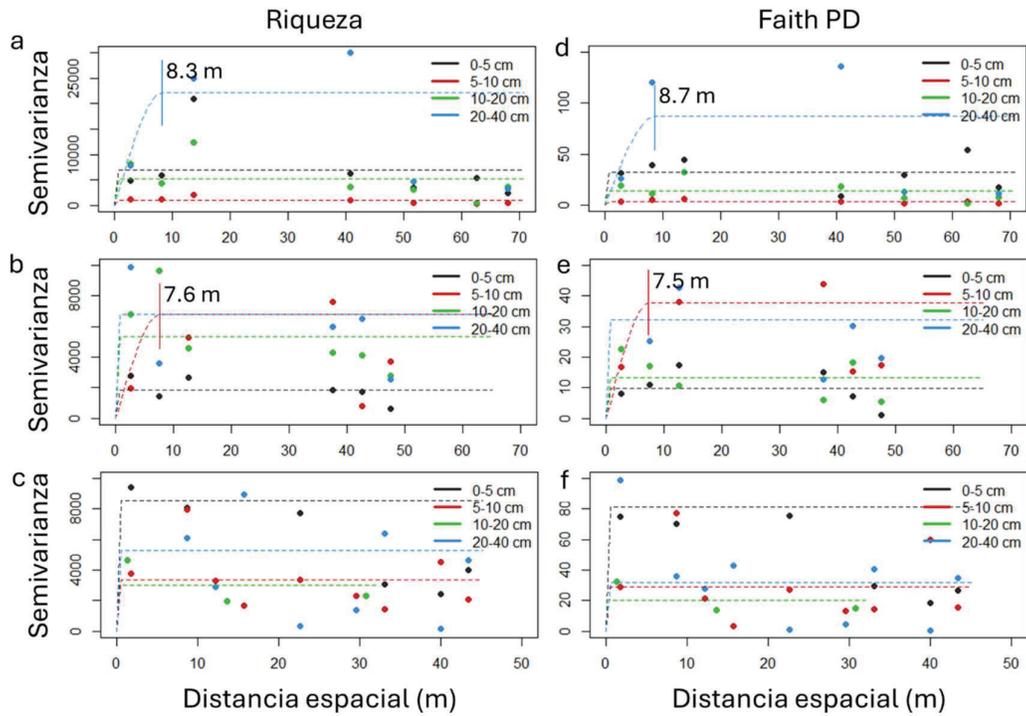


Figura 3.17. Patrones de variación microambiental de la α -diversidad. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para los índices de riqueza (a–c) y Faith PD (d–f) en suelos de bosque (a, d), pastizal (b, e) y huerta (c, f). Las líneas verticales indican el límite de la dependencia espacial y el valor del rango práctico correspondiente en los casos en que existe autocorrelación. Las figuras a–f se proporcionan en mayor resolución como **Figura A14** y **Figura A15**.

Tabla 3.3. Valor medio de los índices de α -diversidad según clases de distancia espacial en suelos de bosque, pastizal y huerta.

Uso del suelo (n° muestras)	Índice de α -diversidad	Clases de distancia espacial*			
		A	B	C	D
Bosque (47)	Riqueza (n° de ASV)	209.83 ^a	281.92 ^{ab}	308.73 ^{ab}	323.08 ^b
	Shannon–Wiener	5.05 ^a	5.38 ^{ab}	5.43 ^b	5.54 ^b
	InvSimpson	138.31 ^a	186.35 ^{ab}	209.38 ^{ab}	221.32 ^b
	Faith PD	24.68 ^a	28.77 ^{ab}	29.68 ^b	30.22 ^b
Pastizal (42)	Riqueza (n° de ASV)	238.82 ^a	268.5 ^a	303.73 ^a	225.63 ^a
	Shannon–Wiener	5.21 ^a	5.25 ^a	5.44 ^a	5.14 ^a
	InvSimpson	153.61 ^a	174.53 ^a	202.19 ^a	145.01 ^a
	Faith PD	26.79 ^a	27.34 ^a	30.10 ^a	25.26 ^a
Huerta (41)	Riqueza (n° de ASV)	271.33 ^a	248.58 ^a	174.5 ^{ab}	121.71 ^b
	Shannon–Wiener	5.30 ^a	5.17 ^a	4.71 ^{ab}	4.47 ^b
	InvSimpson	176.80 ^a	157.60 ^a	110.79 ^{ab}	74.68 ^b
	Faith PD	36.03 ^a	33.51 ^a	25.37 ^{ab}	20.14 ^b

*Letras diferentes indican diferencias significativas ($p < 0,05$) según comparaciones múltiples no paramétricas por pares mediante la prueba post-hoc de Dunn. Los valores informados para cada índice en cada uso del suelo y distancia espacial incluyen datos de todas las profundidades del suelo, ya que no se detectó ningún efecto de la profundidad o interacción entre profundidad y distancia espacial para la α -diversidad.

3.3.1.4 β -diversidad

El PCoA para la matriz de distancias de Bray–Curtis solo explica una media del 7,4% de la variación de los datos cuando se consideran las dos primeras dimensiones para los tres usos (**Figura A16a–c**), para explicar al menos el 50% de la variación necesitarían considerarse ~17 dimensiones. En el caso del PCoA para la matriz de distancia UniFrac ponderada, las dos primeras dimensiones explican una media del 36% de la variación de los datos en los tres usos (**Figura A16d–f**) y se deberían considerarse ~5 dimensiones para explicar el 50% de la variación de los datos. En términos generales, se detectó una tendencia a una mayor estructuración de la comunidad microbiana en el bosque que en el pastizal o la huerta. El PERMANOVA reveló un efecto significativo de la profundidad del suelo y la

distancia espacial en la β -diversidad, mientras que no se detectó ningún efecto por su interacción. Los patrones de variación microambiental fueron diferentes entre los usos del suelo (**Tabla A5**). En el bosque, la composición de la comunidad microbiana del suelo solo se vio afectada por la profundidad, mientras que, en el pastizal y la huerta, se observó efecto tanto de la profundidad del suelo como de la distancia espacial. El contraste por pares reveló que en el bosque el recambio de la comunidad microbiana fue similar entre las profundidades del suelo, siendo más fuerte cuando se consideró la distancia filogenética (**Figura A17**). En cambio, en el pastizal y la huerta, el recambio de la comunidad microbiana solo se detectó entre algunas profundidades del suelo o distancia espacial, siendo los patrones más fuertes cuando se consideró la distancia filogenética (**Figura A17**). En el pastizal se detectaron diferencias significativas principalmente a 10–20 cm de profundidad del suelo; mientras que en la huerta las profundidades estadísticamente diferentes fueron 0–5 y 20–40 cm. En cuanto al recambio de la comunidad microbiana entre las clases de distancia espacial, las clases A (0,1 m) y C (10 m) difirieron significativamente en el pastizal, mientras que en la huerta las diferencias significativas se encontraron entre las clases A (0,1 m) y D (32 m).

En el bosque, la prueba de Mantel secuencial no mostró correlación entre la matriz de Bray–Curtis y la matriz de distancia espacial euclidiana (**Tabla 3.4**). El mismo resultado se obtuvo para la matriz UniFrac ponderada (**Tabla 3.4**). En cambio, para el pastizal y la huerta, la matriz de distancia espacial euclidiana mostró una fuerte correlación positiva con ambas matrices (Bray–Curtis y UniFrac ponderada) para distancias superiores a 1,4 m. Incluso para el pastizal, la correlación para la matriz de Bray–Curtis fue significativa a distancias menores de 1,4 m (**Tabla 3.4**). Por lo tanto, el análisis de correlación entre las matrices de β -diversidad (Bray–Curtis y UniFrac ponderada) y la distancia espacial no estuvo influenciada por las diferencias en la distancia espacial máxima de muestreo entre los usos del suelo.

Globalmente no se detectaron correlaciones significativas entre las matrices de β -diversidad y distancia espacial en el bosque, excepto por la correlación negativa para la matriz UniFrac ponderada a 0–5 y 20–40 cm de profundidad del suelo (**Figura 3.18**). En contraste, tanto la matriz de Bray–Curtis como UniFrac

ponderada mostraron correlaciones significativas con la distancia espacial euclidiana en el pastizal y la huerta para todas las profundidades del suelo (**Figura 3.18**). En la huerta, la disimilitud de las comunidades microbianas aumentó con la distancia espacial y la correlación fue más fuerte a menores profundidades. En el pastizal, por otro lado, aunque la correlación fue más fuerte a menor profundidad, la disminución de la correlación con la profundidad también se asoció con un cambio en su sentido (de positivo a negativo). Este patrón fue más fuerte al considerar la distancia filogenética entre comunidades (**Figura 3.18b**). Para el índice del taxón más cercano (β -NTI) se detectaron patrones similares a los encontrados para UniFrac ponderado en cuanto a la variación en profundidad para cada uso del suelo; mientras que para la métrica de disimilitud de Raup–Crick (Bray–Curtis) se detectaron algunas diferencias dentro de cada uso del suelo (**Figura A18**).

Tabla 3.4. Prueba de Mantel basada en la correlación de rangos de Spearman (9999 permutaciones) de matrices de distancia de β -diversidad (Bray–Curtis y UniFrac ponderada) vs. distancia espacial euclidiana entre muestras por uso del suelo.

Uso del suelo	Variación espacial	Máx. distancia (m)	Mantel r (Bray–Curtis)	Mantel r (UniFrac)
Bosque	Puntual	0.1	0.104	0.114
	Micro	1.4	-0.197	-0.112
	Meso	14.1	0.022	0.029
	Macro	70.7	-0.091	-0.077
Pastizal	Puntual	0.1	-0.115	0.063
	Micro	1.4	0.179*	0.096
	Meso	14.1	0.319*	0.176*
	Macro	65.0	0,228*	0.191*
Huerta	Puntual	0.1	-0.084	-0.196
	Micro	1.4	0.086	0,078
	Meso	14.1	0,458*	0.501*
	Macro	45.2	0.548*	0,574*

Código de significancia: * < 0,05. Variación espacial: ‘puntual’ (muestras de distancia A), ‘micro’ (muestras de distancias A y B), ‘meso’ (muestras de distancias A, B y C), y ‘macro’ (muestras de distancias A, B, C y D).

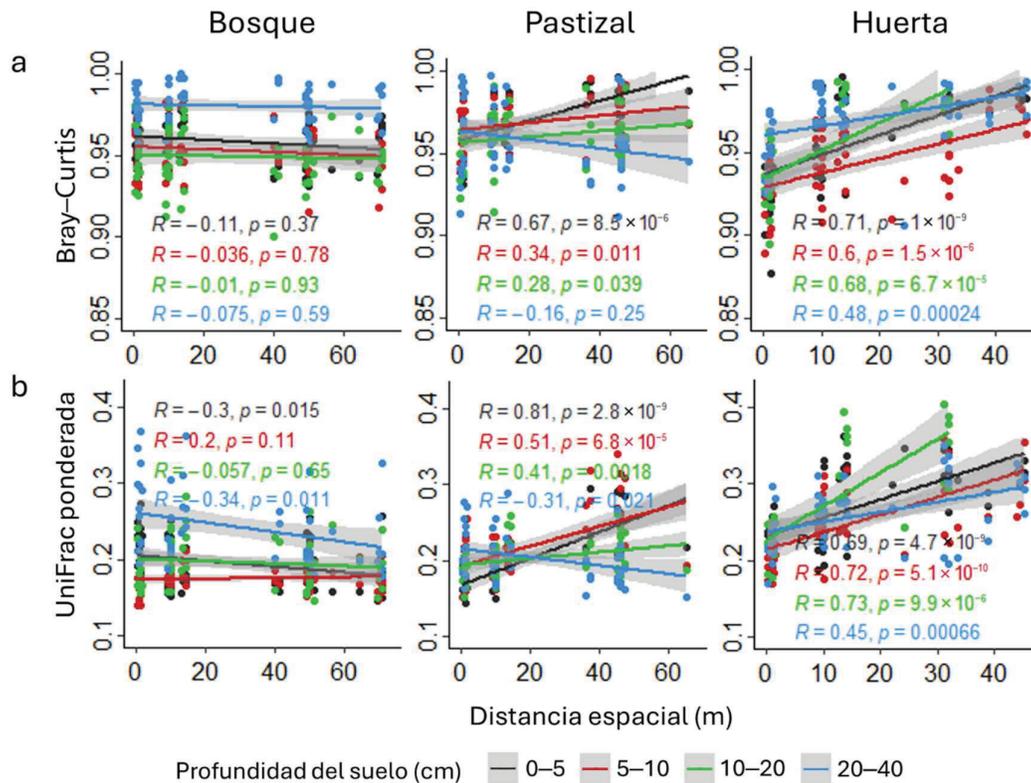


Figura 3.18. Patrones de variación microambiental de la β -diversidad. Correlación de las matrices de distancia Bray–Curtis (a) y UniFrac ponderada (b) y la matriz de distancia espacial euclidiana para cada profundidad del suelo en cada uso del suelo.

Como resultado del análisis SIMPER, se identificaron varios filos microbianos clave que jugaron un papel importante en el recambio de la comunidad microbiana entre las diferentes profundidades en el bosque, el pastizal y la huerta (**Figura 3.19**, **Figura A19**). Entre estos filos destacan Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota, Chloroflexi, Planctomycetota, Proteobacteria, Thermoplasmatota y Verrucomicrobiota. Además, Firmicutes y Myxococcota contribuyeron al recambio de la comunidad microbiana en el bosque y la huerta, mientras que Crenarchaeota contribuyó al recambio de la comunidad en el pastizal y la huerta (**Figura 3.19**). En el bosque, se observó una tendencia decreciente en la abundancia relativa de Actinobacteriota con la profundidad del suelo. Por otro lado, Firmicutes solo se detectó por debajo de los 10 cm de profundidad, y Thermoplasmatota se encontró

en profundidades entre 5 y 20 cm. En el pastizal, se observó una tendencia decreciente de los filos Bacteroidota y Myxococcota, y un aumento en los filos Crenarchaeota y Chloroflexi con la profundidad del suelo. Además, Thermoplasmatota se detectó por debajo de los 10 cm de profundidad. En la huerta, se identificó una tendencia decreciente en Myxococcota y un aumento en Acidobacteriota con la profundidad, mientras que Thermoplasmatota se encontró por debajo de los 20 cm de profundidad del suelo. Globalmente, para el primer estrato de suelo (0–5 cm) se detectó una mayor abundancia relativa de Proteobacteria y Bacteroidota, y una menor abundancia relativa de Chloroflexi en comparación con las otras profundidades. Además, se detectó una disminución en la abundancia relativa de Acidobacteria, Proteobacteria y Planctomycetota, y un aumento en Actinobacteriota, Chloroflexi, Crenarchaeota y Firmicutes en el suelo de la huerta respecto del bosque.

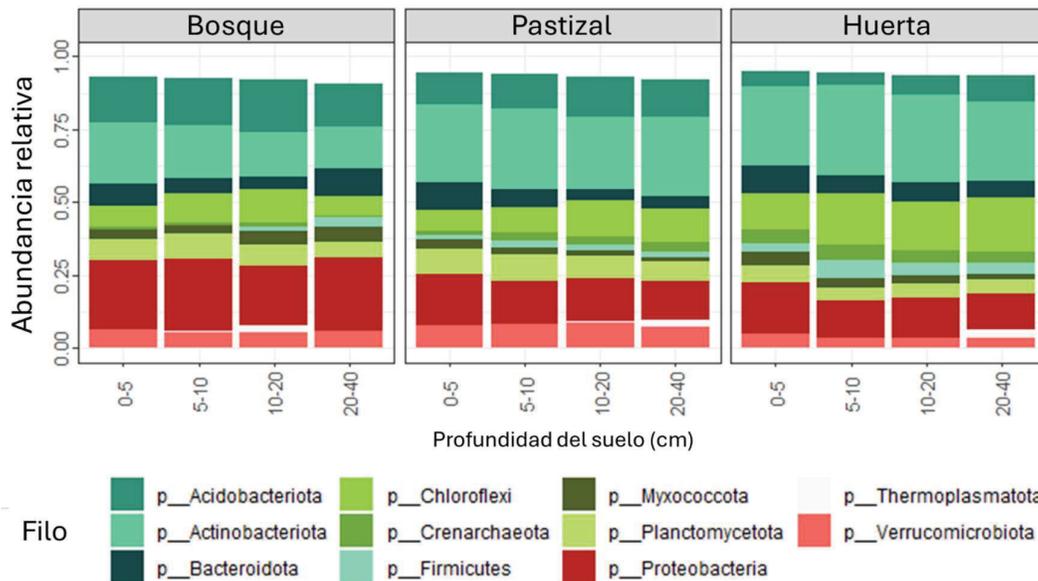


Figura 3.19. Abundancia relativa de los principales filos microbianos (resultado del análisis SIMPER) que contribuyen a la diferenciación entre profundidades del suelo en el bosque, el pastizal y la huerta.

3.3.2 Procesos que rigen el ensamblaje de la comunidad microbiana

Los procesos determinísticos, encabezados principalmente por la selección homogénea, ejercieron un dominio claro en el ensamblaje de las comunidades

microbianas en todos los usos del suelo. No obstante, se observaron diferencias en la influencia relativa de los procesos estocásticos dentro de cada uso, a lo largo de la profundidad del suelo (**Figura 3.20a**). En el caso del bosque, la limitación de la dispersión mostró el mayor impacto en el ensamblaje de la comunidad en la profundidad del suelo de 20–40 cm, mientras que los procesos no dominados influyeron en el ensamblaje en las profundidades de 0–5 y 20–40 cm (**Figura 3.20a**). En el pastizal, la limitación de la dispersión ejerció una mayor influencia en el ensamblaje de la comunidad en las profundidades de 0–5 y 5–10 cm que en las de 10–20 y 20–40 cm (**Figura 3.20a**). Mientras que, en la huerta, la contribución de estos procesos estocásticos fue importante principalmente en la profundidad de 10–20 cm (**Figura 3.20a**).

Simultáneamente, la relación entre los procesos determinísticos y estocásticos en el ensamblaje de las comunidades microbianas del suelo mostró una correlación con el pH del suelo en el pastizal y la huerta, aunque no en el bosque (**Figura 3.20b**). Sin embargo, los patrones de esta correlación exhibieron diferencias tanto para el pastizal como para la huerta. En la huerta, se observó una correlación en todas las profundidades del suelo, siendo particularmente marcada en las profundidades de 5–10 y 10–20 cm. Por el contrario, en el pastizal, la correlación fue globalmente débil en todas las profundidades del suelo y significativa solo en la profundidad de 10–20 cm. Las correlaciones positivas indican que, a medida que aumentan las diferencias en el pH del suelo, también incrementa la contribución de los procesos estocásticos en el ensamblaje de la comunidad microbiana.

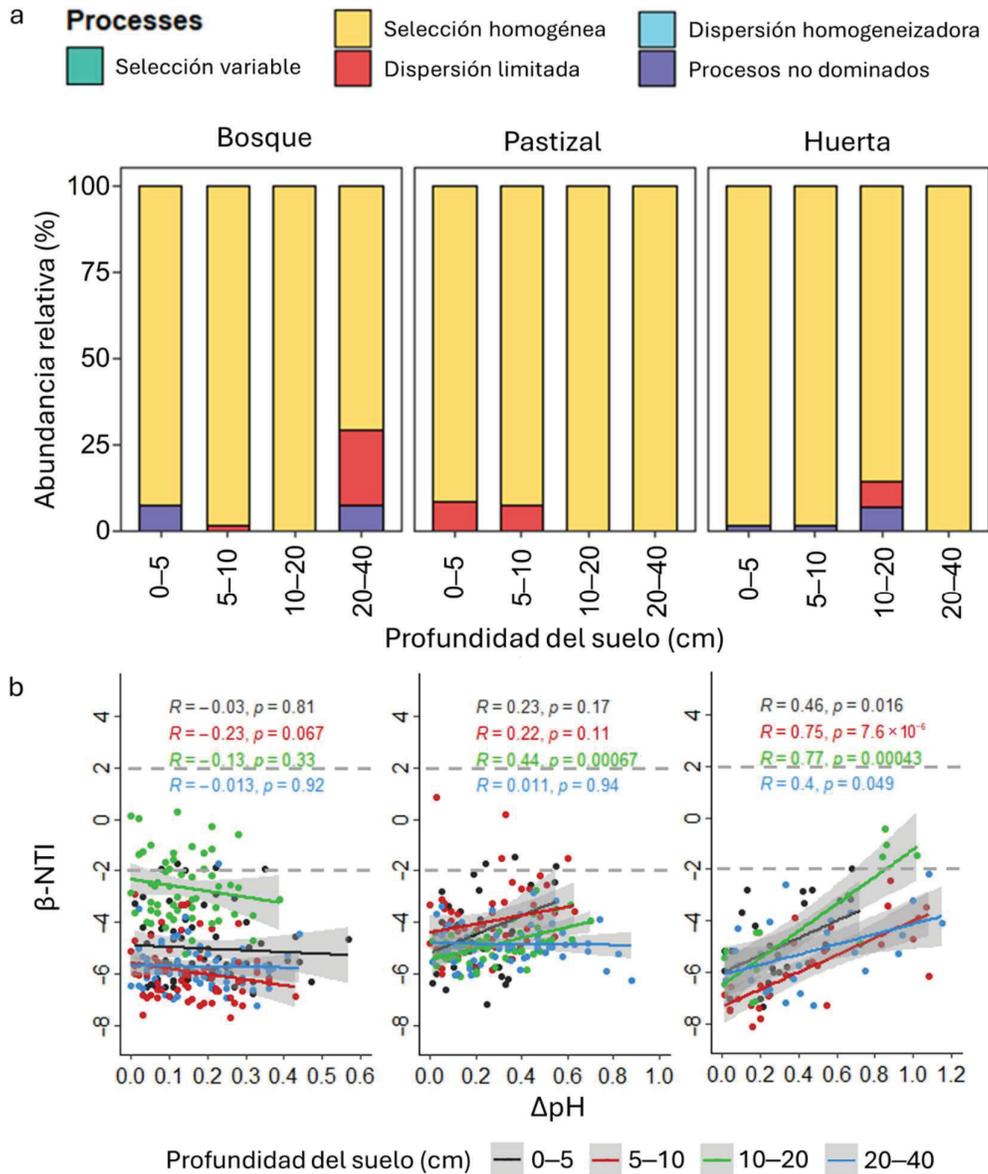


Figura 3.20. Procesos que rigen el ensamblaje de las comunidades microbianas. Contribución relativa de los procesos de ensamblaje determinísticos (selección homogénea y selección de variable), estocásticos (dispersión homogeneizadora, dispersión limitada) y procesos no dominados, sobre el recambio de la comunidad (a) y la correlación entre β -NTI y las diferencias en el pH del suelo (b) entre profundidades del suelo en el bosque, pastizal y huerta.

3.3.3 Impulsores químicos de la variación microambiental

Las pruebas de Mantel parcial mostraron fuertes correlaciones entre las variables de diversidad microbiana y las características químicas del suelo, sin embargo, se detectaron diferentes patrones para cada uso del suelo (**Figura 3.21**). En el bosque, el número de correlaciones mostró la siguiente tendencia: actividad biológica y Bray–Curtis (6) > biomasa microbiana y UniFrac ponderado (5) > PD Faith (4) > riqueza (1). En general, las correlaciones con la conductividad eléctrica (CE), el N y el C totales y la materia orgánica (MO) fueron más fuertes que las correlaciones con el pH o la relación C/N. En el pastizal, la tendencia fue UniFrac ponderado (6) > biomasa microbiana, actividad biológica y Bray–Curtis (5), aunque las correlaciones de Bray–Curtis fueron más débiles. Riqueza y PD Faith fueron las variables más débilmente correlacionadas con las propiedades químicas del suelo. Al igual que en el bosque, CE, NT, CT y MO mostraron correlaciones más fuertes que el pH y la relación C/N y sólo las variables de la β -diversidad mostraron correlaciones con el pH. En cuanto a la huerta, se detectó un patrón similar, aunque se observó correlación de PD Faith con la CE. La correlación del pH con la CE, el C total, el N total y la relación C/N mostró diferentes patrones según el uso del suelo. En comparación con el bosque, en el pastizal las correlaciones significativas fueron menores y entre diferentes características químicas (**Figura 3.21**). Comparando el bosque con la huerta, las correlaciones significativas del pH con otras variables del suelo se invirtieron completamente (de correlaciones negativas a positivas) (**Figura 3.21**). Las medias y desviaciones estándar de la caracterización química del suelo por profundidad y clase de distancia espacial se muestran en la **Tabla A6** y **Tabla A7**, respectivamente.

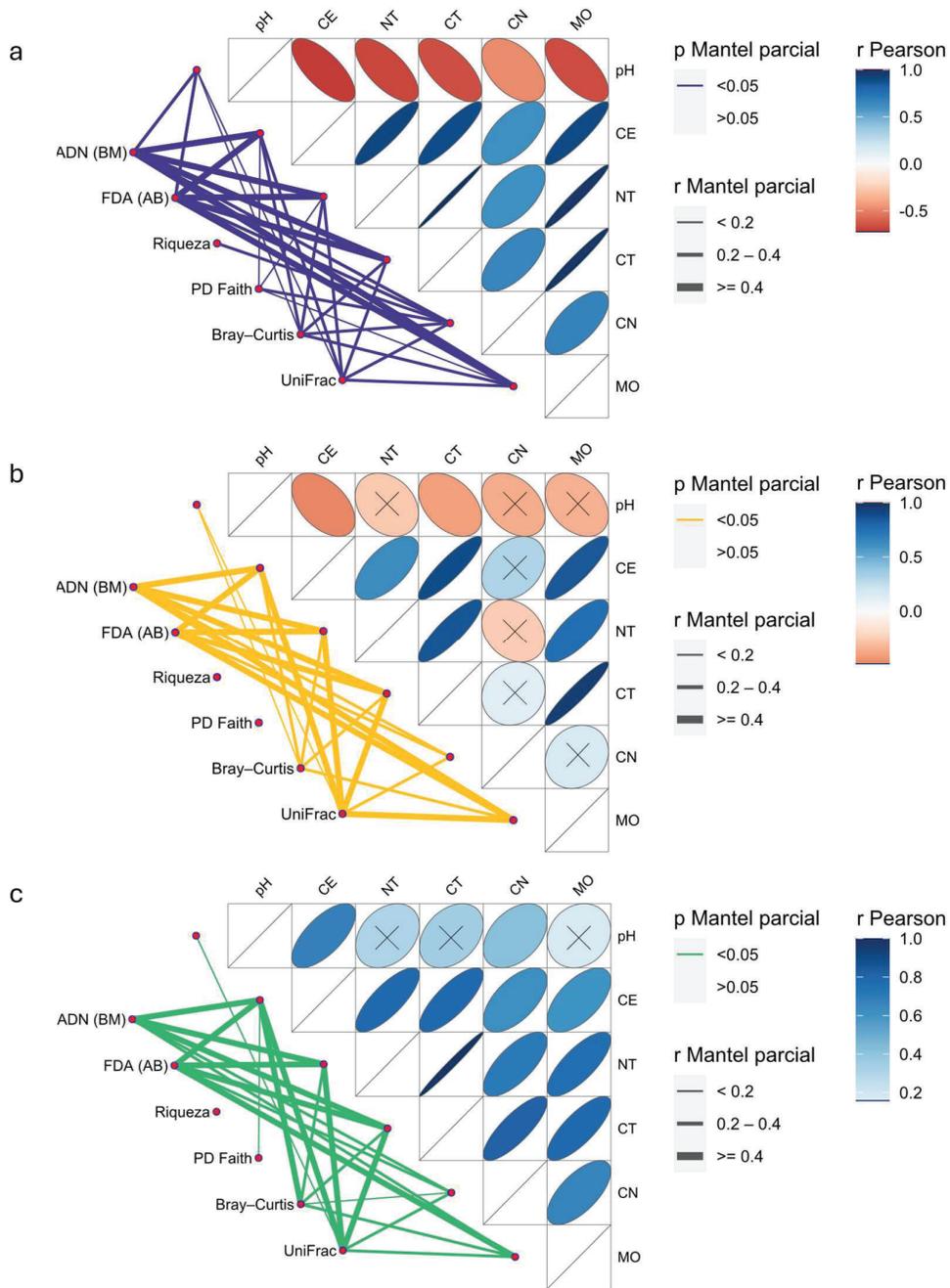


Figura 3.21. Impulsores químicos de la variación microambiental. Se correlacionaron las cuantificaciones de la extracción de ADN del suelo (biomasa microbiana), las cuantificaciones de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína (actividad biológica), de riqueza, índice PD Faith, matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderada con la matriz de distancia de características químicas del suelo para el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c),

combinando las profundidades de 0–5, 5–10, 10–20 y 20–40 cm. Las comparaciones por pares de las características del suelo se muestran con un gradiente de color que representa los coeficientes de correlación de Pearson, y las cruces indican correlaciones no estadísticamente significativas ($p > 0.01$). El ancho de la línea corresponde al estadístico r del Mantel parcial para las correlaciones correspondientes (controladas por el efecto de la matriz de distancia espacial) y el color de la línea representa la significancia estadística basada en 9999 permutaciones. CE: conductividad eléctrica; NT: nitrógeno total; CT: carbono total; CN: relación carbono/nitrógeno.

3.4 USO DE NIRS APLICADO A LAS PROPIEDADES DEL SUELO

3.4.1 Preprocesamiento y análisis multivariado de los espectros

El preprocesamiento tipo Detrend de orden 2 mostró ser efectivo para corregir la línea de base de los espectros de absorbancia crudos de las muestras de suelo (**Figura 3.22**). Los espectros por sí mismos mostraron ser capaces de separar las muestras por tipo de uso y profundidad del suelo, el PCA de los espectros explica 95,98% de la variación de los datos con las primeras dos dimensiones (**Figura 3.23**). De manera general, la Dimensión 1 separa las muestras de los estratos más superficiales del suelo de las muestras de profundidades mayores, mientras que la Dimensión 2 separa las muestras provenientes de suelo de bosque de aquellas provenientes de los otros dos usos (*i.e.*, pastizal y huerta).

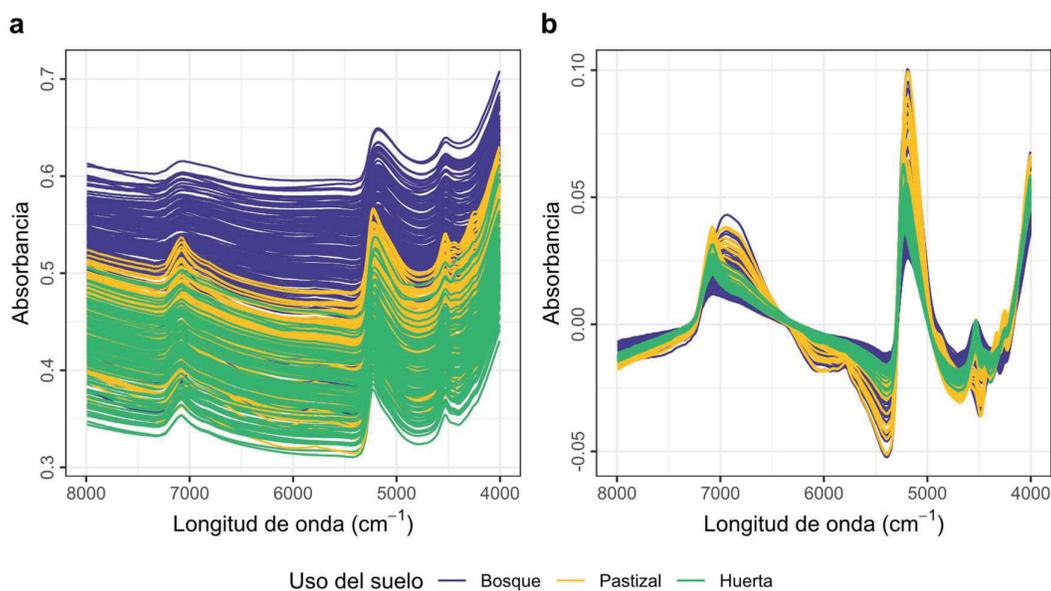


Figura 3.22. Espectros crudos (a) y efecto del preprocesamiento de tipo Detrend de orden 2 (b) de los espectros de absorbancia NIR de muestras de suelo coloreados por uso del suelo.

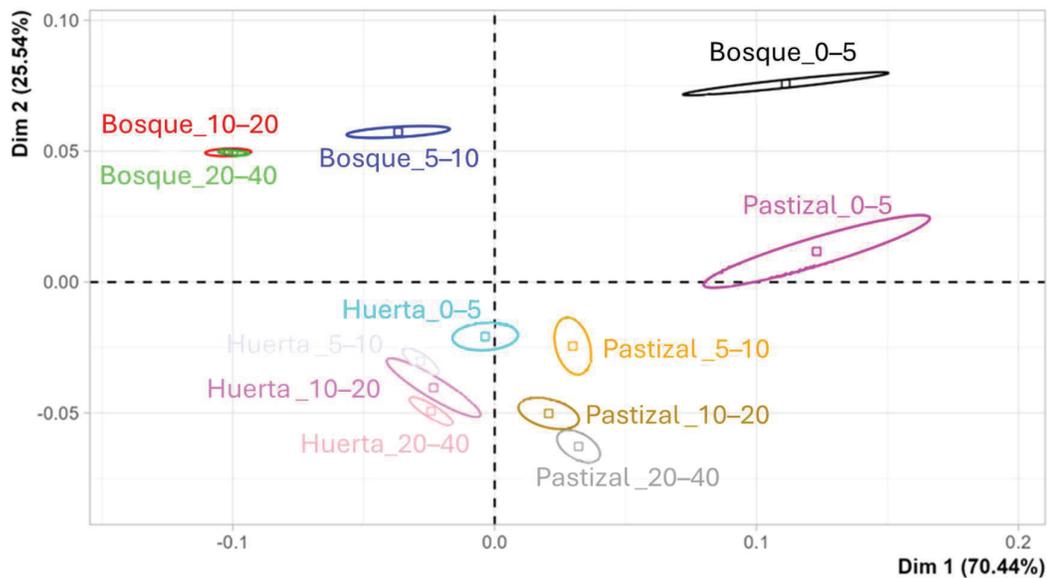


Figura 3.23. Análisis de componentes principales (PCA) a partir de los espectros NIR preprocesados (Detrend de orden 2) clasificados por tipo de uso y profundidad del suelo. Las elipses delimitan las regiones de 95% confianza para los factores de clasificación (uso del suelo × profundidad del suelo).

3.4.2 Modelado de variables biológicas

3.4.2.1 Biomasa microbiana

Se realizó el modelado de la biomasa microbiana (ADN) utilizando espectros NIRS del set de muestras de calibración. La evaluación de la capacidad predictiva del modelo se basó en la comparación entre los valores predichos y observados para la biomasa microbiana en el conjunto de muestras de validación. Los resultados demostraron una correlación significativamente alta entre los valores predichos y observados, indicando una sólida capacidad predictiva del modelo ($R^2 = 0,8$, RMSE = 4,91 μg ADN / g suelo seco) para esta variable biológica (**Figura 3.24**). Sin embargo, las muestras de suelo de bosque con los valores de biomasa microbiana más altos presentan mayor dispersión y se encuentran en general más alejadas de la bisectriz, lo que indica que la capacidad predictiva del modelo sería dependiente del tipo de uso del suelo (**Figura 3.24b**).

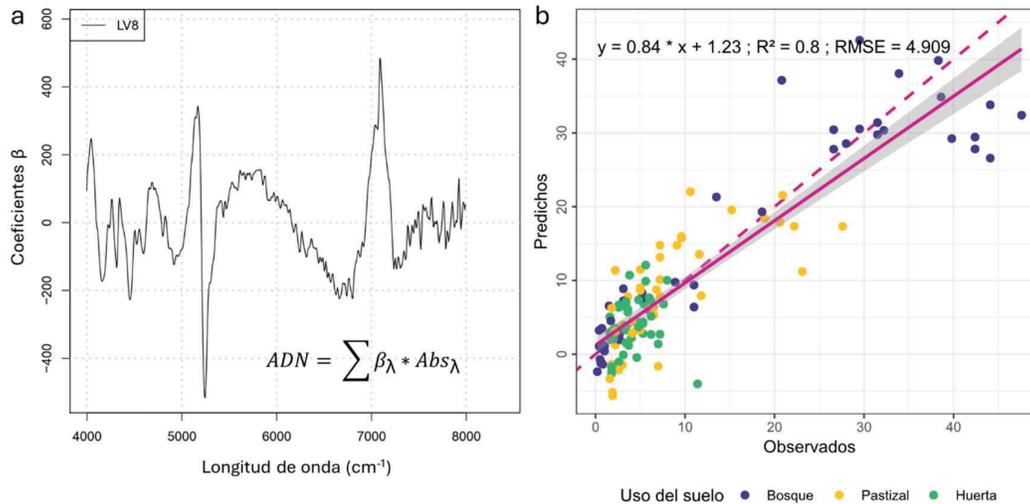


Figura 3.24. a) Modelo NIRS para la estimación de la biomasa microbiana del suelo (estimada a partir de la cuantificación de ADN extraído). Protocolo: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 variables latentes. b) Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la biomasa microbiana. La línea discontinua corresponde a la bisectriz.

3.4.2.2 Actividad biológica

De manera similar a la biomasa microbiana, los resultados demostraron una correlación significativamente alta entre los valores predichos y observados de la actividad biológica del suelo, indicando una sólida capacidad predictiva del modelo ($R^2 = 0,94$, $RMSE = 5,11 \mu\text{g fluoresceína} / \text{g suelo seco} \times 20 \text{ min}$) para esta variable biológica (**Figura 3.25**) independientemente del tipo de uso del suelo (todas las muestras de bosque, pastizal y huerta se encuentran homogéneamente distribuidas alrededor de la bisectriz).

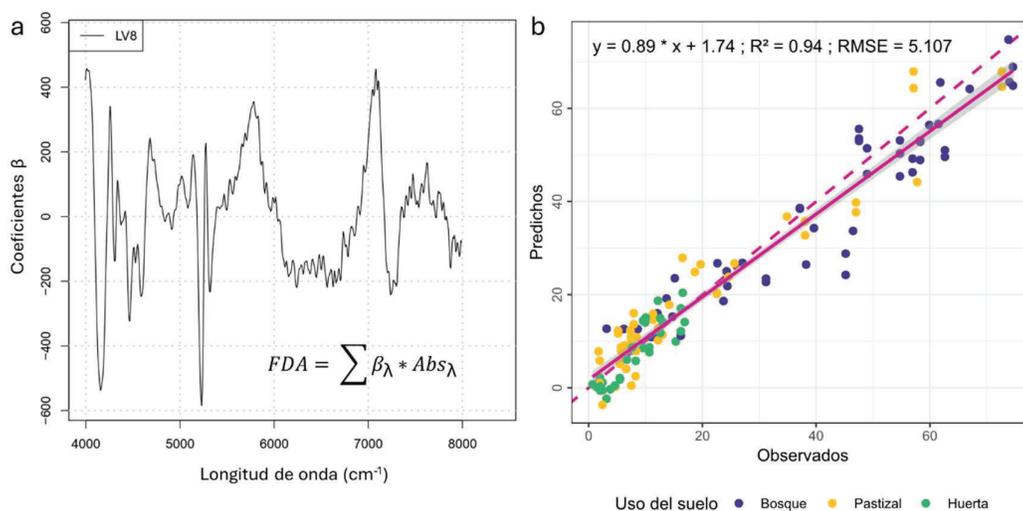


Figura 3.25. a) Modelo NIRS para la actividad biológica del suelo. Protocolo: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 variables latentes. b) Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la actividad biológica. La línea discontinua corresponde a la bisectriz.

3.4.3 Modelado de variables químicas

3.4.3.1 Materia orgánica y carbono total

En el caso de la materia orgánica del suelo y del carbono total, los resultados mostraron también una correlación significativamente alta entre los valores predichos y observados, indicando una sólida capacidad predictiva del modelo ($R^2 = 0,87$, $RMSE = 3,10 \%$ para MOS y $R^2 = 0,86$, $RMSE = 14,07 \text{ g / kg}$ suelo seco para C total) (**Figura 3.26**). En ambos casos, el desplazamiento de la regresión lineal con respecto a la bisectriz indicaría una tendencia a la subestimación por parte del modelo de los valores reales de las variables, especialmente en el rango superior (**Figura 3.26b**). Aunque, al igual que ocurre con la biomasa microbiana, las muestras de suelo de bosque presentan mayor dispersión y se encuentran en general más alejadas de la bisectriz, lo que indica que la capacidad predictiva del modelo sería dependiente del tipo de uso del suelo.

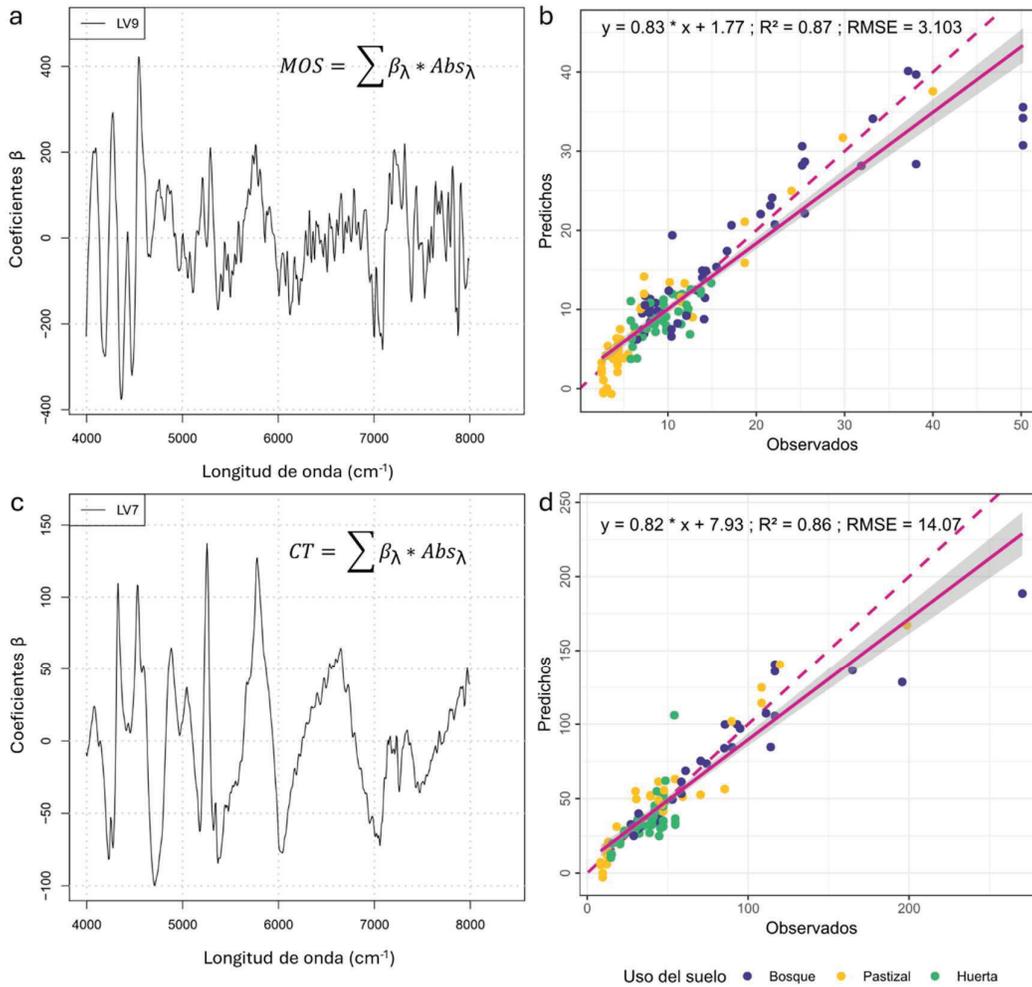


Figura 3.26. Modelo NIRS para la materia orgánica del suelo (a) y carbono total (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 9 y 7 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la materia orgánica del suelo (b) y el carbono total (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz.

3.4.3.2 Nitrógeno total y relación carbono:nitrógeno

De las propiedades del suelo evaluadas, el nitrógeno total fue la variable con la correlación más baja entre los valores predichos y observados, indicando una limitada capacidad predictiva por parte del modelo ($R^2 = 0,49$, $RMSE = 2,47$ g N / kg suelo seco) (**Figura 3.27a–b**). En comparación, cuando se evalúa el nitrógeno en el contexto de la relación carbono:nitrógeno la correlación entre los valores

observados y los predichos por el modelo es significativamente mayor ($R^2 = 0,71$, $RMSE = 0,85$) (**Figura 3.27c-d**). En ambos casos, el desplazamiento de la regresión lineal con respecto a la bisectriz es poco significativo, indicando una ausencia de tendencia a la subestimación o sobreestimación por parte del modelo y es independiente del tipo de uso del suelo (**Figura 3.27b, d**).

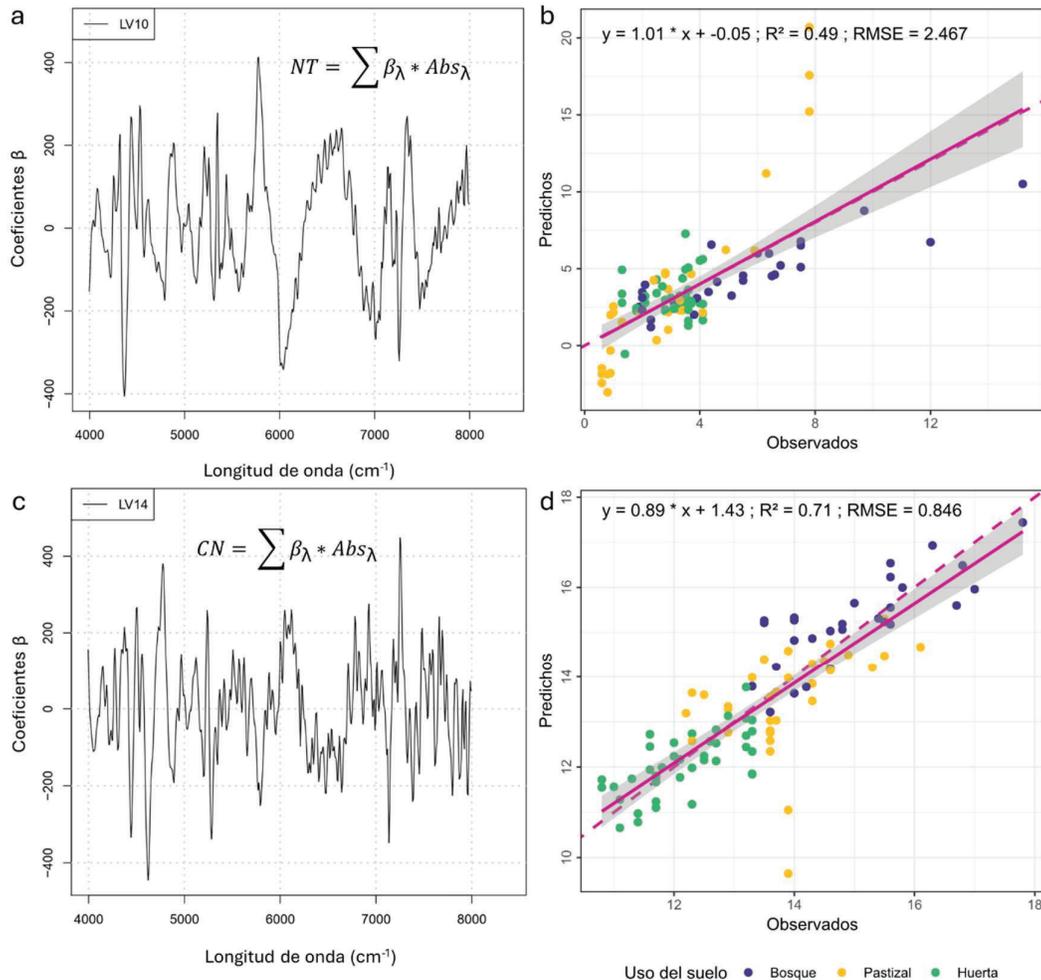


Figura 3.27. Modelo NIRS para nitrógeno total (a) y relación carbono:nitrógeno (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 10 y 14 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para el nitrógeno total (b) y la relación carbono:nitrógeno (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz.

3.4.3.3 pH y conductividad eléctrica

En el caso del pH del suelo, el resultado de la correlación entre los valores predichos y observados indica una limitada capacidad predictiva del modelo ($R^2 = 0,62$, RMSE = 0,22) (**Figura 3.28a–b**). El desplazamiento de la regresión lineal con respecto a la bisectriz indicaría una sobreestimación para los valores más bajos de pH y una subestimación para los valores más altos, este fenómeno podría estar influenciado por la distribución de los datos según el tipo de uso del suelo, por lo que la capacidad predictiva del modelo podría cambiar dependiendo del tipo de uso del suelo (**Figura 3.28b**). En contraste, la conductividad eléctrica presentó una correlación significativamente alta entre los valores predichos y observados ($R^2 = 0,78$, RMSE = 39,84 $\mu\text{S} / \text{cm}$) (**Figura 3.28c–d**). Adicionalmente, el desplazamiento de la regresión lineal con respecto a la bisectriz es poco significativo, indicando una ausencia de tendencia a la subestimación o sobreestimación por parte del modelo y es independiente del tipo de uso del suelo (**Figura 3.28d**).

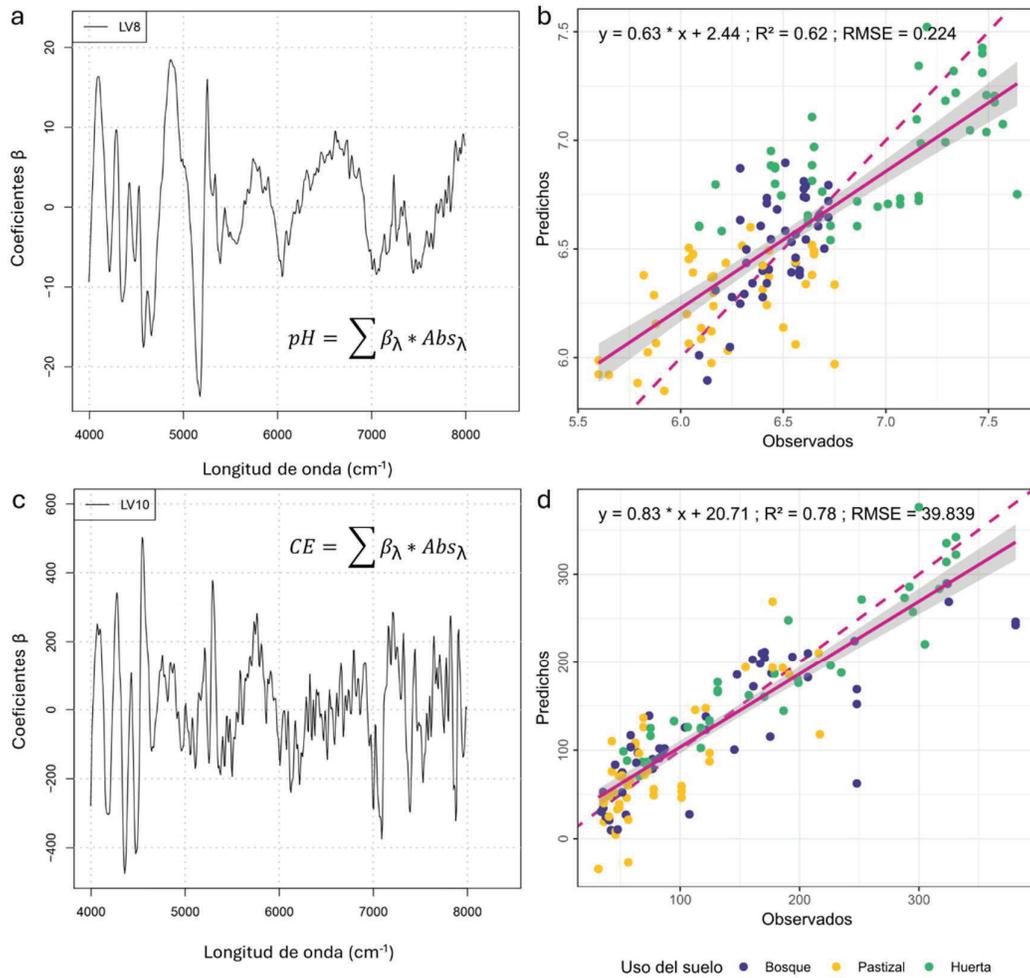
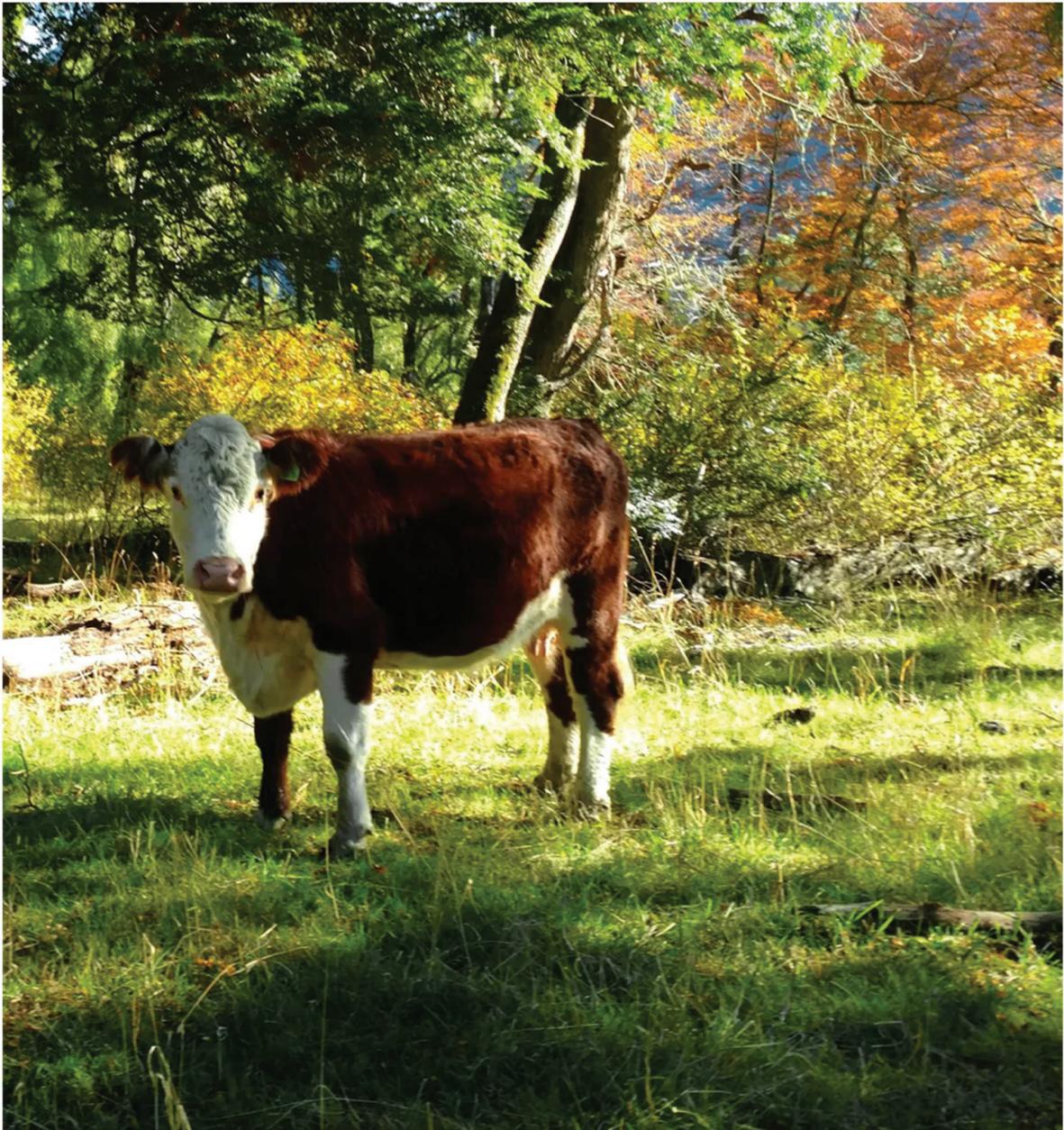


Figura 3.28. Modelo NIRS para el pH del suelo (a) y la conductividad eléctrica (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 y 10 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para el pH (b) y la conductividad eléctrica (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz.



DISCUSIÓN



4 DISCUSIÓN

La presente tesis aporta al conocimiento de los sistemas agropecuarios de Patagonia Norte en cuanto a sus características socio-ecológicas y de la microbiota edáfica. Las distintas evaluaciones se llevaron a cabo en sistemas de producción agropecuaria familiar de la Comarca Andina del Paralelo 42° (CAP42). En primera instancia, la caracterización de los sistemas agropecuarios de la CAP42 (**Objetivo Específico 1**) se realizó desde la mirada de la transición a la agroecología, evaluando los sistemas de manera multidimensional, considerando tanto los aspectos ecológicos como sociales, a partir de la valoración de los Elementos de la agroecología. Luego, para la caracterización de la microbiota del suelo se resolvió evaluar el efecto del cambio del uso del suelo (**Objetivo Específico 2**) y de la variación microambiental –profundidad del suelo y distancia espacial– (**Objetivo Específico 3**). En ambos casos, se examinaron tres dimensiones de la microbiota edáfica: abundancia, actividad biológica y diversidad genética. Por último, dado que los indicadores de salud de suelo basados en la biodiversidad edáfica son esenciales para el monitoreo de las funciones del suelo y sus servicios ecosistémicos derivados, la aplicación de nuevas metodologías que permitan realizar las mediciones de dichos indicadores de manera sencilla y económica sin perder robustez motivó la evaluación y validación de la quimiometría del infrarrojo cercano como herramienta para caracterizar las propiedades biológicas del suelo (**Objetivo Específico 4**).

La caracterización multidimensional de los sistemas agropecuarios de la CAP42 en relación con la transición a la agroecología develó un sistema socio-ecológico diverso y complejo, donde coexisten múltiples formas de producir bienes y servicios agropecuarios de manera social y ecológicamente sostenibles (cf. **Sección 3.1**). Sin embargo, a pesar de que estos sistemas podrían considerarse «ambientalmente amigables» por sus prácticas ecológicas de manejo del suelo, los resultados hallados durante este trabajo de tesis revelan que la microbiota edáfica se ve afectada por el cambio del uso del suelo, así como también varía a escala microambiental y que estos patrones de variación difieren según el tipo de uso del suelo. En términos generales, se encontró que las diferencias en los valores de las distintas propiedades biológicas del suelo evaluadas se magnifican con el aumento

de la intensidad de manejo del suelo cuando se las compara con sus valores en un bosque nativo (cf. **Sección 3.2**) y que la profundidad del suelo y la distancia espacial son factores importantes que regulan la variación microambiental de dichas propiedades (cf. **Sección 3.3**). Al mismo tiempo, se encontró que el efecto de la profundidad del suelo y la distancia espacial sobre las variables biológicas diferían en distintos usos del suelo. Mientras que todas las propiedades biológicas (a excepción de la α -diversidad) mostraron ser afectadas por el cambio de uso del suelo, en términos de la variación microambiental se observó que ciertas variables son más sensibles a la profundidad del suelo (*i.e.*, la biomasa microbiana), otras no se vieron afectadas por la profundidad, pero sí por la distancia espacial (*i.e.*, α -diversidad) y las variables más complejas se vieron afectadas tanto por la profundidad del suelo como por la distancia espacial (*i.e.*, actividad biológica y β -diversidad) (**Tabla 5**). En consecuencia, se resalta la importancia de abordar la caracterización de la microbiota desde una perspectiva multidimensional. En este aspecto, la espectrometría del infrarrojo cercano podría convertirse en una gran aliada, a la luz de los resultados obtenidos, permitió modelar y predecir varias de estas propiedades del suelo (*e.g.*, biomasa microbiana, actividad biológica, materia orgánica) de manera efectiva, rápida y económica (cf. **Sección 3.4**).

Tabla 5. Resumen de los efectos del cambio del uso del suelo y la variación microambiental sobre las propiedades biológicas del suelo.

Objetivo	Factor	Abundancia	Actividad biológica	Diversidad	
				α	β
OE2	Uso del suelo	✓✓✓	✓✓✓	—	✓✓✓
OE3 Variación microambiental	Profundidad	✓✓	✓✓	—	✓✓
	Distancia espacial	—	✓	✓	✓

4.1 Sistemas agropecuarios de la Comarca Andina del Paralelo 42

En términos generales, la Comarca Andina del Paralelo 42° mostró un grado de transición hacia la agroecología relativamente avanzado en comparación con otros sitios de Argentina (Lucantoni, Casella, et al., 2022; Sokolowski et al., 2023) o incluso con otras zonas de Patagonia Norte por fuera de la CAP42 (Álvarez et al., 2019; Hara et al., 2019). Por ejemplo, Lucantoni et al. (2022) informaron un valor promedio de CAET para el Área Metropolitana de Rosario de 49%, significativamente menor al 66% de la CAP42; y ésta diferencia es aún más marcada si se comparara con el CAET de 46% de los sistemas hortícolas del cinturón verde de Florencio Varela reportado por Sokolowski et al. (2023), considerando que los sistemas exclusivamente hortícolas de la CAP42 mostraron un CAET de ~70% (cf. **Figura 3.2**). Sin embargo, es importante recordar que los sistemas agropecuarios de la CAP42 se caracterizan por la diversificación productiva y están fuertemente influenciados por el patrimonio indígena/campesino y las prácticas de manejo tradicionales –similares a las prácticas agroecológicas– así como por la alta biodiversidad del entorno natural. Esto contrasta con el cinturón verde de Buenos Aires o Rosario caracterizados por décadas de producción intensiva, ubicados dentro de áreas metropolitanas que en conjunto hospedan a casi el 34% de la población argentina (Instituto Nacional de Estadística y Censos, 2023). A escala global, la CAP42 también se encuentra entre los sitios que poseen mayor grado de transición agroecológica entre otras regiones evaluadas mediante la TAPE (**Figura 4.1, Tabla A8**) (Anthonioz, 2022; Barrios Latorre et al., 2023; Dosso et al., 2024; El Mujtar et al., 2023; Hansdotter, 2022; Horstink et al., 2023; James, Blesh, et al., 2023; Lucantoni et al., 2023; Marino et al., 2024; Tapsoba et al., 2023; Verkuil et al., 2024; Wordofa et al., 2024).

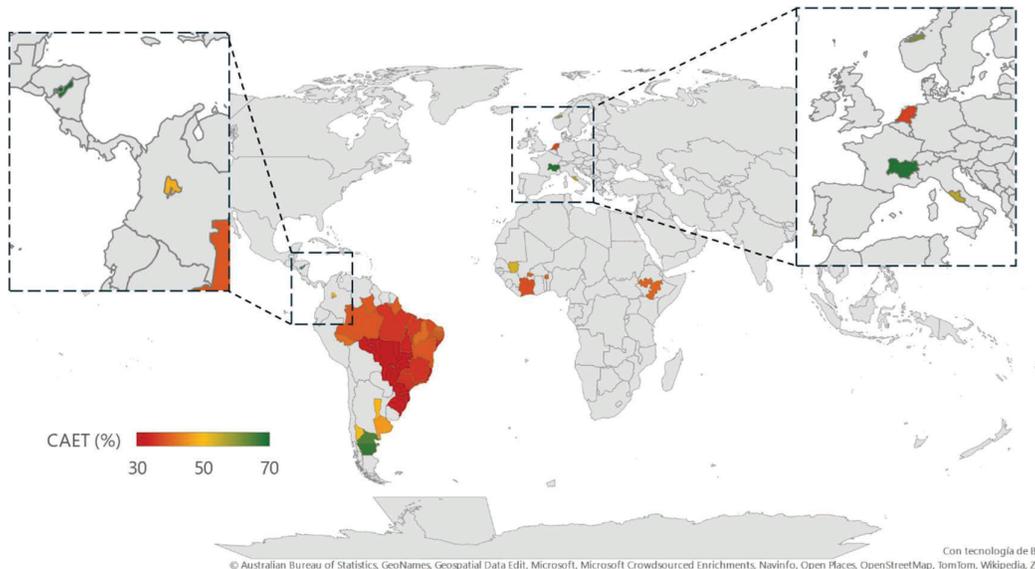


Figura 4.1. Grado de transición a la agroecología expresado como % CAET reportados en publicaciones que aplicaron la TAPE. La Comarca Andina del Paralelo 42° se encuentra aquí representada por las provincias de Río Negro y Chubut. Los valores CAET reportados para Brasil corresponden a la evaluación del 47% de los índices de la TAPE.

Las tipologías generadas durante el análisis de los datos (cf. **Tabla 3.1**, **Tabla 3.2**) sugieren que la transición agroecológica en la CAP42 comienza (y/o avanza) desde la «mejora» de los aspectos sociales y de entorno favorable antes que desde los de manejo o innovación dentro de la finca. La componente «movimiento» dentro de la premisa de la agroecología entendida como «ciencia, práctica y movimiento» (Wezel et al., 2009) parece tomar relevancia para la CAP42. Este patrón es explicado en parte por la relación de sus habitantes con el movimiento «hippie», la cosmovisión del «buen vivir» y la producción agropecuaria como un estilo de vida ligado a los ciclos de la naturaleza (da Silva Araujo, 2021; James, Wolff, et al., 2023). Barrios et al. (2020) proponen que el vínculo consumidor–mercados–salud – visualizado a través del Elemento *Economía Circular y Solidaria*– es uno de los puntos clave de entrada hacia la transición a la agroecología, explicado por una creciente demanda de alimentos diversificados, nutritivos y más seguros por parte de los consumidores. Estos cambios requerirían diversificación de la oferta a través de sistemas agropecuarios diversificados que, además de contribuir con una gama más

amplia de productos, reducen la necesidad de insumos externos como resultado de una mayor eficiencia en el uso de recursos (**Figura 4.2**).

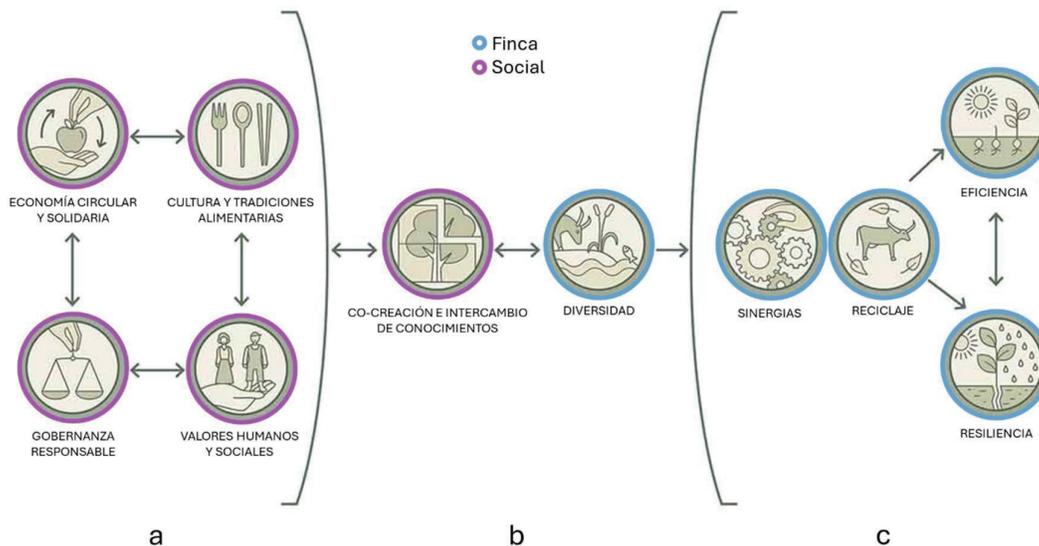


Figura 4.2. Trayectoria de transición agroecológica impulsada por el vínculo consumidores-mercados-salud propuesta por Barrios et al. (2020). De manera simplificada, las etapas pueden dividirse en a) demanda del consumidor determinada por sus características socio-culturales, b) interacción entre la demanda y la oferta y c) rediseño de la finca para responder a la demanda.

Otra característica de la CAP42 que sustenta lo anterior, es la relevancia de la presencia de la mujer como tomadora de decisiones dentro de la finca en relación con el mayor grado de transición a la agroecología (cf. **Figura 3.2**). A nivel mundial, las mujeres han sido identificadas como líderes de proyectos de agroecología (FAO, 2014; Seibert et al., 2010; Trevilla Espinal et al., 2021), principalmente motivadas por el deseo de cultivar alimentos sanos –diversos, nutritivos y seguros– para sus familias y comunidades, y el mantenimiento a largo plazo del ciclo de vida de los ecosistemas naturales y agropecuarios (Gomori-Ruben & Reid, 2023; Laborda et al., 2019, 2023; Wells & Gradwell, 2001). En consecuencia, este tipo de trayectorias consumidores–mercados–salud podrían estar ocurriendo en la CAP42, con la particularidad de que –dada la importancia de la producción destinada a autoconsumo– la demanda y la oferta confluyen en gran medida sobre las mismas personas.

Estos resultados en su conjunto, sumado al estrecho vínculo entre las familias productoras con extensionistas e investigadores de instituciones como el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) o la Universidad Nacional de Río Negro (UNRN) y otras organizaciones gubernamentales o de la sociedad civil, sugieren que la CAP42 se podría posicionar como un «laboratorio vivo» agroecológico, es decir, «un ecosistema de innovación abierta centrado en los/las productores/as agropecuarios, basado en un enfoque sistemático de co-creación con los/las productores/as, integrando procesos de investigación e innovación en comunidades y entornos de la vida real» (Fernández et al., n.d.; Kiseleva, 2021; Lucchesi, 2019; Trivellas et al., 2023).

4.1.1 Eligiendo un método de análisis: Arquetipos vs. Reinert

Categorizar la diversidad de hogares rurales con respecto a su grado de transición a la agroecología, y a sus características estructurales y funcionales, requiere de métodos capaces de sintetizar y representar tal diversidad. En esta tesis se han utilizado al análisis de arquetipos y el análisis de clasificación jerárquica descendente por el método de Reinert, que difieren fundamentalmente en la forma en que se manejan los datos (cf. apartado **2.2.2**). Mientras que en el análisis de arquetipos los datos se mantienen como variables continuas (Cutler & Breiman, 1993), en el análisis de Reinert estos se reducen a un número predefinido de categorías (Reinert, 1983). Esta distinción conlleva ventajas y desventajas particulares para cada método. El análisis de arquetipos ofrece una mayor precisión en la medición y la capacidad de identificar patrones sutiles en los datos, lo que puede ser especialmente útil para capturar la complejidad de los fenómenos estudiados. Sin embargo, esta característica también hace que sea un método más sensible a errores o sesgos de medición y que la interpretación de los resultados pueda volverse más compleja. Por contraste, el análisis de clasificación jerárquica descendente por el método de Reinert permite agrupar los datos en categorías fácilmente interpretables, lo que puede simplificar su análisis y comprensión. Esta característica lo hace menos susceptible a errores o sesgos de medición, lo que lo convierte en una opción atractiva cuando se prioriza una interpretación clara y directa de los datos. Sin embargo, este método puede pasar por alto la complejidad

inherente a los datos y no ser adecuado para conjuntos de datos con una alta dimensionalidad o relaciones más sutiles entre las variables.

En resumen, la elección entre análisis de arquetipos y análisis de clasificación jerárquica descendente por el método de Reinert depende de las necesidades y objetivos específicos del estudio, así como de la naturaleza y complejidad de los datos disponibles. En el caso específico de su aplicación en la definición de tipologías en torno a la transición a la agroecología –o al uso de la TAPE en particular–, ambos análisis fueron eficientes y congruentes entre sí en identificar los diferentes arreglos de los Elementos de la agroecología que permiten caracterizar a los sistemas agropecuarios de la CAP42 (cf. **Tabla 3.2**). En consecuencia, para este tipo de estudio, la principal razón para realizar un análisis de arquetipos en lugar de aplicar el método de Reinert es la necesidad de identificar diferencias sutiles entre fincas. Mientras que la principal razón para optar por el método de Reinert frente al análisis de arquetipos es identificar fincas que pertenezcan a una clase de manera inequívoca (los arquetipoides en el análisis de arquetipos), a fin de utilizarlos en estudios subsiguientes. Por las características particulares de los datos, todas o la mayoría de las fincas aparecieron como combinaciones intermedias de los arquetipos encontrados; sin embargo, incluso en ese caso, existen modificaciones al análisis de arquetipos que podrían aplicarse, como lo es el análisis de arquetipoides (Epifanio, 2016; Vinué et al., 2015).

4.2 Efecto del cambio del uso del suelo y de la variación microambiental en la microbiota edáfica

Los resultados hallados durante este trabajo de tesis mostraron un efecto diferencial del cambio de uso del suelo sobre sus propiedades químicas y biológicas. Para representar la variabilidad ambiental generada por cambios en el uso y manejo del suelo, se propuso como marco conceptual y como guía para el diseño experimental a un Modelo de Estados y Transiciones (MET) que representa los principales estados y regímenes del ecosistema localmente (**Figura 4.3a**). La materia orgánica del suelo sufrió una significativa disminución en todos los estados alternativos con respecto al bosque nativo de referencia (**Figura 4.3b**), mientras que no se observaron efectos del cambio de uso del suelo sobre la diversidad genética

de la microbiota (**Figura 4.4**). Al mismo tiempo, las propiedades biológicas – considerando las tres dimensiones para la caracterización de la microbiota edáfica– mostraron diferentes patrones entre sí. La actividad biológica es la variable que presenta un comportamiento con mayor grado de similitud al propuesto en el MET, seguida por la abundancia –dónde se observa una inversión en las posiciones del pastizal y la frambuesa– (**Figura 4.4**). La constancia en la α -diversidad a través de todos los usos del suelo estudiados podría indicar un cierto grado de resiliencia en el mantenimiento del *pool* genético de las comunidades de la microbiota, aunque la capacidad estructural (por la disminución de la abundancia de microorganismos y/o la variación de la β -diversidad) y funcional (por la disminución de la actividad biológica) podría verse comprometida bajo ciertas prácticas de manejo (Gomez et al., 2004). Esto resalta la importancia de considerar múltiples dimensiones en el estudio de la microbiota del suelo para una evaluación integral de los efectos del cambio del uso y manejo del suelo.

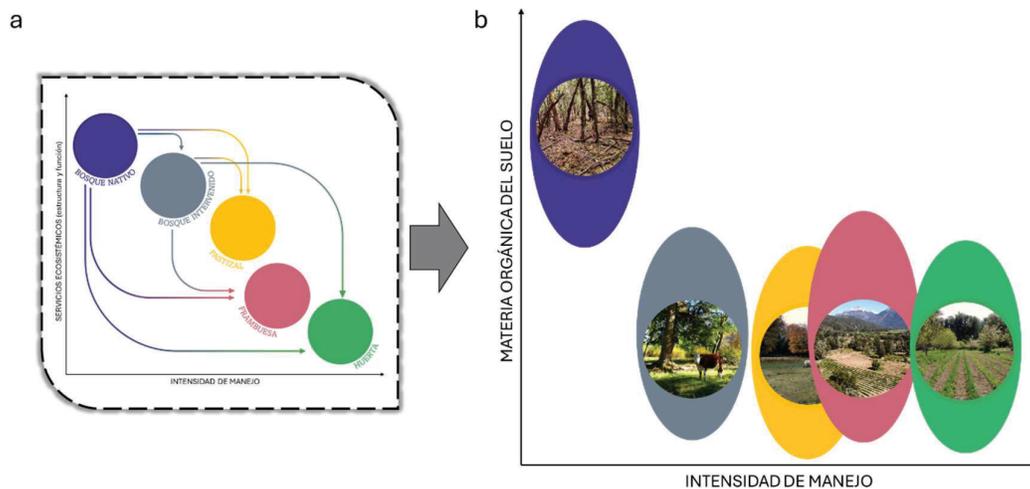


Figura 4.3. Modelo de Estados y Transiciones propuesto (a) y reinterpretación según el contenido de materia orgánica del suelo (b). Los ovalos representan el rango de variabilidad de la materia orgánica en cada estado del ecosistema.

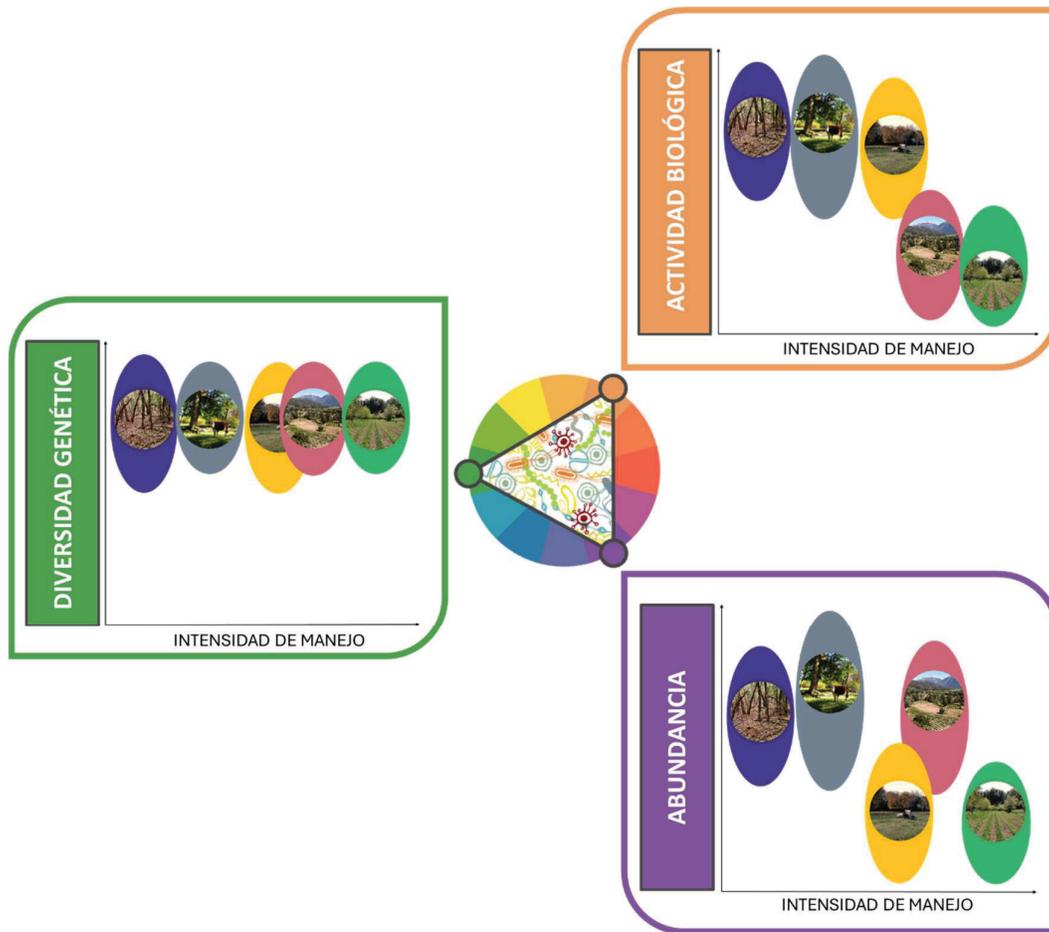


Figura 4.4. Reinterpretación del Modelo de Estados y Transiciones propuesto según las tres dimensiones de la caracterización de la microbiota del suelo: abundancia (cuantificación de ADN), actividad biológica (hidrólisis del di-acetato de fluoresceína), diversidad genética (riqueza de TRF del gen ARNr 16S e ITS). Los ovalos representan el rango de variabilidad de la materia orgánica en cada estado del ecosistema.

En el suelo de pastizal, la diferenciación con respecto al bosque nativo, tanto para el cambio de uso del suelo como para la variación con la profundidad y la distancia espacial, podría explicarse en mayor parte por la compactación del suelo, el bajo aporte de materia orgánica, los altos niveles de nitrógeno y/o la alta densidad de raíces de penetración superficial, características propias del pastoreo continuo de animales (Tifton et al., 2021). En cambio, las diferencias observadas entre el suelo de bosque nativo y el suelo de la frambuesa o de la huerta podrían estar

asociadas con la fragmentación del terreno debido a las prácticas fruti-hortícolas y del manejo del suelo, como la labranza, las hileras de siembra separadas por suelo desnudo (interfilas), la fertilización, el riego en las hileras cultivadas, la rotación de cultivos, la baja densidad y la escasa penetración de las raíces de las plantas (Prack McCormick et al., 2022). En contraste, el bosque intervenido no sufre ninguna de las alteraciones antes mencionadas –es decir, se mantiene la cobertura arbórea, por lo que también se conserva el aporte de materia orgánica y la profundidad de penetración de raíces en el suelo, la disminución de la densidad de plantas debido al raleo es escasa, al igual que el efecto de la compactación–, lo que podría explicar la ausencia de diferencias en la microbiota con respecto al bosque nativo.

Por otro lado, los análisis sobre la variabilidad microambiental realizados en suelo de bosque nativo, pastizal y huerta indican que tanto la profundidad del suelo como la variabilidad espacial afectan de manera diferente a la microbiota del suelo (cf. **Figura 3.14**, **Figura 3.15**, **Figura 3.16**, **Figura 3.17**, **Figura 3.18** y **Figura A14**, **Figura A15**, **Figura A16**, **Figura A17**; **Tabla 3.3**, **Tabla 3.4**, **Tabla A4**, **Tabla A5**). Los resultados indican que los procesos determinísticos dominan el ensamblaje de las comunidades microbianas a lo largo de la profundidad del suelo en todos los usos evaluados, mientras que la contribución de los procesos estocásticos varía entre los diferentes usos del suelo (cf. **Figura 3.20a**). Los índices de diversidad filogenética mostraron patrones más fuertes que los índices basados únicamente en datos de secuencias, pero la combinación de ambos es crucial para evaluar la influencia relativa de los procesos determinísticos y estocásticos (cf. **Figura 3.18**, **Figura A17**, **Figura A18**). Además, las correlaciones entre las características químicas del suelo y los índices de diversidad microbiana del suelo cambiaron después de la conversión del uso del suelo, y la contribución relativa de los procesos determinísticos y estocásticos se correlacionó con el pH después del cambio del uso del suelo (cf. **Figura 3.14b**, **Figura 3.21**).

4.2.1 Abundancia

La disminución de la biomasa microbiana con el aumento de la intensidad de manejo y con la profundidad del suelo en los suelos de pastizal y huerta con respecto al suelo de bosque nativo que se observa en este trabajo es consistente con

resultados previamente reportados para estos usos del suelo (Cui & Holden, 2015; Ralte et al., 2005; T. Sun et al., 2021; Sünnemann et al., 2021; Tittonell et al., 2021). En contraste, no se encontraron diferencias en el bosque intervenido y la frambuesa con respecto al bosque nativo, a diferencia de otros estudios que también reportan cambios asociados a la intensidad de manejo para estos usos del suelo (Debnath et al., 2015; Foote et al., 2015; Hanson et al., 2002; Lepcha & Devi, 2020). Estas discrepancias, podrían estar mayormente explicadas por las características del bosque intervenido y la plantación de frambuesas de la región de estudio, dónde la prevalencia de especies vegetales perennes sumada a las prácticas agroecológicas minimizan los disturbios del suelo.

Estos patrones de cambio entre usos del suelo y profundidad han sido previamente asociados con el efecto del pastoreo en el pastizal o la labranza y la fertilización en la huerta (Goberna et al., 2006; Hoogsteen et al., 2020; Murugan et al., 2014; Reza et al., 2014; Yang et al., 2012), ya que pueden crear parches heterogéneos de compactación/disturbio del suelo –por efecto de cambios en el patrón de enraizamiento de las especies vegetales, mayor exposición de suelo no superficial a la luz solar y las precipitaciones, aplicación heterogénea de compost u otros fertilizantes, entre otros–, cambiando así las características edáficas y la disponibilidad de nutrientes. En este punto cabe aclarar que el pastizal analizado en este trabajo no fue establecido mediante labranza y siembra de especies forrajeras, sino retirando los árboles del bosque y dejando que la vegetación herbácea espontánea colonizara el suelo. En este estudio, los patrones de variación de la profundidad del suelo difirieron entre los diferentes usos, principalmente debido a la mayor biomasa microbiana presente en la capa superficial del suelo de bosque. Tales patrones de disminución de la biomasa microbiana con la profundidad del suelo en los diferentes usos también se detectaron para características químicas del suelo, como el carbono total y el nitrógeno total (Balota et al., 2004; Li et al., 2018; Mgelwa et al., 2019). Adicionalmente, la microvariabilidad espacial también puede estar asociada con los lugares donde crecían los árboles antes de la deforestación, como se observa en otros casos (Kintché et al., 2010).

La autocorrelación espacial de la biomasa microbiana ha sido reportada previamente en diferentes escalas y usos del suelo por varios autores (Bach et al., 2008; Boeddinghaus et al., 2015; Loureiro et al., 2010; Wang et al., 2013). La disminución de la biomasa microbiana con la distancia espacial en la huerta podría estar determinada por el patrón espacial de las actividades de cultivo. Las muestras de suelo tomadas a 0.1–1 m de distancia tienen una alta probabilidad de pertenecer a las filas de cultivo, y las tomadas a 10 m de distancia tienen la posibilidad de caer en el espacio entre filas, mientras que las tomadas a 32 m de distancia pueden presentar incluso una mayor variabilidad asociada a las diferencias de manejo entre lotes contiguos. La heterogeneidad también puede estar asociada con los patrones de fertilización y laboreo, influyendo en los resultados de autocorrelación y explicando la correlación que se observa con las características químicas del suelo. Las diferencias en la biodiversidad microbiana del suelo y las características químicas entre muestras de suelo de las filas e interfilas han sido reportadas previamente en la producción de frambuesas en esta región (Prack McCormick et al., 2022). En los pastizales, los patrones de microvariabilidad espacial pueden resultar de las deposiciones de los animales, los parches de pisoteo o el pastoreo selectivo de especies más palatables (de Abreu et al., 2020; Modernel et al., 2019).

4.2.2 Actividad biológica

La actividad biológica del suelo fue afectada tanto por el uso del suelo como por la variación microambiental en sus dos componentes, profundidad del suelo y distancia espacial. En términos generales se observó una disminución en la actividad biológica con el aumento de la intensidad de manejo y la profundidad del suelo, lo que concuerda con los resultados reportados por otros estudios (Moghimian et al., 2017; Soleimani et al., 2019; van Leeuwen et al., 2017). Considerando las características químicas del suelo, la materia orgánica fue una variable importante correlacionando con la actividad biológica tanto en los distintos usos como en las distintas profundidades del suelo (cf. **Figura 3.12**, **Figura 3.21**). En relación a lo anterior, se ha reportado que un mayor contenido de materia orgánica del suelo promueve su actividad enzimática al aumentar la disponibilidad de carbono y nutrientes (Cui & Holden, 2015; Guimarães et al., 2013; Janušauskaite et al., 2013).

El aporte extra de nutrientes (principalmente nitrógeno) derivado de las deposiciones del ganado podría explicar el mantenimiento de la actividad biológica a pesar de la disminución de la abundancia de microorganismos, se ha reportado incluso, que un buen manejo del pastoreo puede aumentar la actividad biológica en un pastizal comparación con el ambiente natural (Xu et al., 2017). De manera similar a lo que ocurre con la abundancia de microorganismos, estos patrones de cambio entre usos del suelo y profundidad podrían estar asociados con el efecto de la remoción de cobertura vegetal arbórea que aporte materia orgánica al suelo, de la compactación por acción del pastoreo o por el disturbio a causa de la labranza, entre otros factores (Jiang et al., 2011; Kamali et al., 2022; Khomutova et al., 2021; Kotroczo et al., 2022; Nunes et al., 2020; Prieto et al., 2011). Al mismo tiempo, la heterogeneidad espacial derivada de estas mismas prácticas de manejo asociadas a cada uso del suelo puede explicar la variabilidad espacial de la actividad biológica y la presencia de autocorrelación espacial entre muestras. Los valores de autocorrelación de corto alcance (< 10 m) encontrados en este trabajo, coinciden en magnitud con valores reportados previamente por otros trabajos (Katsalirou et al., 2010; Wallenius et al., 2011).

4.2.3 Diversidad genética

Se encontró que la α -diversidad solo fue afectada por la distancia espacial (α -diversidad de bacterias y arqueas), lo cual es consistente con los resultados reportados previamente en otros trabajos para múltiples escalas (Cai et al., 2018; Griffiths et al., 2011; Oszust & Fraç, 2021; Peng et al., 2019; Plassart et al., 2019; Ramette & Tiedje, 2007; Sun et al., 2020). No obstante, otros trabajos han encontrado que la α -diversidad también se ve afectada por el uso (De Carvalho et al., 2016; Fugère et al., 2016; Guo et al., 2016; Mendes et al., 2015) y la profundidad del suelo (Eilers et al., 2012; Hao et al., 2021; Li et al., 2022). En general, en estos trabajos se reporta que la riqueza de especies disminuye con el aumento de la intensidad de manejo o con la profundidad del suelo. Estas diferencias refuerzan la idea de que el microambiente podría tener efectos diferenciales en la biodiversidad entre diferentes usos del suelo, geografías, climas o historia del suelo, entre otros factores. Al mismo tiempo, la intensificación del uso del suelo puede llevar a la

homogeneización de las comunidades de la microbiota edáfica (Peng et al., 2024). Considerando las características químicas del suelo, la relación C/N fue una variable importante correlacionando con la α -diversidad en el bosque nativo. La baja variación en la relación C/N para el pastizal y la huerta podría explicar la ausencia de variabilidad genética en las comunidades microbianas, y de allí la ausencia de correlación con la calidad de la materia orgánica (relación C/N). Por su parte, la β -diversidad mostró un comportamiento más complejo que el de la biomasa microbiana o la α -diversidad, al igual que lo hizo la actividad biológica, ya que fue afectada tanto por el uso del suelo (β -diversidad de bacterias y hongos), como por la profundidad del suelo y la distancia espacial (β -diversidad de bacterias y arqueas). Varios estudios sugieren que los cambios en la composición de la comunidad microbiana son mayores entre sitios que dentro de los mismos, y que los microorganismos están especializados en ciertos ambientes (*e.g.*, tipo de vegetación, usos del suelo) (Hernández-Cáceres et al., 2022; Marion et al., 2021; Nazaries et al., 2015; Romdhane et al., 2022).

Por otra parte, para un entendimiento más completo de los cambios en la biodiversidad edáfica es crucial tener en cuenta tanto los estimadores de diversidad (α -diversidad y β -diversidad) basados en presencia/ausencia de microorganismos (*e.g.*, riqueza) o en datos de abundancia (*e.g.*, índices de Shannon–Wiener o Simpson, distancia de Bray–Curtis), como los estimadores basados en filogenia (*e.g.*, índice de PD Faith, distancia UniFrac). Aunque la presencia/ausencia y la abundancia de grupos microbianos son informativas y más fáciles de calcular, la dimensión filogenética de la diversidad es clave para entender la estructura y el funcionamiento de las comunidades microbianas. Se ha reportado que las comunidades microbianas con α -diversidad y/o β -diversidad filogenética más alta son más resistentes a las perturbaciones debido a su mayor potencial evolutivo para adaptarse a condiciones ambientales cambiantes (Srivastava et al., 2012). El incremento de la diversidad filogenética también puede ser un indicador de una mayor diversidad funcional potencial en una comunidad microbiana, ya que los microorganismos estrechamente relacionados a menudo comparten rasgos ecológicos similares (Mouquet et al., 2012; Srivastava et al., 2012). En cuanto a la evaluación y monitoreo

de los cambios en el uso del suelo, los resultados indican que la diversidad filogenética parece ser más sensible a los cambios microambientales, un resultado similar previamente reportado por Liu et al. (2021). En tal sentido, trabajos futuros deberían enfatizar en los efectos del manejo del suelo (*e.g.*, tipo y profundidad de labranza, tipos de fertilizantes, modos de aplicación, carga animal en pastoreo, etc.), dentro de cada tipo de uso, sobre tal variabilidad microambiental.

4.2.4 ¿Cómo tomar muestras de suelo para estudios de la microbiota?

Los resultados expuestos en este trabajo de tesis evidencian que la variación microambiental de las diferentes dimensiones de la biodiversidad del suelo debe considerarse durante el diseño de muestreos para la evaluación y monitoreo de los cambios debido al uso y manejo del suelo.

En el caso del suelo del bosque analizado, la variación en la biomasa microbiana, la actividad biológica, la α -diversidad y la β -diversidad indican que, globalmente, las comunidades microbianas del suelo tienen una alta variación microambiental, pero también que esta variación estaba distribuida principalmente de manera homogénea y no autocorrelacionada. Esto significa que una colecta aleatoria de muestras de la capa superficial del suelo (0–10 cm de profundidad) separadas por al menos 10 m debería ser adecuada para capturar la variación microambiental en las comunidades microbianas del suelo (cf. **Figura 3.14**, **Figura 3.15**, **Figura 3.16**, **Figura 3.17**, **Figura 3.18** y **Figura A12**, **Figura A13**, **Figura A14**, **Figura A15**, **Figura A16**, **Figura A17**). Sin embargo, se observó un patrón diferente de variación microambiental en los índices de biodiversidad del suelo en los usos alternativos.

El suelo de huerta exhibió una alta variabilidad, y dicha variación tuvo una distribución heterogénea y autocorrelacionada. Entonces, para el diseño de un esquema de muestreo para evaluar este tipo de uso del suelo, los resultados indican que la caracterización de la biodiversidad microbiana debería considerar la recolección regular de muestras de suelo separadas al menos por 12 m (según los resultados de autocorrelación) y cubriendo los primeros 20 cm de profundidad del

suelo (cf. **Figura 3.14, Figura 3.15, Figura 3.16, Figura 3.17, Figura 3.18 y Figura A12, Figura A13, Figura A14, Figura A15, Figura A16, Figura A17**).

En el caso del suelo de pastizal, la variación con la profundidad y la distancia espacial fue menos intensa que en la huerta, y los resultados indican que la caracterización de la biodiversidad microbiana del suelo de pastizal en las condiciones de este estudio debería considerar la recolección regular de muestras de suelo separadas al menos por 8 m (según los resultados de autocorrelación) y cubriendo los primeros 20 cm de profundidad (cf. **Figura 3.14, Figura 3.15, Figura 3.16, Figura 3.17, Figura 3.18 y Figura A12, Figura A13, Figura A14, Figura A15, Figura A16, Figura A17**).

Por lo tanto, los patrones observados sugieren que un método estandarizado de muestreo de suelo, es decir, el mismo rango de profundidad y distancia espacial, no necesariamente captura el mismo tipo y magnitud de variabilidad microbiana en diferentes usos del suelo. Sin embargo, se podría proponer un diseño de muestreo simple considerando las diferencias detectadas entre los usos del suelo. En base a los resultados, la recolección de muestras de suelo separadas al menos por 12 m debería ser adecuada para capturar los cambios en la biodiversidad en estos usos del suelo, considerando una recolección aleatoria que cubra los primeros 10 cm de suelo para los bosques nativos y una recolección regular que cubra los primeros 20 cm de suelo para los pastizales y las huertas. Sin embargo, este diseño de muestreo debería ser validado a través de investigaciones adicionales, incorporando nuevos casos de bosques, pastizales y huertas, así como otros usos del suelo no considerados en esta oportunidad (*e.g.*, bosques intervenidos bajo manejo forestal, otros cultivos perennes, etc.).

4.3 Indicadores de la salud del suelo basados en la biodiversidad

La prevalencia de procesos determinísticos en el ensamblaje de las comunidades microbianas del suelo en lugar de los procesos estocásticos es un resultado prometedor en el desarrollo de indicadores de salud del suelo basados en la biodiversidad, dado que los cambios en la microbiota pueden entonces explicarse por las características propias de cada uso del suelo (Barnett et al., 2020). En el

contexto de este trabajo, la actividad biológica (por la metodología de hidrólisis del diacetato de fluoresceína) se presenta como la propiedad biológica del suelo que mejor refleja el gradiente de intensidad de manejo, seguida por la biomasa microbiana (medida de abundancia estimada a partir de la cuantificación de ADN) (**Figura 4.4**). Ambas propiedades representan características globales de la microbiota (dado que no permiten distinguir de manera específica ni funciones ni grupos de microorganismos) pero resultan relativamente fáciles y económicas de medir, por lo que la determinación combinada de ambas propiedades del suelo resultaría en un buen indicador de la salud del suelo en el contexto de la intensificación de manejo (Bhaduri et al., 2022; Schumacher et al., 2015). No obstante, esto también refuerza la importancia de un enfoque multidimensional en el estudio de la microbiota edáfica.

La aplicación de la tecnología de la espectrometría del infrarrojo cercano (NIRS, por sus siglas en inglés) al desarrollo de indicadores facilita una visión holística de la salud del suelo (Askari et al., 2015; Recha et al., 2021; A. Thakur, 2019). Mientras que los indicadores biológicos proporcionan información sobre la estructura y función del ecosistema suelo, la NIRS resultó efectiva para aportar datos cuantitativos precisos y rápidos sobre dichas propiedades biológicas –y también químicas–, lo que permitiría una evaluación completa y eficiente de la salud del suelo, crucial para el desarrollo y monitoreo de la agricultura sostenible y la conservación del ambiente.

4.4 Agroecología y salud del suelo

La transformación del bosque nativo en agroecosistemas genera un impacto negativo sobre las propiedades químicas y biológicas del suelo. Prácticas mayormente agroecológicas parecen igualmente tener un marcado efecto negativo sobre estas propiedades del suelo cuando se comparan los distintos usos del suelo con un bosque nativo (prístino o mínimamente disturbado). Sin embargo, al focalizar sólo a nivel del agroecosistema, los resultados obtenidos en este trabajo muestran una relación moderada directa entre el grado de transición a la agroecología y la salud del suelo (cf. **Figura 3.13**). Esta aparente dicotomía puede deberse a que los bosques cordilleranos de Patagonia Norte son sitios de una extrema riqueza natural,

dónde el cambio del uso del suelo –la remoción de la arboleda natural– representa el principal impacto. Tomando a la materia orgánica del suelo (MOS) como indicador global de salud del suelo, en este estudio se observó que los tenores en MOS de los suelos de pastizal, cultivos perennes y huerta representaron en promedio 63, 81 y 66% de aquellos del bosque nativo, un valor superior al reportado en otras regiones del país (*e.g.*, Abril & Bucher, 2001; Andriulo et al., 1999). Es así como, en caso de requerir el cambio del uso del suelo, la agroecología continúa representando una mejor alternativa a la agricultura convencional para preservar la salud del suelo (Domínguez et al., 2023; Franzluebbbers et al., 2020; Sokolowski et al., 2023).

4.5 Limitaciones del trabajo y recomendaciones a futuro

Es apropiado señalar ciertas limitaciones de este trabajo y discutir los pasos que podrían seguirse para abordarlas. Se ha observado que el efecto de la intensidad de manejo sobre las propiedades biológicas del suelo puede variar en función de las características del sitio de estudio (Tardy et al., 2015), por lo que replicar el Modelo de Estados y Transiciones en otras regiones geográficas podría revelar mayor información en torno a la relación entre cambio de uso del suelo y la salud del suelo. Por diseño, el muestreo de suelos para el análisis de la variación microambiental se realizó en una sola estación y en un solo sitio por cada uso del suelo. Esta decisión se basó en la necesidad de limitar los factores de variación, evitando la variación temporal, y meso y macroambiental, como las diferencias en tipo de suelo, pendiente, exposición, altitud, precipitación y amplias diferencias en el manejo del suelo. Además, se seleccionaron usos del suelo separados por menos de 3 km, que son representativos, en términos de características biológicas y químicas del suelo, de una gama más amplia de sitios en el Valle de El Manso (**Figura A2**). Por lo tanto, las diferencias observadas en la biodiversidad del suelo podrían atribuirse principalmente a la variabilidad microambiental de cada tipo de uso del suelo. Sin embargo, una gama más amplia de variabilidad ambiental, usos del suelo y manejo del suelo resultará en evaluaciones más completas que permitirán validar estos resultados. Además, como estudios anteriores encontraron que el uso del suelo influye en cómo cambian las comunidades microbianas con el tiempo (Lauber et al.,

2013) sería interesante continuar este estudio durante varios años y agregar casos de suelos en lo que haya habido un cambio de uso recientemente.

En este estudio, se utilizó la cuantificación de ADN extraído del suelo como un indicador de la biomasa microbiana sin validación para la región. Esto podría, hasta cierto punto, haber creado sesgos en los resultados debido, por ejemplo, a diferencias en la contribución de la fauna del suelo y/o el ADN vegetal al ADN total. Sin embargo, la correlación entre la cantidad de ADN extraído del suelo y la biomasa de C microbiana (basada en el método de referencia de fumigación con cloroformo-extracción de Vance et al. (1987) ha sido validada previamente en diferentes tipos de suelos alrededor del mundo (rango de valores de $r = 0.64-0.96$), y se ha utilizado para evaluar diferencias en la biomasa microbiana del suelo entre regiones geográficas o distintos sistemas agrícolas y para evaluar los efectos de las características y el manejo del suelo en la biomasa microbiana (Bragato et al., 2016; Dequiedt et al., 2011; Fornasier et al., 2014; Gangneux et al., 2011; Gong et al., 2021; Hartmann et al., 2005; Hofman & Dušek, 2003; Marstorp et al., 2000; Santoni et al., 2023; Semenov et al., 2018; Widmer et al., 2006). Por lo tanto, con base en informes anteriores, se puede considerar que, en este caso, el sesgo potencial no debería afectar sustancialmente el patrón de variación microambiental dentro de cada uso del suelo. Sería interesante, sin embargo, a futuro realizar la validación de este proxy de abundancia microbiana en suelos de la región.

En cuanto a la secuenciación del gen ARNr 16S, se utilizó un bajo número de secuencias para la rarefacción con el objetivo de retener la mayoría de las muestras de suelo y las condiciones de muestreo (profundidad del suelo y distancia espacial) para los tres usos del suelo en los análisis posteriores. Esta decisión podría determinar una subestimación de la diversidad de bacterias y arqueas, lo que podría explicar por qué no se detectó un efecto de la profundidad del suelo en la α -diversidad. Sin embargo, en una amplia gama de suelos, las comunidades bacterianas están dominadas por unos pocos filotipos, es decir, el 2% de los filotipos bacterianos representan alrededor del 41% de las secuencias del gen ARNr 16S (Delgado-Baquerizo et al., 2018), lo que sugiere que la decisión debería tener poco efecto en la representatividad de la composición de la comunidad. Esta hipótesis

está respaldada por los principales filos bacterianos identificados en este trabajo, que son consistentes con los reportados en el atlas global de bacterias dominantes del suelo (Delgado-Baquerizo et al., 2018). Los resultados también son respaldados por informes previos sobre los principales grupos microbianos para diferentes usos del suelo, como una mayor abundancia relativa de Acidobacteria y Proteobacteria, y una menor abundancia relativa de Firmicutes y Chloroflexi en suelos naturales en comparación con los agrícolas (Kim et al., 2021; Trivedi et al., 2016). También están respaldados por la tendencia similar encontrada entre diferentes profundidades para cada uso del suelo, mostrando que el cambio composicional con el uso del suelo se capturó con éxito (cf. **Figura 3.19, Figura A19**).

Aunque el principal objetivo fue evaluar cómo cambia la biodiversidad microbiana del suelo con el cambio del uso del suelo y la variación microambiental –profundidad del suelo y la distancia espacial–, es necesario mencionar que estos cambios podrían ser impulsados también por características del suelo. Por lo tanto, se evaluó la correlación entre los índices de biodiversidad y las características del suelo focalizando en aquellas características químicas con mayor tendencia a ser afectadas por el cambio de uso del suelo y el manejo del suelo asociado (*i.e.*, pH, conductividad eléctrica, C total, N total, relación C/N y materia orgánica). Claramente, otras características químicas y físicas del suelo también podrían ser relevantes, y su evaluación debería considerarse en investigaciones futuras, especialmente en estudios que involucren una gama más amplia de variabilidad ambiental, en cuyo caso también se podrían esperar diferencias en el tipo de suelo.



CONCLUSIONES



5 CONCLUSIONES

El estudio de la diversidad microbiana en suelos de la Comarca Andina del Paralelo 42 (CAP42), en explotaciones que difirieron en su grado de transición a la agroecología, a través de indicadores de abundancia, actividad biológica y diversidad genética, en gradientes de intensidad de manejo del ecosistema, permitió arribar a las siguientes conclusiones:

1. Los enfoques multidimensionales son ineludibles a la hora de analizar sistemas socio-ecológicos complejos, independientemente del tipo de variable que se esté analizando, como lo demuestran la relación no lineal entre los indicadores edáficos presentados en esta tesis y el nivel de transición a la agroecología de los hogares encuestados. La CAP42 presenta un grado de transición hacia la agroecología relativamente avanzado; es posible considerar que la mayoría de las fincas caracterizadas son agroecológicas. La agroecología como movimiento y estilo de vida fue y es el principal impulsor de la transición agroecológica en la CAP42. Incluso en sistemas con alto grado de transición a la agroecología (sistemas socio-ecológicamente sostenibles), es significativo el impacto del cambio del uso del suelo sobre las propiedades biológicas y químicas del suelo.
2. La variación microambiental en diferentes usos del suelo debe considerarse en el momento del muestreo al evaluar las propiedades biológicas del suelo. Tanto la profundidad del suelo como la distancia espacial son factores clave en esta variación. Los patrones observados sugieren que un método estandarizado de muestreo de suelo, es decir, el mismo rango de profundidad y distancia espacial, no necesariamente captura el mismo tipo y magnitud de variabilidad microbiana en diferentes usos del suelo. En base a los resultados, la recolección de muestras de suelo separadas al menos por 12 m debería ser adecuada para capturar los cambios en la biodiversidad en estos usos del suelo, considerando una recolección aleatoria que cubra los primeros 10 cm de

suelo para los bosques nativos y una recolección regular que cubra los primeros 20 cm de suelo para los pastizales y las huertas.

3. El cambio del uso del suelo y la variación microambiental presentaron un efecto significativo sobre las medidas de abundancia, actividad biológica y β -diversidad. En términos generales, dichas propiedades disminuyen con el aumento de la intensidad de manejo y la profundidad del suelo. El cambio del uso del suelo y la variación microambiental no tuvieron efecto significativo sobre las medidas de α -diversidad. El análisis multidimensional de la microbiota edáfica es de vital importancia para evitar conclusiones erróneas frente a los efectos del cambio del uso del suelo u otros factores. Los modelos basados en espectrometría del infrarrojo cercano permiten predecir medidas de abundancia de microorganismos, actividad biológica y propiedades químicas del suelo con menor costo, mayor sencillez y similar robustez que las metodologías tradicionales de referencia.

Futuras investigaciones en la región deberían enfatizar en las diferencias microambientales asociadas con las particularidades del manejo del suelo al interior de cada tipo de uso. Esta tesis representa, sin embargo, el primer estudio de la variabilidad meso y microambiental de la microbiota en los suelos de la frontera forestal de Patagonia Norte, y constituye por lo tanto una referencia para futuros trabajos, así como para la definición de indicadores de monitoreo de la salud del suelo.

PUBLICACIONES Y COMUNICACIONES CIENTÍFICAS

Publicaciones en revistas con referato

- Álvarez, V. E.**, El Mujtar, V. A., Falcão Salles, J., Jia, X., Castán, E., Cardozo, A. G., & Tiftonell, P. A. (2024). Micro-Environmental Variation in Soil Microbial Biodiversity in Forest Frontier Ecosystems—Implications for Sustainability Assessments. *Sustainability*, 16(3), 1236. <https://doi.org/10.3390/su16031236>
- Sokolowski, A. C., **Álvarez, V. E.**, Mangiarotti, A., Gonçalves Vila Cova, C., De Grazia, J., Rodríguez, H. A., Barrios, M. B., & Prack McCormick, B. (2023). Multidimensional performance of periurban horticulture: assessing agroecological transition and soil health. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 00(00), 1–30. <https://doi.org/10.1080/21683565.2023.2279972>
- Prack McCormick, B., El Mujtar, V. A., Cardozo, A., **Álvarez, V. E.**, Rodríguez, H. A., & Tiftonell, P. A. (2022). Nutrient source, management system and the age of the plantation affect soil biodiversity and chemical properties in raspberry production. *European Journal of Soil Biology*, 111(June). <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2022.103420>
- Tiftonell, P., Fernández, M., El Mujtar, V. E., Preiss, P. V., Sarapura, S., Laborda, L., Mendonça, M. A., **Álvarez, V. E.**, Fernandes, G. B., Petersen, P., & Cardoso, I. M. (2021). Emerging responses to the COVID-19 crisis from family farming and the agroecology movement in Latin America – A rediscovery of food, farmers and collective action. *Agricultural Systems*, 190(October 2020), 103098. <https://doi.org/10.1016/j.agry.2021.103098>
- Tiftonell, P., Hara, S. M., **Álvarez, V. E.**, Aramayo, V. M., Bruzzone, O. A., Easdale, M. H., Enríquez, A. S., Laborda, L., Trinco, F. D., Villagra, S. E., & El Mujtar, V. (2021). Ecosystem services and disservices associated with pastoral systems from Patagonia, Argentina - A review. *Cahiers Agricultures*, 30(43). <https://doi.org/10.1051/cagri/2021029>

Presentaciones a Congresos

Valeria E. Álvarez, Verónica A. El Mujtar, Pablo A. TITTONELL. ¿Puede el análisis de arquetipos de comunidades microbianas edáficas contribuir en el desarrollo de indicadores biológicos de salud del suelo? Argentina, Bernal. Universidad Nacional de Quilmes. Agosto 2023. Libro/Póster. Resumen. Congreso. ISME-Lat 2023, III Congreso Latinoamericano de Ecología Microbiana.

Bárbara Prack McCormick, **Valeria E. Álvarez**, Ana Clara Sokolowski, Juan Manuel Mónaco, Pablo E. Astete Castro. Análisis multidimensional de la agroecología en producciones hortícolas de Florencio Varela. Brasil, Rio Grande do Sul. Septiembre 2021. Resumen extendido. V Congreso de Extensión Universitaria. Asociación de Universidades Grupo Montevideo

Juan De Pascuale Bovi, **Valeria E. Álvarez**, Sofia Hara, Pablo TITTONELL. Aportes Metodológicos para la Evaluación de la Transición a la Agroecología - Testeo de un Marco Analítico Multidimensional en Patagonia Norte. Argentina, Mendoza. Septiembre 2019. Libro/Presentación oral. Resumen extendido. Congreso. I Congreso Argentino de Agroecología. Sociedad Argentina de Agroecología.

Valeria E. Álvarez, Juan De Pascuale Bovi, Sofia Hara, Andrea Cardozo, Paula Ocariz, Natalia Furlan, Fabio Trinco, Luciana Laborda, Melisa Longo Blasón, Pablo TITTONELL. Evaluación Multidimensional de la Agroecología en Sistemas Agropecuarios de Patagonia Norte. Argentina, Mendoza. Septiembre 2019. Libro/Póster. Resumen extendido. Congreso. I Congreso Argentino de Agroecología. Sociedad Argentina de Agroecología.

Luciana Laborda, **Valeria E. Álvarez**, Juan Manuel Agüero, Paula Ocariz. Motivaciones de las productoras de la "Feria Franca Horticultores Nahuel Huapi" y su rol en la agroecología. Argentina, Mendoza. Septiembre 2019. Libro/Presentación oral. Resumen extendido. Congreso. I Congreso Argentino de Agroecología. Sociedad Argentina de Agroecología.

Betina Mauricio, Juan De Pascuale Bovi, **Valeria E. Alvarez**, Pablo TITTONELL, Marcelo González, Miguel Sheridan, Martín Acuña, Mónica Zapata. Experiencia de transición agroecológica y análisis multidimensional. Buena vista, Neuquén. Argentina, Cinco Saltos. Mayo 2019. Libro/Presentación oral. Resumen. Congreso. V Congreso del Foro de Universidades Nacionales para la Agricultura Familiar.

Otras publicaciones

Cardozo, A., El Mujtar, V., **Álvarez, V.**, Sisón Cáceres, L. 2021. Manual para la elaboración de biofertilizante a partir de desechos agropecuarios. Proyecto FONTAGRO. INTA. AER El Bolsón. <http://hdl.handle.net/20.500.12123/12787>

Cardozo, A., El Mujtar, V., **Álvarez, V.** 2020. Elaboración de Biofertilizantes a partir de microorganismos del bosque. Proyecto FONTAGRO. Apuntes de Comunicación Técnica INTA. AER El Bolsón. <http://hdl.handle.net/20.500.12123/8444>

De Pascuale Bovi, J. A., Ocariz, M. P., Fernandez, M. T., Easdale, M. H., Bidinost, F., Conti, S., Hara, S. M., Madariaga, M. C., Gallo, L. A., Deluchi, S. G., Laborda, L., **Álvarez, V. E.**, El Mujtar, V. A., Gallardo, A. B., Navedo, R. M., Gizzi, G., Garabito, F. G., Conterno, C., Maldonado, M. I., Michel, C., Rovaretti, G., Fantozzi, A. G., Odeon, M. M., Duprez, J. P., Lagorio, P. A., Barth, I. D., TITTONELL, P. A. 2020. El agua es prioridad: lecciones del proyecto Euroclima. *Presencia XXXI (73)* (Agosto 2020), 22–26. Ediciones INTA. EEA Bariloche. ISSN 0326-7040. <http://hdl.handle.net/20.500.12123/7717>

Álvarez, V. E., Cardozo, A., El Mujtar, V. A., TITTONELL, P. A. 2018. El Universo escondido bajo nuestros pies: la importancia de conocer y preservar los organismos del suelo. *Presencia XXIX (70)* (Diciembre 2018), 22–26. Ediciones INTA. EEA Bariloche. ISSN 0326-7040. <http://hdl.handle.net/20.500.12123/4071>

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.1. Porcentaje de especies de organismos en el suelo en contraste con los restantes ecosistemas combinados (e.g., marino, agua dulce, organismos hospedadores). Clasificación taxonómica a nivel de clase, salvo indicación D: dominio, R: reino, F: filo. Adaptado de Anthony et al. (2023). 1–3

Figura 1.2. Biodiversidad del suelo clasificada por grupo funcional y tamaño (ancho del cuerpo) y su asociación a las funciones ecosistémicas (círculos coloreados de bordes continuos) y los servicios ecosistémicos derivados de las funciones (círculos coloreados de bordes discontinuos). Adaptado de Orgiazzi et al. (2016). 1–4

Figura 1.3. Las tres dimensiones para la caracterización de la microbiota del suelo y sus metodologías asociadas aplicadas en esta tesis. 1–7

Figura 1.4. Marco conceptual del Modelo de Estados y Transiciones Estructural–Funcional para el estudio de las dinámicas de los ecosistemas. Los recuadros y números romanos representan a los diferentes estados (valores más altos indican estados más degradados), mientras que los círculos grises a y b representan diferentes fases dentro de cada estado y las flechas de línea gris punteada las transiciones entre fases. Las flechas de línea negra continua representan las transiciones negativas y las flechas de línea negra punteada las transiciones positivas (reversibilidad). Las cruces naranjas señalan los umbrales críticos. Adaptado de (Easdale & López, 2016; López et al., 2011)..... 1–16

Figura 1.5. Modelo de Estados y Transiciones propuesto para el análisis de los cambios en la diversidad microbiana edáfica. Los diferentes estados bosque nativo –estado de referencia–, bosque interverido, pastizal, frambuesa –cultivo perenne– y huerta –cultivo estacional–, están representados por los círculos. Las flechas coloreadas representan las transiciones negativas entre estados. Los círculos pequeños representan las diferentes fases dentro de los estados y las flechas negras punteadas las transiciones entre fases. 1–18

Figura 2.1. Ubicación geográfica de la Comarca Andina del Paralelo 42° –sitio de estudio del objetivo específico 1– y el Valle de El Manso –sitio de estudio de los objetivos específicos 2, 3 y 4–, al norte de la Patagonia Argentina..... 2–24

Figura 2.2. Distribución de las 53 fincas evaluadas a lo largo de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Zona I, II, III, y IV corresponden con cuatro zonas de características socio-ecológicas diferenciales. 2–26

Figura 2.3. Los 10 Elementos de la Agroecología y sus interacciones (FAO, 2018a). En azul los Elementos que describen los aspectos de manejo e innovación

relacionados con la finca; en violeta los Elementos relacionados a los aspectos sociales y características del entorno..... 2–27

Figura 2.4. Ubicación geográfica de las cinco fincas dónde se tomaron muestras de suelo en el Valle de El Manso, Río Negro, Argentina. 2–30

Figura 2.5. Diseño de muestreo de suelo. a) Ubicación geográfica en el Valle de El Manso de los tres sitios de muestreo, coloreados por el uso del suelo. b) Diseño de muestreo para evaluar la variación microambiental considerando la distancia espacial y la profundidad del suelo. La distancia «D» corresponde a 50 m en el bosque nativo, 46 m en el pastizal y 32 m en la huerta. 2–32

Figura 2.6. *Pipeline* de análisis bioinformático de QIIME2. Las cajas verdes representan datos de entrada o productos finales, las cajas amarillas representan acciones aplicadas sobre la caja verde anterior, las cajas azules análisis sobre los productos finales..... 2–38

Figura 2.7. Esquema para la interpretación de un semivariograma..... 2–46

Figura 3.1. a) Porcentaje de avance para cada Elemento de Agroecología en 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Elementos relacionados con la finca: Reciclaje (Rc), Sinergias (S), Resiliencia (Rs), Diversidad (D) y Eficiencia (E); Elementos relacionados con los aspectos sociales: Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK), Gobernanza Responsable (RG), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Valores Humanos y Sociales (H&SV) y Economía Circular y Solidaria (C&SE). La línea gris continua representa la media del CAET y las líneas grises discontinuas sus valores mínimo y máximo. b) Correlación entre el CAET con los CAET–finca y CAET–social. 3–54

Figura 3.2. Coeficientes estimados del modelo lineal para el CAET, CAET–finca y CAET–social. Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). A: Tipo de producción, nivel de referencia “Ganadera”; B: Género de la/s persona/s principal/es tomadora/s de decisiones, ref. “Ambos”; C: Disponibilidad de recursos económicos, ref. “Alta”; D: Zona geográfica, ref. “Zona I”. Intercepto CAET: 65,2; CAET–finca: 67,8; CAET–social: 63,6. 3–55

Figura 3.3. a) Puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro arquetipos. Diversidad (D), Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG). b) Distribución de las 53 fincas en el espacio definido por los cuatro arquetipos..... 3–57

Figura 3.4. Clasificación basada en el método de Reinert, incluye el agrupamiento de las clases –dendrograma– (panel izquierdo) con el número de fincas asociadas a cada clase y el arreglo de las modalidades de los 10 Elementos de la agroecología asociados significativamente con cada clase (panel derecho). FA: fincas agroecológicas, puntuaciones > 70%, TA: transición a la agroecología, puntuaciones entre 60–70%, TI: transición inicial, puntuaciones entre 50–60%, CES: convencional con elementos de sostenibilidad, puntuaciones entre 40–50%..... 3–58

Figura 3.5. Puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro grupos de Reinert (promedio de las fincas que integran cada grupo). Diversidad (D), Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG)..... 3–59

Figura 3.6. Comparación de los puntajes de los 10 Elementos de la Agroecología para los cuatro tríos formados según grado de similitud entre arquetipo y clases de Reinert (promedio de las fincas que integran cada clase). Diversidad (D), Resiliencia (Rs), Sinergias (S), Eficiencia (E), Reciclaje (Rc), Valores Humanos y Sociales (H&SV), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Economía Circular y Solidaria (C&SE), Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK) y Gobernanza Responsable (RG). 3–61

Figura 3.7. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la biomasa microbiana (estimada como la cantidad de ADN extraída del suelo) (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto aleatorio de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). Perfiles de variación de la biomasa microbiana (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. Barras de error representan el error estándar. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. 3–62

Figura 3.8. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para el número de copias del gen bacterial ARNr 16S (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto aleatorio de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos (** $p < 0,001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$). Perfiles de variación del número de copias del gen bacterial ARNr 16S (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. Barras de error representan el error estándar. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. 3–63

Figura 3.9. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la actividad biológica del suelo (estimada como la cantidad de fluoresceína liberada por la

hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína) (a) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p < 0,001$, $**p < 0,01$, $*p < 0,05$). Perfiles de variación de la actividad biológica (b) para cada tipo de uso del suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta..... 3–64

Figura 3.10. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para la riqueza (número observado de TRF) de bacterias (a) y hongos (b) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación al bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p < 0,001$, $**p < 0,01$, $*p < 0,05$). Perfiles de variación de la riqueza de bacterias (c) y hongos (d) para cada tipo de uso del suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta..... 3–65

Figura 3.11. Coeficientes (β) estimados del modelo lineal mixto para el pH (a), la conductividad eléctrica (b) y la materia orgánica del suelo (c) mostrando las diferencias entre los distintos usos del suelo (controlado por el efecto de la finca) en relación con el bosque de referencia (BN). Los asteriscos indican los coeficientes del modelo que resultaron estadísticamente significativos ($***p < 0,001$, $**p < 0,01$, $*p < 0,05$). Perfiles de variación de el pH (d), la conductividad eléctrica (e) y la materia orgánica del suelo (f) para cada tipo de uso del suelo y por finca. BN: bosque nativo de referencia, BI: bosque intervenido, PO: pastizal, CP: frambuesa, CE: huerta. 3–67

Figura 3.12. Impulsores químicos del efecto del uso del suelo. Se correlacionaron las cuantificaciones de la extracción de ADN del suelo (biomasa microbiana), las cuantificaciones de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína (actividad biológica), riqueza de TRF 16S (bacterias) y riqueza de TRF ITS (hongos) y las matrices de distancia de Bray–Curtis de bacterias y hongos ponderada con la matriz de distancia de las características químicas del suelo para el bosque (a), el bosque intervenido (b), el pastizal (c), la frambuesa (d) y la huerta (e). Las comparaciones por pares de las características del suelo se muestran con un gradiente de color que representa los coeficientes de correlación de Pearson, y las cruces indican correlaciones no estadísticamente significativas ($p > 0.01$). El ancho de la línea corresponde al estadístico r del Mantel parcial para las correlaciones correspondientes (controladas por el efecto de la matriz de distancia espacial geográfica) y el color de la línea representa la significancia estadística basada en 9999 permutaciones. CE: conductividad eléctrica; MOS: materia orgánica del suelo. 3–69

Figura 3.13. Entrelazamiento entre el dendrograma de distancia *Ward* basado en los valores de los índices de la TAPE (a) y el dendrograma de distancia *Ward* basado en las propiedades químicas y biológicas del suelo (como media de las diferencias

entre el bosque de referencia y los demás estados) (b) de las cinco fincas evaluadas. Las flechas a cada lado indican la tendencia en los valores de CAET (a) y de la diferencia en las propiedades del suelo entre el bosque nativo de referencia (BN) y los estados alternativos (EA) (b)..... 3-70

Figura 3.14. Efecto de la profundidad del suelo sobre la biomasa microbiana (estimada mediante cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c). Letras diferentes indican diferencias significativas en las comparaciones por pares (Prueba de Dunn; $p < 0,05$)..... 3-73

Figura 3.15. Efecto de la profundidad del suelo y la distancia espacial sobre la actividad biológica en el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c). A = 0.1 m, B = 1 m, C = 10 m y D = 50 m en bosque, 46 m en pastizal y 32 m en huerta..... 3-74

Figura 3.16. Patrones de variación microambiental de la actividad biológica. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la actividad biológica en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales indican el límite de la dependencia espacial y el valor del rango práctico correspondiente en los casos en que existe autocorrelación. 3-75

Figura 3.17. Patrones de variación microambiental de la α -diversidad. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para los índices de riqueza (a-c) y Faith PD (d-f) en suelos de bosque (a, d), pastizal (b, e) y huerta (c, f). Las líneas verticales indican el límite de la dependencia espacial y el valor del rango práctico correspondiente en los casos en que existe autocorrelación. Las figuras a-f se proporcionan en mayor resolución como **Figura A14** y **Figura A15**..... 3-77

Figura 3.18. Patrones de variación microambiental de la β -diversidad. Correlación de las matrices de distancia Bray-Curtis (a) y UniFrac ponderada (b) y la matriz de distancia espacial euclidiana para cada profundidad del suelo en cada uso del suelo. 3-81

Figura 3.19. Abundancia relativa de los principales filos microbianos (resultado del análisis SIMPER) que contribuyen a la diferenciación entre profundidades del suelo en el bosque, el pastizal y la huerta. 3-82

Figura 3.20. Procesos que rigen el ensamblaje de las comunidades microbianas. Contribución relativa de los procesos de ensamblaje determinísticos (selección homogénea y selección de variable), estocásticos (dispersión homogeneizadora, dispersión limitada) y procesos no dominados, sobre el recambio de la comunidad (a) y la correlación entre β -NTI y las diferencias en el pH del suelo (b) entre profundidades del suelo en el bosque, pastizal y huerta. 3-84

Figura 3.21. Impulsores químicos de la variación microambiental. Se correlacionaron las cuantificaciones de la extracción de ADN del suelo (biomasa microbiana), las cuantificaciones de fluoresceína liberada por la hidrólisis enzimática del di-acetato de fluoresceína (actividad biológica), de riqueza, índice PD Faith, matrices de distancia de Bray–Curtis y UniFrac ponderada con la matriz de distancia de características químicas del suelo para el bosque (a), el pastizal (b) y la huerta (c), combinando las profundidades de 0–5, 5–10, 10–20 y 20–40 cm. Las comparaciones por pares de las características del suelo se muestran con un gradiente de color que representa los coeficientes de correlación de Pearson, y las cruces indican correlaciones no estadísticamente significativas ($p > 0.01$). El ancho de la línea corresponde al estadístico r del Mantel parcial para las correlaciones correspondientes (controladas por el efecto de la matriz de distancia espacial) y el color de la línea representa la significancia estadística basada en 9999 permutaciones. CE: conductividad eléctrica; NT: nitrógeno total; CT: carbono total; CN: relación carbono/nitrógeno. 3–86

Figura 3.22. Espectros crudos (a) y efecto del preprocesamiento de tipo Detrend de orden 2 (b) de los espectros de absorbancia NIR de muestras de suelo coloreados por uso del suelo. 3–88

Figura 3.23. Análisis de componentes principales (PCA) a partir de los espectros NIR preprocesados (Detrend de orden 2) clasificados por tipo de uso y profundidad del suelo. Las elipses delimitan las regiones de 95% confianza para los factores de clasificación (uso del suelo \times profundidad del suelo). 3–89

Figura 3.24. a) Modelo NIRS para la estimación de la biomasa microbiana del suelo (estimada a partir de la cuantificación de ADN extraído). Protocolo: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 variables latentes. b) Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la biomasa microbiana. La línea discontinua corresponde a la bisectriz. 3–90

Figura 3.25. a) Modelo NIRS para la actividad biológica del suelo. Protocolo: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 variables latentes. b) Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la actividad biológica. La línea discontinua corresponde a la bisectriz. 3–91

Figura 3.26. Modelo NIRS para la materia orgánica del suelo (a) y carbono total (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 9 y 7 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para la materia orgánica del suelo (b) y el carbono total (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz. 3–92

Figura 3.27. Modelo NIRS para nitrógeno total (a) y relación carbono:nitrógeno (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 10 y 14 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para

el nitrógeno total (b) y la relación carbono:nitrógeno (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz..... 3–93

Figura 3.28. Modelo NIRS para el pH del suelo (a) y la conductividad eléctrica (c). Protocolos: Detrend 2, IKernel, PLS, con 8 y 10 variables latentes, respectivamente. Ajuste lineal de los valores observados vs. los valores predichos por el modelo para el pH (b) y la conductividad eléctrica (d). La línea discontinua corresponde a la bisectriz. 3–95

Figura 4.1. Grado de transición a la agroecología expresado como % CAET reportados en publicaciones que aplicaron la TAPE. La Comarca Andina del Paralelo 42° se encuentra aquí representada por las provincias de Río Negro y Chubut. Los valores CAET reportados para Brasil corresponden a la evaluación del 47% de los índices de la TAPE. 4–100

Figura 4.2. Trayectoria de transición agroecológica impulsada por el vínculo consumidores-mercados-salud propuesta por Barrios et al. (2020). De manera simplificada, las etapas pueden dividirse en a) demanda del consumidor determinada por sus características socio-culturales, b) interacción entre la demanda y la oferta y c) rediseño de la finca para responder a la demanda..... 4–101

Figura 4.3. Modelo de Estados y Transiciones propuesto (a) y reinterpretación según el contenido de materia orgánica del suelo (b). Los ovalos representan el rango de variabilidad de la materia orgánica en cada estado del ecosistema... 4–104

Figura 4.4. Reinterpretación del Modelo de Estados y Transiciones propuesto según las tres dimensiones de la caracterización de la microbiota del suelo: abundancia (cuantificación de ADN), actividad biológica (hidrólisis del di-acetato de fluoresceína), diversidad genética (riqueza de TRF del gen ARNr 16S e ITS). Los ovalos representan el rango de variabilidad de la materia orgánica en cada estado del ecosistema..... 4–105

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 3.1. Promedio de CAET global de cada grupo y clase, CAET–finca, CAET–social y la diferencia entre CAET–finca y CAET–social para cada clase identificada por la clasificación jerárquica descendente de Reinert. 3–59

Tabla 3.2. Relación entre arquetipos y clases de Reinert según sus valores de CAET y la relación entre el CAET–finca y el CAET–social. 3–60

Tabla 3.3. Valor medio de los índices de α -diversidad según clases de distancia espacial en suelos de bosque, pastizal y huerta. 3–78

Tabla 3.4. Prueba de Mantel basada en la correlación de rangos de Spearman (9999 permutaciones) de matrices de distancia de β -diversidad (Bray–Curtis y UniFrac ponderada) vs. distancia espacial euclidiana entre muestras por uso del suelo. . 3–80

Tabla 5. Resumen de los efectos del cambio del uso del suelo y la variación microambiental sobre las propiedades biológicas del suelo..... 4–98

ÍNDICE DE ECUACIONES

(1) Índice de Shannon–Wiener	2–36
(2) Índice de Simpson	2–36
(3) Métrica de Bray–Curtis	2–37
(4) Métrica UniFrac ponderada	2–39
(5) Modelo lineal	2–41
(6) Modelo NIRS	2–50
(7) Coeficiente de determinación (R^2)	2–50
(8) Raíz del error cuadrático medio (RMSE)	2–51

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abril, A., & Bucher, E. H. (2001). Overgrazing and soil carbon dynamics in the western Chaco of Argentina. *Applied Soil Ecology*, *16*(3), 243–249. [https://doi.org/10.1016/S0929-1393\(00\)00122-0](https://doi.org/10.1016/S0929-1393(00)00122-0)

Adam, G., & Duncan, H. (2001). Development of a sensitive and rapid method for the measurement of total microbial activity using fluorescein diacetate (FDA) in a range of soils. *Soil Biology & Biochemistry*, *33*, 943–951. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(00\)00244-3](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(00)00244-3)

Aiani, B., & Ejarque, M. (2019). Apuntes históricos y transformaciones recientes en los actores y estructura de la producción de frutas finas en la Comarca Andina del Paralelo 42. In S. Aparicio, I. Gehlen, J. Romero, & R. Vitelli (Eds.), *Desarrollo rural y cuestión agraria* (Issue January 2019, pp. 121–147). Editorial Teseo.

Aislabie, J., & Deslippe, J. R. (2013). Soil microbes and their contribution to soil

- services. *Ecosystem Services in New Zealand - Conditions and Trends, Figure 2*, 143–161.
- Allegrini, M., Morales, M. E., Villamil, M. B., & Zabaloy, M. C. (2021). Ammonia Oxidizing Prokaryotes Respond Differently to Fertilization and Termination Methods in Common Oat's Rhizosphere. *Frontiers in Microbiology*, 12(October). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.746524>
- Álvarez, V. E., De Pascuale Bovi, J., Hara, S., Cardozo, A., Ocariz, P., Furlan, N., Trinco, F., Laborda, L., Longo Blasón, M., & Tiftonell, P. (2019). Evaluación multidimensional de la agroecología en sistemas agropecuarios de Patagonia Norte. *1° Congreso Argentino de Agroecología*.
- Amoroso, M. M., Peri, P. L., Lencinas, M. V., Soler Esteban, R., Rovere, A. E., González Peñalba, M., Chauchard, L., Urretavizcaya, M. F., Loguercio, G., Mundo, I. A., Cellini, J. M., Dezzotti, A., Attis Beltrán, H., Bahamonde, H., Ladio, A., Gowda, J., Gallo, L., Quinteros, P., Sola, G., & Pastur, G. M. (2021). Región Patagónica (Bosques Andino Patagónicos). In P. L. Peri, G. Martínez Pastur, & T. Schlichter (Eds.), *Uso sostenible del bosque: Aportes desde la Silvicultura Argentina* (p. 62).
- Andriulo, A., Guérif, J., & Mary, B. (1999). Evolution of soil carbon with various cropping sequences on the rolling pampas. Determination of carbon origin using variations in natural ^{13}C abundance. *Agronomie*, 19(5), 349–364. <https://doi.org/10.1051/agro:19990503>
- Anthonioz, A. (2022). *The suitability of the «tool for agroecological performance evaluation» (TAPE) in a European context* [Norwegian University of Life Sciences & ISARA]. <https://nmbu.brage.unit.no/nmbu-xmlui/handle/11250/2832363>
- Anthony, M. A., Bender, S. F., & van der Heijden, M. G. A. (2023). Enumerating soil biodiversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 120(33), 9. <https://doi.org/10.1073/pnas.2304663120>
- APN. (2023). *Mapa de Áreas Protegidas de Argentina*. Administración de Parques Nacionales.

https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/mapa_apn_2023.pdf

- Askari, M. S., O'Rourke, S. M., & Holden, N. M. (2015). Evaluation of soil quality for agricultural production using visible-near-infrared spectroscopy. *Geoderma*, 243–244, 80–91. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2014.12.012>
- Bach, L. H., Frostegård, Å., & Ohlson, M. (2008). Variation in soil microbial communities across a boreal spruce forest landscape. *Canadian Journal of Forest Research*, 38(6), 1504–1516. <https://doi.org/10.1139/X07-232>
- Bahram, M., Kohout, P., Anslan, S., Harend, H., Abarenkov, K., & Tedersoo, L. (2016). Stochastic distribution of small soil eukaryotes resulting from high dispersal and drift in a local environment. *ISME Journal*, 10(4), 885–896. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.164>
- Baldrian, P., Merhautová, V., Cajthaml, T., Petránková, M., & Šnajdr, J. (2010). Small-scale distribution of extracellular enzymes, fungal, and bacterial biomass in *Quercus petraea* forest topsoil. *Biology and Fertility of Soils*, 46(7), 717–726. <https://doi.org/10.1007/s00374-010-0478-4>
- Balota, E. L., Filho, A. C., Andrade, D. S., & Dick, R. P. (2004). Long-term tillage and crop rotation effects on microbial biomass and C and N mineralization in a Brazilian Oxisol. *Soil and Tillage Research*, 77(2), 137–145. <https://doi.org/10.1016/j.still.2003.12.003>
- Banerjee, S., & van der Heijden, M. G. A. (2023). Soil microbiomes and one health. *Nature Reviews Microbiology*, 21(1), 6–20. <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00779-w>
- Barberena, R., Prates, L., & De Porrás, M. E. (2015). The human occupation of northwestern Patagonia (Argentina): Paleoeological and chronological trends. *Quaternary International*, 356, 111–126. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.09.055>
- Bardgett, R. D., & Van Der Putten, W. H. (2014). Belowground biodiversity and ecosystem functioning. *Nature*, 515(7528), 505–511.

<https://doi.org/10.1038/nature13855>

- Barnett, S. E., Youngblut, N. D., Buckley, D. H., Jiao, S., Chen, W., Wang, J., Du, N., Li, Q., Wei, G., Yang, Y., Xu, Y., Zhang, J., Lu, Y., Nemergut, D. R., Schmidt, S. K., Fukami, T., O'Neill, S. P., Bilinski, T. M., Stanish, L. F., ... Ferrenberg, S. (2020). Soil characteristics and land-use drive bacterial community assembly patterns. *Microbiome*, *14*(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0522-9>
- Barrios, E., Gemmill-Herren, B., Bicksler, A., Siliprandi, E., Brathwaite, R., Moller, S., Batello, C., & Tiftonell, P. (2020). The 10 Elements of Agroecology: enabling transitions towards sustainable agriculture and food systems through visual narratives. *Ecosystems and People*, *16*(1), 230–247. <https://doi.org/10.1080/26395916.2020.1808705>
- Barrios Latorre, S. A., Sadovska, V., & Chongtham, I. R. (2023). Perspectives on agroecological transition: the case of Guachetá municipality, Colombia. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, *47*(3), 382–412. <https://doi.org/10.1080/21683565.2022.2163449>
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B. M., & Walker, S. C. (2015). Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, *67*(1). <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Beć, K. B., & Huck, C. W. (2019). Advances in near-infrared spectroscopy and related computational methods. *Molecules*, *24*(23). <https://doi.org/10.3390/molecules24234370>
- Bestelmeyer, B. T., Tugel, A. J., Peacock, G. L., Robinett, D. G., Shaver, P. L., Brown, J. R., Herrick, J. E., Sanchez, H., & Havstad, K. M. (2009). State-and-Transition Models for Heterogeneous Landscapes: A Strategy for Development and Application. *Rangeland Ecology & Management*, *62*(October 2008), 1–15.
- Bhaduri, D., Sihi, D., Bhowmik, A., Verma, B. C., Munda, S., & Dari, B. (2022). A review on effective soil health bio-indicators for ecosystem restoration and sustainability. *Frontiers in Microbiology*, *13*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.938481>

- Biggs, R., Clements, H., de Vos, A., Folke, C., Manyani, A., Maciejewski, K., Martín-lópez, B., Preiser, R., Selomane, O., & Schlüter, M. (2021). What are social-ecological systems and social-ecological systems research? In *The Routledge Handbook of Research Methods for Social-Ecological Systems* (Issue June). Routledge. <https://doi.org/10.4324/9781003021339-1>
- Boeddinghaus, R. S., Nunan, N., Berner, D., Marhan, S., & Kandeler, E. (2015). Do general spatial relationships for microbial biomass and soil enzyme activities exist in temperate grassland soils? *Soil Biology and Biochemistry*, *88*, 430–440. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.05.026>
- 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>
- Bondel, C. S. (2008). *TRANSFORMACIONES TERRITORIALES Y ANÁLISIS GEOGRÁFICO EN ÁMBITOS PATAGÓNICOS DE MONTAÑA. La Comarca Andina del Paralelo 42.*
- Borrero, L. A., Nuevo Delaunay, A., & Méndez, C. (2019). Ethnographical and historical accounts for understanding the exploration of new lands: The case of Central Western Patagonia, Southernmost South America. *Journal of Anthropological Archaeology*, *54*(February), 1–16. <https://doi.org/10.1016/j.jaa.2019.02.001>
- Bragato, G., Fornasier, F., & Brus, D. J. (2016). Characterization of soil fertility and soil biodiversity with dsDNA as a covariate in a regression estimator for mean microbial biomass C. *European Journal of Soil Science*, *67*(6), 827–834. <https://doi.org/10.1111/ejss.12387>
- Cabrera, S., Xicarts, D., Caracotche, M. S., Bellelli, C., Podestá, M., Albornoz, A.,

- Fernández, P., Carballido, M., Masotta, C., Scheinsohn, V., & Funes., F. (2010). *Memorias para las historias de El Manso*. Parque Nacional Nahuel Huapi; Reserva de Biósfera Andino Norpatagónica; Arqueología Comarca Andina del Paralelo 42°; CONICET-INAPL. <https://archive.org/details/9MEM7662010MemoriasParaLasHistoriasDeElManso>
- Cai, Z. quan, Zhang, Y. hong, Yang, C., & Wang, S. (2018). Land-use type strongly shapes community composition, but not always diversity of soil microbes in tropical China. *Catena*, *165*(February), 369–380. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2018.02.018>
- 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>
- Campbell, C. A., Biederbeck, V. O., Zentner, R. P., & Lafond, G. P. (1991). Effect of crop rotations and cultural practices on soil organic matter, microbial biomass and respiration in a thin Black Chernozem. *Canadian Journal of Plant Science*, *71*, 363–376. <http://pubs.aic.ca/doi/abs/10.4141/cjss91-035>
- Caporaso, J. G., Lauber, C. L., Walters, W. A., Berg-Lyons, D., Lozupone, C. A., Turnbaugh, P. J., Fierer, N., & Knight, R. (2011). Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *108*(SUPPL. 1), 4516–4522. <https://doi.org/10.1073/pnas.1000080107>
- Carron, A. I., Garibaldi, L. A., Marquez, S., & Fontenla, S. (2020). The soil fungal community of native woodland in Andean Patagonian forest: A case study considering experimental forest management and seasonal effects. *Forest Ecology and Management*, *461*(January), 117955. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.117955>
- Celis, J., Sandoval, M., & Zagal, E. (2009). Evolution of microbial respiratory activity

- in a Patagonian soil amended with salmon-farming sludge. *Austral Journal of Veterinary Sciences*, *41*, 275–279. <https://doi.org/10.4067/S0301-732X2009000300013>
- Chamorro, M. F., Ladio, A., & Molares, S. (2019). Patagonian Berries. *Ethnobotany*, *January 2020*, 50–69. <https://doi.org/10.1201/9780429424069-4>
- Comino, F., Aranda, V., García-Ruiz, R., Ayora-Cañada, M. J., & Domínguez-Vidal, A. (2018). Infrared spectroscopy as a tool for the assessment of soil biological quality in agricultural soils under contrasting management practices. *Ecological Indicators*, *87*(July 2017), 117–126. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.12.046>
- Conti, G., Kowaljow, E., Baptist, F., Rumpel, C., Cuchiatti, A., Pérez Harguindeguy, N., & Díaz, S. (2016). Altered soil carbon dynamics under different land-use regimes in subtropical seasonally-dry forests of central Argentina. *Plant and Soil*, *403*(1–2), 375–387. <https://doi.org/10.1007/s11104-016-2816-2>
- Costantini, E. A. C., & Mocali, S. (2022). Soil health, soil genetic horizons and biodiversity. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, *185*(1), 24–34. <https://doi.org/10.1002/jpln.202100437>
- Costanza, R., D'Arge, R., de Groot, R., Farber, S., Grasso, M., Hannon, B., Limburg, K., Naeem, S., O'Neill, R. V., Paruelo, J., Raskin, R. G., Sutton, P., & van den Belt, M. (1997). The value of the world's ecosystem services and natural capital. *Nature*, *387*, 253–260. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/387253a0>
- Crowther, T. W., van den Hoogen, J., Wan, J., Mayes, M. A., Keiser, A. D., Mo, L., Averill, C., & Maynard, D. S. (2019). The global soil community and its influence on biogeochemistry. *Science*, *365*(6455). <https://doi.org/10.1126/science.aav0550>
- Cui, J., & Holden, N. M. (2015). The relationship between soil microbial activity and microbial biomass, soil structure and grassland management. *Soil and Tillage Research*, *146*(PA), 32–38. <https://doi.org/10.1016/j.still.2014.07.005>

- Culman, S. W., Bukowski, R., Gauch, H. G., Cadillo-Quiroz, H., & Buckley, D. H. (2009). T-REX: Software for the processing and analysis of T-RFLP data. *BMC Bioinformatics*, *10*, 1–10. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-171>
- Cutler, A., & Breiman, L. (1993). *Archetypal Analysis* (Vol. 379).
- D'Acosta, V. M., McGrann, K. M., Hughues, D. W., & Wright, G. D. (2006). Sampling the Antibiotic Resistome Vanessa. *Science*, *311*(January), 374–378.
- da Silva Araujo, L. (2021). Prácticas cotidianas agroecológicas hacia el Sumak Kawsay: Buen Vivir en el territorio del Pueblo Kayambi - Cayambe, Ecuador. In K. A. Bidaseca & P. A. Vommaro (Eds.), *Agroecología en los sistemas andinos* (1ra ed., pp. 85–136). CLACSO - Fundación McKnighth.
- de Abreu, L. H. G., de Freitas, I. C., Santana, P. H. L., de Almeida Barbosa, D. L., Santos, L. D. T., Santos, M. V., Sanglard, D. A., & Frazão, L. A. (2020). Variation in soil carbon, nitrogen and microbial attributes within a silvopastoral system in the Brazilian Cerrado. *Agroforestry Systems*, *94*(6), 2343–2353. <https://doi.org/10.1007/s10457-020-00554-x>
- De Carvalho, T. S., Da Conceição Jesus, E., Barlow, J., Gardner, T. A., Soares, I. C., Tiedje, J. M., & De Souza Moreira, F. M. (2016). Land use intensification in the humid tropics increased both alpha and beta diversity of soil bacteria. *Ecology*, *97*(10), 2760–2771. <https://doi.org/10.1002/ecy.1513>
- De Vries, F. T., Liiri, M. E., Bjørnlund, L., Bowker, M. A., Christensen, S., Setälä, H. M., & Bardgett, R. D. (2012). Land use alters the resistance and resilience of soil food webs to drought. *Nature Climate Change*, *2*(4), 276–280. <https://doi.org/10.1038/nclimate1368>
- de Vries, F. T., Thebault, E., Liiri, M., Birkhofer, K., Tsiafouli, M. A., Bjornlund, L., Bracht Jorgensen, H., Brady, M. V, Christensen, S., de Ruiter, P. C., D'Hertefeldt, T., Frouz, J., Hedlund, K., Hemerik, L., Hol, W. H. G., Hotes, S., Mortimer, S. R., Setala, H., Sgardelis, S. P., ... Bardgett, R. D. (2013). Soil food web properties explain ecosystem services across European land use systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *110*(35), 14296–14301.

<https://doi.org/10.1073/pnas.1305198110>

- Debnath, S., Patra, A. K., Ahmed, N., Kumar, S., & Dwivedi, B. S. (2015). Assessment of microbial biomass and enzyme activities in soil under temperate fruit crops in north western himalayan region. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, *15*(4), 848–866. <https://doi.org/10.4067/S0718-95162015005000059>
- Defrieri, R. L., Sarti, G., Tortarolo, M. F., Escobar-Ortega, J., García de Salamone, I., D’Auria, F., & Effron, D. (2011). Biochemical and microbiological properties of Argentinean Patagonia soil with implanted forest species. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, *11*(3), 111–124. <https://doi.org/10.4067/S0718-95162011000300009>
- Delgado-Baquerizo, M., Maestre, F. T., Reich, P. B., Jeffries, T. C., Gaitán, J. J., Encinar, D., Berdugo, M., Campbell, C. D., & Singh, B. K. (2016). Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems. *Nature Communications*, *7*, 1–8. <https://doi.org/10.1038/ncomms10541>
- Delgado-Baquerizo, M., Oliverio, A. M., Brewer, T. E., Benavent-González, A., Eldridge, D. J., Bardgett, R. D., Maestre, F. T., Singh, B. K., & Fierer, N. (2018). *A global atlas of the dominant bacteria found in soil*. <https://www.science.org>
- Delgado-Baquerizo, M., Reich, P. B., Trivedi, C., Eldridge, D. J., Abades, S., Alfaro, F. D., Bastida, F., Berhe, A. A., Cutler, N. A., Gallardo, A., García-Velázquez, L., Hart, S. C., Hayes, P. E., He, J. Z., Hseu, Z. Y., Hu, H. W., Kirchmair, M., Neuhauser, S., Pérez, C. A., ... Singh, B. K. (2020). Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes. *Nature Ecology and Evolution*, *4*(2), 210–220. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-1084-y>
- Dequiedt, S., Saby, N. P. A., Lelievre, M., Jolivet, C., Thioulouse, J., Toutain, B., Arrouays, D., Bispo, A., Lemanceau, P., & Ranjard, L. (2011). Biogeographical patterns of soil molecular microbial biomass as influenced by soil characteristics and management. *Global Ecology and Biogeography*, *20*(4), 641–652. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2010.00628.x>
- Destoumieux-Garzón, D., Mavingui, P., Boetsch, G., Boissier, J., Darriet, F., Duboz,

- P., Fritsch, C., Giraudoux, P., Roux, F. Le, Morand, S., Paillard, C., Pontier, D., Sueur, C., & Voituron, Y. (2018). The one health concept: 10 years old and a long road ahead. *Frontiers in Veterinary Science*, 5(FEB), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00014>
- Diehl, P., Mazzarino, M. J., Funes, F., Fontenla, S., Gobbi, M., & Ferrari, J. (2003). Nutrient conservation strategies in native Andean-Patagonian forests. *Journal of Vegetation Science*, 14(1), 63–70. <https://doi.org/10.1111/j.1654-1103.2003.tb02128.x>
- Ding, J., & Eldridge, D. J. (2022). Drivers of soil biodiversity vary with organism type along an extensive aridity gradient. *Applied Soil Ecology*, 170(July 2021), 104271. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104271>
- Dini-Andreote, F., Stegen, J. C., Van Elsas, J. D., & Salles, J. F. (2015). Disentangling mechanisms that mediate the balance between stochastic and deterministic processes in microbial succession. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(11), E1326–E1332. <https://doi.org/10.1073/pnas.1414261112>
- Domínguez, A., Escudero, H. J., Rodríguez, M. P., Ortiz, C. E., Arolfo, R. V., & Bedano, J. C. (2023). Agroecology and organic farming foster soil health by promoting soil fauna. *Environment, Development and Sustainability*, 0123456789. <https://doi.org/10.1007/s10668-022-02885-4>
- Doran, J. W., Sarrantonio, M., & Liebig, M. A. (1996). Soil Health and Sustainability. *Advances in Agronomy*, 56(C), 1–54. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60178-9](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60178-9)
- Dosso, M., Nandjui, J., & Avadí, A. (2024). Understanding the Ivorian market vegetables production: Is the agroecological transition the right strategy? *Agricultural Systems*, 218(August 2023), 103971. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2024.103971>
- Du, X., Deng, Y., Li, S., Escalas, A., Feng, K., He, Q., Wang, Z., Wu, Y., Wang, D., Peng, X., & Wang, S. (2021). Steeper spatial scaling patterns of subsoil

- microbiota are shaped by deterministic assembly process. In *Molecular Ecology* (Vol. 30, Issue 4). <https://doi.org/10.1111/mec.15777>
- Dunn, O. J. (1964). Multiple Comparisons Using Rank Sums. *Technometrics*, 6(3), 241–252. <https://doi.org/10.1080/00401706.1965.10490253>
- Durrer, A., Gumiere, T., Taketani, R. G. G., Costa, D. P. da, Pereira e Silva, M. de C., & Andreote, F. D. (2017). The drivers underlying biogeographical patterns of bacterial communities in soils under sugarcane cultivation. *Applied Soil Ecology*, 110, 12–20. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.11.005>
- Easdale, M. H., & López, D. R. (2016). Sustainable livelihoods approach through the lens of the State-and-Transition Model in semi-arid pastoral systems. *Rangeland Journal*, 38(6), 541–551. <https://doi.org/10.1071/RJ15091>
- Effron, D., & Sarti, G. (2015). Parámetros biológicos y niveles de glomalina como indicadores de calidad de un suelo implantado con especies forestales exóticas en la Patagonia Argentina. *Rev. Agronomía & Ambiente*, 35(1), 83–88.
- Eilers, K. G., Debenport, S., Anderson, S., & Fierer, N. (2012). Digging deeper to find unique microbial communities: The strong effect of depth on the structure of bacterial and archaeal communities in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 50, 58–65. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2012.03.011>
- El Mujtar, V. A., Gregorutti, V. C., Ecclesia, R. P., Wingeyer, A., Lezana, L., Canavelli, S. B., & Tittonell, P. (2021). Assessing soil microbial biodiversity as affected by grazing and woody vegetation cover in a temperate savannah. *Annals of Applied Biology*, September 2020, 231–245. <https://doi.org/10.1111/aab.12695>
- El Mujtar, V. A., Zamor, R., Salmerón, F., Guerrero, A. del S., Laborda, L., Tittonell, P., & Hogan, R. (2023). Lexical analysis improves the identification of contextual drivers and farm typologies in the assessment of transitions to agroecology through TAPE – A case study from rural Nicaragua. *Agricultural Systems*, 209, 103686. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2023.103686>
- Epifanio, I. (2016). Functional archetype and archetypoid analysis. *Computational*

- Statistics and Data Analysis*, 104(January 2016), 24–34.
<https://doi.org/10.1016/j.csda.2016.06.007>
- Eugster, M. J. A., & Leisch, F. (2009). From Spider-Man to Hero - Archetypal Analysis in R . *Journal of Statistical Software*, 30(8).
<https://doi.org/10.18637/jss.v030.i08>
- Eyssartier, C., Ladio, A. H., & Inibioma, M. L. (2011). Horticultural and gathering practices complement each other: A case study in a rural population of Northwestern Patagonia. *Ecology of Food and Nutrition*, 50(5), 429–451.
<https://doi.org/10.1080/03670244.2011.604587>
- FAO. (2014). Gender in Agriculture: Closing the Knowledge Gap. In A. R. Quisumbing, R. M.- Dick, T. L. Raney, A. Croppenstedt, J. A. Behrman, & A. Peterman (Eds.), *FAO. The Food and Agriculture Organization of the United Nations and Springer Science + Business Media B.V.*
<https://doi.org/10.1007/978-94-017-8616-4>
- FAO. (2018a). *Los 10 elementos de la agroecología. Guía para la transición hacia sistemas alimentarios y agrícolas sostenibles*. <http://www.fao.org/3/i9037es/I9037ES.pdf>
- FAO. (2018b). *Biodiversity*. <http://www.fao.org/biodiversity/>
- FAO. (2019). *Sex-disaggregated data in agriculture and sustainable resource management*.
- FAO. (2020). *Global Forest Resources Assessment 2020 - Key findings*. FAO.
<https://doi.org/10.4060/ca8753en>
- FAO. (2021). *Keep soil alive, protect soil biodiversity, 19–22 April 2021 – Outcome document* (Issue April).
<https://www.fao.org/documents/card/en/c/cb6005en>
- FAO. (2022). *A primer on soil analysis using visible and near-infrared (vis-NIR) and mid-infrared (MIR) spectroscopy*. FAO. <https://doi.org/10.4060/cb9005en>
- FAO, ITPS, GSBI, CBD, & EC. (2020). *State of Knowledge of Soil Biodiversity - Status, challenges and potentialities*. <https://doi.org/10.4060/cb1928en>

- FAO, & UNEP. (2020). *The State of the World's Forests 2020. Forests, biodiversity and people*. FAO and UNEP. <https://doi.org/10.4060/ca8642en>
- Fernández, M., Trinco, F., López, S., Hara, S., Álvarez, V., El Mujtar, V., & Tiftonell, P. (n.d.). Socio-historic enablers and current biophysical aspects and barriers for Agroecological Living Lab in the “Comarca Andina del Paralelo 42”, Patagonia.. *En Redacción*.
- Fernández, N. V, Marchelli, P., Gherghel, F., Kost, G., & Fontenla, S. B. (2015). Ectomycorrhizal fungal communities in *Nothofagus nervosa* (Raulí): A comparison between domesticated and naturally established specimens in a native forest of Patagonia, Argentina. *Fungal Ecology*, *18*, 36–47. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.05.011>
- Ferreyroa, G. V., Vergara Cid, C., Verdenelli, R. A., Dominchin, M. F., Meriles, J. M., Pignata, M. L., & Rodriguez, J. H. (2019). Availability of lead in agricultural soils amended with compost of biosolid with wood shavings and yard trimmings. *Environmental Science and Pollution Research*, *26*(29), 30324–30332. <https://doi.org/10.1007/s11356-019-06190-y>
- Fierer, N., Jackson, J. A., Vilgalys, R., & Jackson, R. B. (2005). Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*, *71*(7), 4117–4120. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.7.4117-4120.2005>
- Floriani, F. D., El Mujtar, V., Mateo, C., Sola, G., Peñalba, M. G., Sbrancia, R., Marchelli, P., & Fernández, N. V. (2024). Site conditions shaped the effect of silvicultural management on the biodiversity of ectomycorrhizal fungi in mixed *Nothofagus* forests. *Forest Ecology and Management*, *563*(January), 121981. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121981>
- Foote, J. A., Boutton, T. W., & Scott, D. A. (2015). Soil C and N storage and microbial biomass in US southern pine forests: Influence of forest management. *Forest Ecology and Management*, *355*, 48–57. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2015.03.036>

- Fornasier, F., Ascher, J., Ceccherini, M. T., Tomat, E., & Pietramellara, G. (2014). A simplified rapid, low-cost and versatile DNA-based assessment of soil microbial biomass. *Ecological Indicators*, *45*, 75–82. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2014.03.028>
- Franzluebbers, A. J., Wendroth, O., Creamer, N. G., & Feng, G. G. (2020). Focusing the future of farming on agroecology. *Agricultural and Environmental Letters*, *5*(1), 1–6. <https://doi.org/10.1002/ael2.20034>
- Fugère, V., Kasangaki, A., & Chapman, L. J. (2016). Land use changes in an afro-tropical biodiversity hotspot affect stream alpha and beta diversity. *Ecosphere*, *7*(6), 1–18. <https://doi.org/10.1002/ecs2.1355>
- Gaitán, J. J., Bran, D. E., Oliva, G. E., Aguiar, M. R., Bueno, G. G., Ferrante, D., Nakamatsu, V., Ciari, G., Salomone, J. M., Massara, V., Martínez, G. G., & Maestre, F. T. (2018). Aridity and Overgrazing Have Convergent Effects on Ecosystem Structure and Functioning in Patagonian Rangelands. *Land Degradation and Development*, *29*(2), 210–218. <https://doi.org/10.1002/ldr.2694>
- Galili, T. (2015). dendextend: An R package for visualizing, adjusting and comparing trees of hierarchical clustering. *Bioinformatics*, *31*(22), 3718–3720. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv428>
- Gangneux, C., Akpa-Vinceslas, M., Sauvage, H., Desaire, S., Houot, S., & Laval, K. (2011). Fungal, bacterial and plant dsDNA contributions to soil total DNA extracted from silty soils under different farming practices: Relationships with chloroform-labile carbon. *Soil Biology and Biochemistry*, *43*(2), 431–437. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.11.012>
- Gargaglione, V., Gonzalez Polo, M., & Peri, P. L. (2017). Microorganismos del suelo en bosques de ñire en Patagonia Sur. Resultados preliminares. *Ciencia e Investigación Forestal*, *23*(2), 19–28.
- Gliessman, S. (2013). Agroecology: Growing the roots of resistance. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, *37*(1), 19–31.

<https://doi.org/10.1080/10440046.2012.736927>

- Goberna, M., Sánchez, J., Pascual, J. A., & García, C. (2006). Surface and subsurface organic carbon, microbial biomass and activity in a forest soil sequence. *Soil Biology and Biochemistry*, *38*(8), 2233–2243. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2006.02.003>
- Gomez, E. D. V., Garland, J. L., & Roberts, M. S. (2004). Microbial structural diversity estimated by dilution-extinction of phenotypic traits and T-RFLP analysis along a land-use intensification gradient. *FEMS Microbiology Ecology*, *49*(2), 253–259. <https://doi.org/10.1016/j.femsec.2004.03.012>
- Gomori-Ruben, L., & Reid, C. D. (2023). Using TAPE to assess agroecology on women-led farms in the U.S.: Support for environmental and social practices. *Journal of Agriculture, Food Systems, and Community Development*, *13*(1), 129–150. <https://doi.org/10.5304/jafscd.2023.131.003>
- Gong, H., Du, Q., Xie, S., Hu, W., Akram, M. A., Hou, Q., Dong, L., Sun, Y., Manan, A., Deng, Y., Ran, J., & Deng, J. (2021). Soil microbial DNA concentration is a powerful indicator for estimating soil microbial biomass C and N across arid and semi-arid regions in northern China. *Applied Soil Ecology*, *160*. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103869>
- Gonzalez-Polo, M., & Austin, A. T. (2009). Spatial heterogeneity provides organic matter refuges for soil microbial activity in the Patagonian steppe, Argentina. *Soil Biology and Biochemistry*, *41*(6), 1348–1351. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2009.03.008>
- Gonzalez-Polo, M., Bahamonde, H. A., Peri, P. L., Mazzarino, M. J., Fariña, C., & Caballé, G. (2019). Soil microbial processes in a pine silvopastoral system in NW Patagonia. *Agroforestry Systems*, *93*(1), 255–266. <https://doi.org/10.1007/s10457-018-0210-1>
- Gowda, J. H., Kitzberger, T., & Premoli, A. C. (2012). Landscape responses to a century of land use along the northern Patagonian forest-steppe transition. *Plant Ecology*, *213*(2), 259–272. <https://doi.org/10.1007/s11258-011-9972-5>

- Green, V. S., Stott, D. E., & Diack, M. (2006). Assay for fluorescein diacetate hydrolytic activity: Optimization for soil samples. *Soil Biology and Biochemistry*, *38*(4), 693–701. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2005.06.020>
- Griffiths, R. I., Thomson, B. C., James, P., Bell, T., Bailey, M., & Whiteley, A. S. (2011). The bacterial biogeography of British soils. *Environmental Microbiology*, *13*(6), 1642–1654. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02480.x>
- Gryta, A., Frac, M., & Oszust, K. (2020). Genetic and metabolic diversity of soil microbiome in response to exogenous organic matter amendments. *Agronomy*, *10*(4). <https://doi.org/10.3390/agronomy10040546>
- Guerra, C. A., Delgado-Baquerizo, M., Duarte, E., Marigliano, O., Gørgen, C., Maestre, F. T., & Eisenhauer, N. (2021). Global projections of the soil microbiome in the Anthropocene. *Global Ecology and Biogeography*, *30*(5), 987–999. <https://doi.org/10.1111/geb.13273>
- Guimarães, D. V., Gonzaga, M. I. S., da Silva, T. O., da Silva, T. L., da Silva Dias, N., & Matias, M. I. S. (2013). Soil organic matter pools and carbon fractions in soil under different land uses. *Soil and Tillage Research*, *126*(January), 177–182. <https://doi.org/10.1016/j.still.2012.07.010>
- Guo, X., Chen, H. Y. H., Meng, M., Biswas, S. R., Ye, L., & Zhang, J. (2016). Forest Ecology and Management Effects of land use change on the composition of soil microbial communities in a managed subtropical forest. *Forest Ecology and Management*, *373*, 93–99. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2016.03.048>
- Gutiérrez-López, M., Jesús, J. B., Trigo, D., Fernández, R., Novo, M., & Díaz-Cosín, D. J. (2010). Relationships among spatial distribution of soil microarthropods, earthworm species and soil properties. *Pedobiologia*, *53*(6), 381–389. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2010.07.003>
- Hansdotter, S. C. (2022). *The suitability of using FAO's Tool for Agroecological Performance Evaluation (TAPE) in a Norwegian context*. Norwegian University of Life Sciences.

- Hanson, E. J., Throop, P. A., Serce, S., Ravenscroft, J., & Paul, E. A. (2002). Comparison of nitrification rates in blueberry and forest soils. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, *127*(1), 136–142. <https://doi.org/10.21273/jashs.127.1.136>
- Hao, J., Chai, Y. N., Lopes, L. D., Ordóñez, R. A., Wright, E. E., Archontoulis, S., & Schachtman, D. P. (2021). The Effects of Soil Depth on the Structure of Microbial Communities in Agricultural Soils in Iowa (United States). *Applied and Environmental Microbiology*, *87*(4). <https://doi.org/10.1128/AEM.02673-20>
- Hara, S., Villagra, S., Easdale, M., Faverin, C., & Tittonell, P. (2019). ¿Qué tan agroecológicos son los sistemas ganaderos extensivos en Patagonia norte? 1° Congreso Argentino de Agroecología.
- Hartmann, M., Frey, B., Kölliker, R., & Widmer, F. (2005). Semi-automated genetic analyses of soil microbial communities: Comparison of T-RFLP and RISA based on descriptive and discriminative statistical approaches. *Journal of Microbiological Methods*, *61*(3), 349–360. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2004.12.011>
- 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>
- Heděnc, P., Jiménez, J. J., Moradi, J., Domene, X., Hackenberger, D., Barot, S., Frossard, A., Oktaba, L., Filser, J., Kindlmann, P., & Frouz, J. (2022). Global distribution of soil fauna functional groups and their estimated litter consumption across biomes. *Scientific Reports*, *12*(1), 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-21563-z>
- Herlemann, D. P. R., Labrenz, M., Jürgens, K., Bertilsson, S., Waniek, J. J., & Andersson, A. F. (2011). Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *ISME Journal*, *5*(10), 1571–1579. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.41>
- Hernández-Cáceres, D., Stokes, A., Angeles-Alvarez, G., Abadie, J., Anthelme, F.,

- Bounous, M., Freschet, G. T., Roumet, C., Weemstra, M., Merino-Martín, L., & Reverchon, F. (2022). Vegetation creates microenvironments that influence soil microbial activity and functional diversity along an elevation gradient. *Soil Biology and Biochemistry*, 165(April 2021). <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108485>
- Hijmans, R. J., Karney, C., Williams, E., & Vennes, C. (2022). *geosphere: Spherical Trigonometry* (R package version 1.5-18). <https://cran.r-project.org/package=geosphere>
- Hofman, J., & Dušek, L. (2003). Biochemical analysis of soil organic matter and microbial biomass composition - A pilot study. *European Journal of Soil Biology*, 39(4), 217–224. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2003.08.002>
- Hoogsteen, M. J. J., Bakker, E., Eekeren, N. Van, TITTONELL, P. A., Groot, J. C. J., Ittersum, M. K. Van, & Lantinga, E. A. (2020). Do Grazing Systems and Species Composition Affect Root Biomass and Soil Organic Matter Dynamics in Temperate Grassland Swards? *Sustainability*, 12(1260), 1–17. <https://doi.org/10.3390/su12031260>
- Horstink, L., Schwemmlin, K., & Encarnação, M. F. (2023). Food systems in depressed and contested agro-territories: Participatory Rural Appraisal in Odemira, Portugal. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 6. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.1046549>
- Huang, H., Zhou, L., Chen, J., & Wei, T. (2019). *ggcor: Extended tools for correlation analysis and visualization* (version: 0.7.6.). R package.
- Huang, L., Riggins, C. W., Rodríguez-Zas, S., Zabaloy, M. C., & Villamil, M. B. (2019). Long-term N fertilization imbalances potential N acquisition and transformations by soil microbes. *Science of the Total Environment*, 691(September), 562–571. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.154>
- IGN. (2024). *Modelos digitales de elevaciones del Instituto Geográfico Nacional*. <https://mapa.ign.gob.ar/>

- IICA. (2013). *Desarrollo Territorial con Enfoque de Sistemas Agroalimentarios Localizados (AT- SIAL): La Comarca Andina del Paralelo 42°, Argentina* (IICA (Ed.)).
- Instituto Nacional de Estadística y Censos. (2023). Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas 2022. Resultados definitivos Indicadores demográficos, por sexo y edad. In *Censo nacional de población, hogares y viviendas 2022* (Vol. 26).
http://www.inr.pt/uploads/docs/recursos/2013/20Censos2011_res_definitivos.pdf
- Jalili, V., Afgan, E., Gu, Q., Clements, D., Blankenberg, D., Goecks, J., Taylor, J., & Nekrutenko, A. (2021). The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2020 update. *Nucleic Acids Research*, *48*(W1), W395–W402. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKAA434>
- James, D., Blesh, J., Levers, C., Ramankutty, N., Bicksler, A. J., Mottet, A., & Wittman, H. (2023). The state of agroecology in Brazil: An indicator-based approach to identifying municipal “bright spots.” *Elementa*, *11*(1), 1–24. <https://doi.org/10.1525/elementa.2023.00011>
- James, D., Wolff, R., & Wittman, H. (2023). Agroecology as a Philosophy of Life. *Agriculture and Human Values*, *40*(4), 1437–1450. <https://doi.org/10.1007/s10460-023-10455-1>
- Janušauskaite, D., Kadžiene, G., & Auškalniene, O. (2013). The effect of tillage system on soil microbiota in relation to soil structure. *Polish Journal of Environmental Studies*, *22*(5), 1387–1391.
- Jia, X., Dini-Andreote, F., & Falcão Salles, J. (2018). Community Assembly Processes of the Microbial Rare Biosphere. *Trends in Microbiology*, *26*(9), 738–747. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.02.011>
- Jiang, X., Wright, A. L., Wang, J., & Li, Z. (2011). Long-term tillage effects on the distribution patterns of microbial biomass and activities within soil aggregates. *Catena*, *87*(2), 276–280. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2011.06.011>

- Jiao, S., Lu, Y., & Wei, G. (2022). Soil multitrophic network complexity enhances the link between biodiversity and multifunctionality in agricultural systems. *Global Change Biology*, 28(1), 140–153. <https://doi.org/10.1111/gcb.15917>
- Jiménez, J. J., Decaëns, T., Lavelle, P., & Rossi, J. P. (2014). Dissecting the multi-scale spatial relationship of earthworm assemblages with soil environmental variability. *BMC Ecology*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/s12898-014-0026-4>
- Kamali, N., Sadeghipour, A., Souri, M., & Mastinu, A. (2022). Variations in Soil Biological and Biochemical Indicators under Different Grazing Intensities and Seasonal Changes. *Land*, 11(9), 1537. <https://doi.org/10.3390/land11091537>
- 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>
- Katsalirou, E., Deng, S., Nofziger, D. L., Gerakis, A., & Fuhlendorf, S. D. (2010). Spatial structure of microbial biomass and activity in prairie soil ecosystems. *European Journal of Soil Biology*, 46(3–4), 181–189. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2010.04.005>
- Keesstra, S. D., Bouma, J., Wallinga, J., Tittonell, P., Smith, P., Cerdà, A., Montanarella, L., Quinton, J. N., Pachepsky, Y., Van Der Putten, W. H., Bardgett, R. D., Moolenaar, S., Mol, G., Jansen, B., & Fresco, L. O. (2016). The significance of soils and soil science towards realization of the United Nations sustainable development goals. *Soil*, 2(2), 111–128. <https://doi.org/10.5194/soil-2-111-2016>
- Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., & Webb, C. O. (2010). Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, 26(11), 1463–1464. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>
- Khomutova, T. E., Fornasier, F., Yeltsov, M. V., Chernysheva, E. V., & Borisov, A. V. (2021). Influence of grazing on the structure and biological activity of dry steppe soils of the southern Russian Plain. *Land Degradation and Development*, 32(17),

4832–4844. <https://doi.org/10.1002/ldr.4032>

- Kibblewhite, M. G., Ritz, K., & Swift, M. J. (2008). Soil health in agricultural systems. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 363(1492), 685–701. <https://doi.org/10.1098/rstb.2007.2178>
- Kim, H. S., Lee, S. H., Jo, H. Y., Finneran, K. T., & Kwon, M. J. (2021). Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland. *Science of the Total Environment*, 797. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148944>
- Kintché, K., Guibert, H., & Sogbedji, J. M. (2010). Carbon losses and primary productivity decline in savannah soils under cotton-cereal rotations in semiarid Togo. *Plant and Soil*, 336, 469–484. <https://doi.org/10.1007/s11104-010-0500-5>
- Kiseleva, M. (2021). Agroecology living labs: defining characteristics and key components of their successful orchestration. In *Change the future together: Co-creating impact for more inclusive, sustainable & healthier cities and communities*. <https://openlivinglabdays.com>
- Kotroczó, Z., Kocsis, T., Juhos, K., Halász, J., & Fekete, I. (2022). How Does Long-Term Organic Matter Treatment Affect the Biological Activity of a Centre European Forest Soil? *Agronomy*, 12(10). <https://doi.org/10.3390/agronomy12102301>
- Laborda, L., Álvarez, V., Agüero, J. M., & Ocariz, P. (2019). Motivaciones de las productoras de la “Feria Franca Horticultores Nahuel Huapi” y su rol en la agroecología. *1° Congreso Argentino de Agroecología*, 1295–1405.
- Laborda, L., Easdale, M. H., Fallot, A., Ocariz, M. P., & Tittonell, P. A. (2023). Rise from the ashes! Resilience patterns in Patagonia pastoralist communities. *Sustainable Development*. <https://doi.org/10.1002/sd.2679>
- Labouyrie, M., Ballabio, C., Romero, F., Panagos, P., Jones, A., Schmid, M. W., Mikryukov, V., Dulya, O., Tedersoo, L., Bahram, M., Lugato, E., van der

- Heijden, M. G. A., & Orgiazzi, A. (2023). Patterns in soil microbial diversity across Europe. *Nature Communications*, *14*(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37937-4>
- Lauber, C. L., Ramirez, K. S., Aanderud, Z., Lennon, J., & Fierer, N. (2013). Temporal variability in soil microbial communities across land-use types. *The ISME Journal*, *7*(8), 1641–1650. <https://doi.org/10.1038/ismej.2013.50>
- Lavelle, P., Bignell, D., Lepage, M., Wolters, V., Roger, P., Ineson, P., Heal, O. W., & Dhillon, S. (1997). Soil function in a changing world: The role of invertebrate ecosystem engineers. *European Journal of Soil Biology*, *33*(4), 159–193.
- The concept and future prospects of soil health, 1 *Nature Reviews Earth and Environment* *544* (2020). <https://doi.org/10.1038/s43017-020-0080-8>
- Lenth, R. V. (2016). Least-squares means: The R package lsmeans. *Journal of Statistical Software*, *69*(1). <https://doi.org/10.18637/jss.v069.i01>
- Lepcha, N. T., & Devi, N. B. (2020). Effect of land use, season, and soil depth on soil microbial biomass carbon of Eastern Himalayas. *Ecological Processes*, *9*(1). <https://doi.org/10.1186/s13717-020-00269-y>
- Li, W., Kuzyakov, Y., Zheng, Y., Li, P., Li, G., Liu, M., Alharbi, H. A., & Li, Z. (2022). Depth effects on bacterial community assembly processes in paddy soils. *Soil Biology and Biochemistry*, *165*(November 2021), 108517. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108517>
- Li, Y., Chang, S. X., Tian, L., & Zhang, Q. (2018). Conservation agriculture practices increase soil microbial biomass carbon and nitrogen in agricultural soils: A global meta-analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, *121*(February), 50–58. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.02.024>
- Liu, H., Du, X., Li, Y., Han, X., Li, B., Zhang, X., Li, Q., & Liang, W. (2022). Organic substitutions improve soil quality and maize yield through increasing soil microbial diversity. *Journal of Cleaner Production*, *347*(March). <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2022.131323>

- Liu, H., Mirzaee, H., Rincon-Florez, V., Moyle, R., Spohn, M., Carvalhais, L. C., & Schenk, P. M. (2017). Emerging culture-independent tools to enhance our understanding for soil microbial ecology Emerging culture-independent tools. *Microbial Biomass: A Paradigm Shift in Terrestrial Biogeochemistry*, 1–348. <https://doi.org/10.1142/9781786341310>
- Liu, Y., Zhang, M., Peng, W., Qu, X., Zhang, Y., Du, L., & Wu, N. (2021). Phylogenetic and functional diversity could be better indicators of macroinvertebrate community stability. *Ecological Indicators*, 129, 107892. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.107892>
- López, D. R., Cavallero, L., Brizuela, M. A., & Aguiar, M. R. (2011). Ecosystemic structural-functional approach of the state and transition model. *Applied Vegetation Science*, 14(1), 6–16. <https://doi.org/10.1111/j.1654-109X.2010.01095.x>
- Loureiro, D. C., De-Polli, H., Ceddia, M. B., & de Aquino, A. M. (2010). Spatial variability of microbial biomass and organic matter labile pools in a haplic planosol soil. *Bragantia*, 69(SUPPL.), 85–95. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052010000500010>
- Lucantoni, D., Casella, M., Marengo, A., Mariatti, A., Mottet, A., Bicksler, A., Sy, M. R., & Escobar, F. (2022). Informe sobre el uso del Instrumento para la Evaluación del Desempeño de la Agroecología (TAPE) en Argentina Resultados y discusión desde el Área Metropolitana de Rosario. *FAO*.
- Lucantoni, D., Sy, M. R., Goita, M., Veyret-Picot, M., Vicovaro, M., Bicksler, A., & Mottet, A. (2023). Evidence on the multidimensional performance of agroecology in Mali using TAPE. *Agricultural Systems*, 204(September 2022), 103499. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2022.103499>
- Lucantoni, D., Thulo, M., Makhoebe, L. M., Mottet, A., Bicksler, A., & Sy., M. R. (2022). *Tool for Agroecology Performance Evaluation (TAPE) in Lesotho in the context of the Restoration of Landscape and Livelihoods Project (ROLL). Results and analysis*. https://doi.org/10.1007/978-981-13-1241-0_4

- Lucchesi, G. P. (2019). *Living Labs: Science, Society and Co-creation*.
- Lupatini, M., Korthals, G. W., Roesch, L. F. W., & Kuramae, E. E. (2019). Long-term farming systems modulate multi-trophic responses. *Science of the Total Environment*, *646*, 480–490. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.07.323>
- Lupatini, M., Suleiman, A. K. a., Jacques, R. J. S., Antonioli, Z. I., de Siqueira Ferreira, A. A., Kuramae, E. E., & Roesch, L. F. W. (2014). Network topology reveals high connectance levels and few key microbial genera within soils. *Frontiers in Environmental Science*, *2*(May), 1–11. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2014.00010>
- Lynn, T. M., Ge, T., Yuan, H., Wei, X., Wu, X., Xiao, K., Kumaresan, D., Yu, S. S., Wu, J., & Whiteley, A. S. (2017). Soil Carbon-Fixation Rates and Associated Bacterial Diversity and Abundance in Three Natural Ecosystems. *Microbial Ecology*, *73*(3), 645–657. <https://doi.org/10.1007/s00248-016-0890-x>
- Madariaga, M. C., & López, S. (2020). *Diagnóstico histórico y socio económico para la comprensión de los procesos de cambio en la Comarca Andina del paralelo 42°*. <http://hdl.handle.net/20.500.12123/10007>
- Mangiafico, S. (2022). *rcompanion: Functions to Support Extension Education Program Evaluation* (2.4.18). R package. <http://rcompanion.org/>
- Marchelli, P., Pastorino, M. J., & Gallo, L. A. (2020). Temperate Subantarctic Forests: A Huge Natural Laboratory. In M. J. Pastorino & P. Marchelli (Eds.), *Low Intensity Breeding of Native Forest Trees in Argentina: Genetic Basis for their Domestication and Conservation* (pp. 27–54). Springer Cham. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-56462-9>
- Marcos, M. S., & Olivera, N. L. (2016). Microbiological and Biochemical Indicators for Assessing Soil Quality in Drylands from Patagonia. In N. L. Olivera, D. Libkind, & E. Donati (Eds.), *Biology and Biotechnology of Patagonian Microorganisms*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-42801-7>

- Marino, D., Curcio, F., Felici, F. B., & Mazzocchi, G. (2024). Toward Evidence-Based Local Food Policy: An Agroecological Assessment of Urban Agriculture in Rome. *Land*, *13*(1), 1–17. <https://doi.org/10.3390/land13010030>
- Marion, Z. H., Orwin, K. H., Wood, J. R., Holdaway, R. J., & Dickie, I. A. (2021). Land use, but not distance, drives fungal beta diversity. *Ecology*, *102*(11), 1–24. <https://doi.org/10.1002/ecy.3487>
- Marsden, C., Martin-Chave, A., Cortet, J., Hedde, M., & Capowiez, Y. (2020). How agroforestry systems influence soil fauna and their functions - a review. *Plant and Soil*, *453*(1–2), 29–44. <https://doi.org/10.1007/s11104-019-04322-4>
- Marstorp, H., Guan, X., & Gong, P. (2000). *Relationship between dsDNA, chloroform labile C and ergosterol in soils of different organic matter contents and pH*. www.elsevier.com/locate/soilbio
- Martínez Arbizu, P. (2020). *pairwiseAdonis: Pairwise multilevel comparison using adonis*. R package v0.4. <https://github.com/pmartinezarbizu/pairwiseAdonis>
- Martínez Pastur, G., Peri, P. L., Lencinas, M. V., García-Llorente, M., & Martín-López, B. (2016). Spatial patterns of cultural ecosystem services provision in Southern Patagonia. *Landscape Ecology*, *31*(2), 383–399. <https://doi.org/10.1007/s10980-015-0254-9>
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). Phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. *PLoS ONE*, *8*(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>
- Medo, J., Maková, J., Medová, J., Lipková, N., Cinkocki, R., Omelka, R., & Javoreková, S. (2021). Changes in soil microbial community and activity caused by application of dimethachlor and linuron. *Scientific Reports*, *11*(1), 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91755-6>
- Mendes, L. W., de Lima Brossi, M. J., Kuramae, E. E., & Tsai, S. M. (2015). Land-use system shapes soil bacterial communities in Southeastern Amazon region. *Applied Soil Ecology*, *95*, 151–160. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2015.06.005>

- Mgelwa, A. S., Hu, Y. L., Xu, W. Bin, Ge, Z. Q., & Yu, T. W. (2019). Soil carbon and nitrogen availability are key determinants of soil microbial biomass and respiration in forests along urbanized rivers of southern China. *Urban Forestry and Urban Greening*, 43(November 2018), 126351. <https://doi.org/10.1016/j.ufug.2019.05.013>
- Miglioranza, K. S. B., Gonzalez, M., Ondarza, P. M., Shimabukuro, V. M., Isla, F. I., Fillmann, G., Aizpún, J. E., & Moreno, V. J. (2013). Assessment of Argentinean Patagonia pollution: PBDEs, OCPs and PCBs in different matrices from the Río Negro basin. *Science of the Total Environment*, 452–453, 275–285. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.02.055>
- Millenium Ecosystem Assessment. (2005). *Ecosystems and human well-being*. Island Press.
- Minton, N. P. (2003). Clostridia in cancer therapy. *Nature Reviews Microbiology*, 1(December), 237–242.
- Miserendino, M. L., Casaux, R., Archangelsky, M., Di Prinzio, C. Y., Brand, C., & Kutschker, A. M. (2011). Assessing land-use effects on water quality, in-stream habitat, riparian ecosystems and biodiversity in Patagonian northwest streams. *Science of the Total Environment*, 409(3), 612–624. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2010.10.034>
- Modernel, P., Picasso, V., Do Carmo, M., Rossing, W. A. H., Corbeels, M., Soca, P., Dogliotti, S., & Tiftonell, P. (2019). Grazing management for more resilient mixed livestock farming systems on native grasslands of southern South America. *Grass and Forage Science*, 74(4), 636–649. <https://doi.org/10.1111/gfs.12445>
- Moghimian, N., Hosseini, S. M., Kooch, Y., & Darki, B. Z. (2017). Impacts of changes in land use/cover on soil microbial and enzyme activities. *Catena*, 157(June), 407–414. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2017.06.003>
- Molares, S., & Ladio, A. (2012). Mapuche perceptions and conservation of Andean Nothofagus forests and their medicinal plants: A case study from a rural

- community in Patagonia, Argentina. *Biodiversity and Conservation*, 21(4), 1079–1093. <https://doi.org/10.1007/s10531-012-0241-2>
- Mottet, A., Bicksler, A., Lucantoni, D., De Rosa, F., Scherf, B., Scopel, E., López-Ridaura, S., Gemmil-Herren, B., Bezner Kerr, R., Sourisseau, J. M., Petersen, P., Chotte, J. L., Loconto, A., & Tittonell, P. (2020). Assessing Transitions to Sustainable Agricultural and Food Systems: A Tool for Agroecology Performance Evaluation (TAPE). *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4(December), 1–21. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.579154>
- Moulin, C., Pruneau, L., Vaillant, V., & Loranger-Merciris, G. (2023). Impacts of agroecological practices on soil microbial communities in experimental open-field vegetable cropping systems. *FEMS Microbiology Ecology*, 99(4), fiad030. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiad030>
- Mouquet, N., Devictor, V., Meynard, C. N., Munoz, F., Bersier, L. F., Chave, J., Couteron, P., Dalecky, A., Fontaine, C., Gravel, D., Hardy, O. J., Jabot, F., Lavergne, S., Leibold, M., Mouillot, D., Münkemüller, T., Pavoine, S., Prinzing, A., Rodrigues, A. S. L., ... Thuiller, W. (2012). Ecophylogenetics: Advances and perspectives. *Biological Reviews*, 87(4), 769–785. <https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2012.00224.x>
- Murugan, R., Koch, H. J., & Joergensen, R. G. (2014). Long-term influence of different tillage intensities on soil microbial biomass, residues and community structure at different depths. *Biology and Fertility of Soils*, 50(3), 487–498. <https://doi.org/10.1007/s00374-013-0871-x>
- Nazaries, L., Tottey, W., Robinson, L., Khachane, A., Al-Soud, W. A., Sørensen, S., & Singh, B. K. (2015). Shifts in the microbial community structure explain the response of soil respiration to land-use change but not to climate warming. *Soil Biology and Biochemistry*, 89, 123–134. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.06.027>
- Nielsen, U. N., Osler, G. H. R., Campbell, C. D., Burslem, D. F. R. P., & van der Wal, R. (2012). Predictors of fine-scale spatial variation in soil mite and microbe

- community composition differ between biotic groups and habitats. *Pedobiologia*, 55(2), 83–91. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2011.11.002>
- Nielsen, U. N., Wall, D. H., & Six, J. (2015). Soil Biodiversity and the Environment. *Annual Review of Environment and Resources*, 40, 63–90. <https://doi.org/10.1146/annurev-environ-102014-021257>
- Nunes, M. R., Karlen, D. L., Veum, K. S., Moorman, T. B., & Cambardella, C. A. (2020). Biological soil health indicators respond to tillage intensity: A US meta-analysis. *Geoderma*, 369(March), 114335. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2020.114335>
- Ocariz, M. P., & Ojeda, J. C. (2018). La Feria Franca de Horticultores “Nahuel Huapi” Bariloche, Río Negro, Argentina. *VII Congreso Latinoamericano de Agroecología*, 687–699. <https://editorial.upnvirtual.edu.mx/index.php/revistas/entremaestr-s/10-revista-entre-maestr-s/367-numero-57>
- Ochoa, J. J., Moncunill, E. L. N., Puntieri, J. G., Güenuleo, B. S., Stefe, S. E., Cardozo, M. L., Neranzi Barriaga, F., Martinez, E. E., Torrego, S., & Naon, S. (2019). Saberes Locales Y Frutos Comestibles De Plantas Nativas En La Comarca Andina Del Paralelo 42° (Patagonia, Argentina). *Ethnoscintia*, 4(1), 1–9. <https://doi.org/10.22276/ethnoscintia.v4i1.247>
- Ogle, D. H., Dolll, J. C., Wheeler, P., & Dinno, A. (2022). *FSA: Fisheries Stock Analysis* (version 0.9.3). R package. <https://github.com/fishR-Core-Team/FSA>
- Oksanen, J., Kindt, G. L., Roeland, S. F., Blanchet, G., Legendre, P., Minchin, P. R., O’Hara, R. B., Solymos, P., Stevens, M. H. H., Szoecs, E., Wagner, H., Barbour, M., Bedward, M., Bolker, B., Borcard, D., Carvalho, G., Chirico, M., Caceres, M. De, Durand, S., ... Weedon, J. (2022). *vegan: Community Ecology Package* (2.6-2). <https://github.com/vegandevs/vegan>
- Orgiazzi, A., Bardgett, R. D., Barrios, E., Behan-Pelletier, V., Briones, M. J. I., Chotte, J.-L., De Deyn, G. B., Eggleton, P., Fierer, N., Fraser, T., Hedlund, K., Jeffery, S., Johnson, N. C., Jones, A., Kandeler, E., Kaneko, N., Lavelle, P., Lemanceau, P., Miko, L., ... Wall, D. H. (2016). *Global Soil Biodiversity Atlas European*

Commission. <https://doi.org/10.2788/799182>

- Oszust, K., & Fraç, M. (2021). First report on the microbial communities of the wild and planted raspberry rhizosphere – A statement on the taxa, processes and a new indicator of functional diversity. *Ecological Indicators*, 121. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.107117>
- Panigatti, J. L. (2010). *Argentina 200 Años, 200 Suelos* (INTA (Ed.)).
- Paruelo, J. M., Jobbagy, E. G., & Sala, O. E. (1998). Biozones of Patagonia (Argentina). *Ecologia Austral*, 8(2), 145–153.
- Pasquini, C. (2003). Near infrared spectroscopy: Fundamentals, practical aspects and analytical applications. *Journal of the Brazilian Chemical Society*, 14(2), 198–219. <https://doi.org/10.1590/S0103-50532003000200006>
- Paula, F. S., Rodrigues, J. L. M., Zhou, J., Wu, L., Mueller, R. C., Mirza, B. S., Bohannan, B. J. M., Nüsslein, K., Deng, Y., Tiedje, J. M., & Pellizari, V. H. (2014). Land use change alters functional gene diversity, composition and abundance in Amazon forest soil microbial communities. *Molecular Ecology*, 23(12), 2988–2999. <https://doi.org/10.1111/mec.12786>
- Peng, W., Zhu, Y., Song, M., Du, H., Song, T., Zeng, F., Zhang, F., Wang, K., Luo, Y., Lan, X., & Zhang, J. (2019). The spatial distribution and drivers of soil microbial richness and diversity in a karst broadleaf forest. *Forest Ecology and Management*, 449(July). <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.03.033>
- Peng, Z., Qian, X., Liu, Y., Li, X., Gao, H., An, Y., Qi, J., Jiang, L., Zhang, Y., Chen, S., Pan, H., Chen, B., Liang, C., van der Heijden, M. G. A., Wei, G., & Jiao, S. (2024). Land conversion to agriculture induces taxonomic homogenization of soil microbial communities globally. *Nature Communications*, 15(1), 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-47348-8>
- Plassart, P., Prévost-Bouré, N. C., Uroz, S., Dequiedt, S., Stone, D., Creamer, R., Griffiths, R. I., Bailey, M. J., Ranjard, L., & Lemanceau, P. (2019). Soil parameters, land use, and geographical distance drive soil bacterial

- communities along a European transect. *Scientific Reports*, 9(1), 1–17. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-36867-2>
- Prack McCormick, B., El Mujtar, V. A., Cardozo, A., Álvarez, V. E., Rodríguez, H. A., & Tiftonell, P. A. (2022). Nutrient source , management system and the age of the plantation affect soil biodiversity and chemical properties in raspberry production. *European Journal of Soil Biology*, 111(June). <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2022.103420>
- 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>
- Prieto, L. H., Bertiller, M. B., Carrera, A. L., & Olivera, N. L. (2011). Soil enzyme and microbial activities in a grazing ecosystem of Patagonian Monte, Argentina. *Geoderma*, 162(3–4), 281–287. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2011.02.011>
- R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
- Ralte, V., Pandey, H. N., Barik, S. K., Tripathi, R. S., & Prabhu, S. D. (2005). Changes in microbial biomass and activity in relation to shifting cultivation and horticultural practices in subtropical evergreen forest ecosystem of north-east India. *Acta Oecologica*, 28(2), 163–172. <https://doi.org/10.1016/j.actao.2005.04.001>
- Ramette, A., & Tiedje, J. M. (2007). Multiscale responses of microbial life to spatial distance and environmental heterogeneity in a patchy ecosystem. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(8), 2761–2766. <https://doi.org/10.1073/pnas.0610671104>
- Recha, J. W., Olale, K. O., Sila, A., Ambaw, G., Radeny, M., & Solomon, D. (2021). Ensemble modeling on near-infrared spectra as rapid tool for assessment of soil health indicators for sustainable food production systems. *Soil Systems*, 5(4), 1–15. <https://doi.org/10.3390/soilsystems5040069>

- Reinert, M. (1983). Une méthode de classification descendante hiérarchique : application à l'analyse lexicale par contexte. *Les Cahiers de l'Analyse Des Données*, 15(1), 21–36.
- Reza, S. K., Baruah, U., Nath, D. J., Sarkar, D., & Gogoi, D. (2014). Microbial biomass and enzyme activity in relation to shifting cultivation and horticultural practices in humid subtropical North-Eastern India. *Range Management and Agroforestry*, 35(1), 78–84.
- Ribeiro, P. J., & Diggle, P. J. (2016). geoR: A package for geostatistical data analysis using the R software. *R News*, 1(June), 15–18. <http://www.leg.ufpr.br/geoR/>
- Richter-Heitmann, T., Hofner, B., Krah, F. S., Sikorski, J., Wüst, P. K., Bunk, B., Huang, S., Regan, K. M., Berner, D., Boeddinghaus, R. S., Marhan, S., Prati, D., Kandeler, E., Overmann, J., & Friedrich, M. W. (2020). Stochastic Dispersal Rather Than Deterministic Selection Explains the Spatio-Temporal Distribution of Soil Bacteria in a Temperate Grassland. *Frontiers in Microbiology*, 11(June), 1–19. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01391>
- Romdhane, S., Spor, A., Banerjee, S., Breuil, M. C., Bru, D., Chabbi, A., Hallin, S., van der Heijden, M. G. A., Saghai, A., & Philippot, L. (2022). Land-use intensification differentially affects bacterial, fungal and protist communities and decreases microbiome network complexity. *Environmental Microbiomes*, 17(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/s40793-021-00396-9>
- Rossard, V., Boulet, J.-C., Latrille, E., Roger, J.-M., Ecartot, M., & Goge, F. (2016). *ChemFlow: chemometrics using Galaxy*. <https://vm-chemflow-francegrille.eu/>
- Rothkugel, M. (1916). *Los Bosques Patagónicos*. Ministerio de Agricultura de la Nación.
- RStudio Team. (2015). *RStudio: Integrated Development for R*. RStudio, Inc. <https://www.rstudio.com/>
- Santoni, M., Verdi, L., Imran Pathan, S., Napoli, M., Dalla Marta, A., Dani, F. R., Pacini, G. C., & Ceccherini, M. T. (2023). Soil microbiome biomass, activity,

- composition and CO₂ emissions in a long-term organic and conventional farming systems. *Soil Use and Management*, 39(1), 588–605. <https://doi.org/10.1111/sum.12836>
- Schumacher, T. E., Eynard, A., & Chintala, R. (2015). Rapid cost-effective analysis of microbial activity in soils using modified fluorescein diacetate method. *Environmental Science and Pollution Research International*, 22(6), 4759–4762. <https://doi.org/10.1007/s11356-014-3922-4>
- Seibert, I. G., Sayeed, A. T., Goergieva, Z., & Guerra, A. (2010). Without Feminism, There Is No Agroecology. *Right to Food and Nutrition Watch*, 42–50.
- Semenov, M., Blagodatskaya, E., Stepanov, A., & Kuzyakov, Y. (2018). DNA-based determination of soil microbial biomass in alkaline and carbonaceous soils of semi-arid climate. *Journal of Arid Environments*, 150(November 2017), 54–61. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2017.11.013>
- Sepúlveda, J. E. A., & Chillo, V. (2017). Cambios en la diversidad funcional del sotobosque y la tasa de descomposición frente a diferentes intensidades de uso silvopastoril en el noroeste de la Patagonia, Argentina. *Ecologia Austral*, 27(1), 29–38.
- Sharma, P. (2003). Stakeholder mapping technique: Toward the development of a family firm typology. *Academy of Management - Annual Conference, September*, 1–24. <https://webaccess.wlu.ca/documents/842/2003-01-MOB.pdf>
- Singh, B. K. (2010). Exploring microbial diversity for biotechnology: The way forward. *Trends in Biotechnology*, 28(3), 111–116. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2009.11.006>
- Singh, J., Schädler, M., Demetrio, W., Brown, G. G., & Eisenhauer, N. (2019). Climate change effects on earthworms - a review. *Soil Organisms*, 91(3), 114–138. <https://doi.org/10.25674/so91iss3pp114>
- SMN. (2024). *Estadísticas climáticas del Sistema Meteorológico Nacional*. <https://www.smn.gob.ar/estadisticas>

- Sokal, R. R., & Rohlf, F. J. (Eds.). (1995). *Biometry* (3rd ed.). W.H. Freeman.
- Sokolowski, A. C., Álvarez, V. E., Mangiarotti, A., Gonçalves Vila Cova, C., De Grazia, J., Rodríguez, H. A., Barrios, M. B., & Prack McCormick, B. (2023). Multidimensional performance of periurban horticulture: assessing agroecological transition and soil health. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 00(00), 1–30. <https://doi.org/10.1080/21683565.2023.2279972>
- Soleimani, A., Hosseini, S. M., Massah Bavani, A. R., Jafari, M., & Francaviglia, R. (2019). Influence of land use and land cover change on soil organic carbon and microbial activity in the forests of northern Iran. *Catena*, 177(February), 227–237. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2019.02.018>
- Soriano-Disla, J. M., Janik, L. J., Viscarra Rossel, R. A., MacDonald, L. M., & McLaughlin, M. J. (2014). The performance of visible, near-, and mid-infrared reflectance spectroscopy for prediction of soil physical, chemical, and biological properties. *Applied Spectroscopy Reviews*, 49(2), 139–186. <https://doi.org/10.1080/05704928.2013.811081>
- Sparks, D. L., Page, A. L., Helmke, P. A., Loeppert, R. H., Soltanpour, P. N., Tabatabai, M. A., Johnston, C. T., & Sumner, M. E. (Eds.). (1996). *Methods of Soil Analysis*. Soil Science Society of America, American Society of Agronomy. <https://doi.org/10.2136/sssabookser5.3>
- Srivastava, D. S., Cadotte, M. W., Macdonald, A. A. M., Marushia, R. G., & Mirotnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology Letters*, 15(7), 637–648. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x>
- Stegen, J. C., Lin, X., Fredrickson, J. K., Chen, X., Kennedy, D. W., Murray, C. J., Rockhold, M. L., & Konopka, A. (2013). Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them. *The ISME Journal*, 7(11), 2069–2079. <https://doi.org/10.1038/ismej.2013.93>
- Stegen, J. C., Lin, X., Konopka, A. E., & Fredrickson, J. K. (2012). Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities. *The*

- ISME Journal*, 6(9), 1653–1664. <https://doi.org/10.1038/ismej.2012.22>
- Štursová, M., Bárta, J., Šantrůčková, H., & Baldrian, P. (2016). Small-scale spatial heterogeneity of ecosystem properties, microbial community composition and microbial activities in a temperate mountain forest soil. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(12), fiw185. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw185>
- Sun, T., Wang, Y., Lucas-Borja, M. E., Jing, X., & Feng, W. (2021). Divergent vertical distributions of microbial biomass with soil depth among groups and land uses. *Journal of Environmental Management*, 292(May), 112755. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.112755>
- Sun, Y., Luo, C., Jiang, L., Song, M., Zhang, D., Li, J., Li, Y., Ostle, N. J., & Zhang, G. (2020). Land-use changes alter soil bacterial composition and diversity in tropical forest soil in China. *Science of the Total Environment*, 712, 136526. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.136526>
- Sünnemann, M., Alt, C., Kostin, J. E., Lochner, A., Reitz, T., Siebert, J., Schädler, M., & Eisenhauer, N. (2021). Low-intensity land-use enhances soil microbial activity, biomass and fungal-to-bacterial ratio in current and future climates. *Journal of Applied Ecology*, 58(11), 2614–2625. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.14004>
- Swift, M., Vandermeer, J., Ramakrishnan, P., Anderson, J., Ong, C., & Hawkins, B. (1996). *Biodiversity and agroecosystem function* (H. A. Mooney, J. H. Cushman, E. Medina, O. E. Sala, & E. D. Schulze (Eds.)). John Wiley & Sons Ltd. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19970710556>
- Tahat, M. M., Alananbeh, K. M., Othman, Y. A., & Leskovar, D. I. (2020). Soil health and sustainable agriculture. *Sustainability (Switzerland)*, 12(12), 1–26. <https://doi.org/10.3390/SU12124859>
- Takahashi, T., & Shoji, S. (2002). Distribution and classification of volcanic ash soils. *Global. Environ. Res.*, 6(2), 83–97. <http://ns.airies.or.jp/publication/ger/pdf/06-2-10.pdf>

- Tapsoba, P. K., Aoudji, A. K. N., Kestemont, M. P., Konkobo, M. K., & Achigan-Dako, E. G. (2023). Clustering smallholders' farmers to highlight and address their agroecological transition potential in Benin and Burkina Faso. *Current Research in Environmental Sustainability*, 5(June 2022), 100220. <https://doi.org/10.1016/j.crsust.2023.100220>
- Tardy, V., Spor, A., Mathieu, O., Lévêque, J., Terrat, S., Plassart, P., Regnier, T., Bardgett, R. D., van der Putten, W. H., Roggero, P. P., Seddaiu, G., Bagella, S., Lemanceau, P., Ranjard, L., & Maron, P. A. (2015). Shifts in microbial diversity through land use intensity as drivers of carbon mineralization in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 90, 204–213. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.08.010>
- Thakur, A. (2019). NIR analysis as an integrated tool for the assessment of soil quality. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(1), 1985–1987. <https://www.phytojournal.com/archives/2019.v8.i1.7060/nir-analysis-as-an-integrated-tool-for-the-assessment-of-soil-quality%0Ahttps://www.phytojournal.com/archives/2019/vol8issue1/PartAG/8-1-447-241.pdf>
- Thakur, M. P., Phillips, H. R. P., Brose, U., De Vries, F. T., Lavelle, P., Loreau, M., Mathieu, J., Mulder, C., Van der Putten, W. H., Rillig, M. C., Wardle, D. A., Bach, E. M., Bartz, M. L. C., Bennett, J. M., Briones, M. J. I., Brown, G., Decaëns, T., Eisenhauer, N., Ferlian, O., ... Cameron, E. K. (2020). Towards an integrative understanding of soil biodiversity. *Biological Reviews*, 95(2), 350–364. <https://doi.org/10.1111/brv.12567>
- Tittonell, P. (2014). Ecological intensification of agriculture-sustainable by nature. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 8, 53–61. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2014.08.006>
- Tittonell, P. (2020). Assessing resilience and adaptability in agroecological transitions. *Agricultural Systems*, 184(April), 102862. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2020.102862>
- Tittonell, P. (2023). *A Systems Approach to Agroecology*. Springer Nature.

- Tittonell, P., Hara, S. M., Álvarez, V. E., Aramayo, V. M., Bruzzone, O. A., Easdale, M. H., Enriquez, A. S., Laborda, L., Trinco, F. D., Villagra, S. E., & El Mujtar, V. (2021). Ecosystem services and disservices associated with pastoral systems from Patagonia, Argentina - A review. *Cahiers Agricultures*, 30(43). <https://doi.org/10.1051/cagri/2021029>
- Tittonell, P., Muriuki, A., Klapwijk, C. J., Shepherd, K. D., Coe, R., & Vanlauwe, B. (2013). Soil Heterogeneity and Soil Fertility Gradients in Smallholder Farms of the East African Highlands. *Soil Science Society of America Journal*, 77(2), 525–538. <https://doi.org/10.2136/sssaj2012.0250>
- Tjørring, L. (2013). The Power of Practice and Community: A Case Study of Environmental Living in El Bolson, Argentina. *The Journal of Transdisciplinary Environmental Studies*, 12(1).
- Trevilla Espinal, D. L., Soto Pinto, M. L., Morales, H., & Estrada-Lugo, E. I. J. (2021). Feminist agroecology: analyzing power relationships in food systems. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 45(7), 1029–1049. <https://doi.org/10.1080/21683565.2021.1888842>
- Trinco, F. D., El Mujtar, V. A., & Tittonell, P. (2024). *Base de datos de muestras de suelo del NO de Patagonia*. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. <http://hdl.handle.net/11336/232451>
- Tripathi, B. M., Lee-Cruz, L., Kim, M., Singh, D., Go, R., Shukor, N. A. A., Husni, M. H. A., Chun, J., & Adams, J. M. (2014). Spatial Scaling Effects on Soil Bacterial Communities in Malaysian Tropical Forests. *Microbial Ecology*, 68(2), 247–258. <https://doi.org/10.1007/s00248-014-0404-7>
- 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(JULY2016). <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00990>
- Trivellas, P., Mavrommati, S., Anastasopoulou, A., Grapas, C., & Kallikantzarou, E. (2023). Agro living Labs: Creating innovative, sustainable, resilient and social

- inclusive food systems. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1185(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1185/1/012036>
- Turbé, A., Toni, A. De, Benito, P., Lavelle, P., Lavelle, P., Ruiz, N., Putten, W. H. Van der, Labouze, E., Mudgal, S., De Toni, A., Benito, P., Lavelle, P. P., Ruiz, N., Van der Putten, W., Labouze, E., & Mudgal, S. (2010). Soil biodiversity: functions, threats and tools for policy makers. In *Bio Intelligence Service, IRD, and NIOO, Report for European Commission (DG Environment)* (Issue February). <https://doi.org/10.2779/14571>
- UNESCO. (2007). *Andino Norpatagónica Biosphere Reserve*. <https://en.unesco.org/biosphere/lac/andino-norpatagonica>
- UNESCO. (2022). *Technical Guidelines for Biosphere reserves*.
- Van Der Heijden, M. G. A., Bardgett, R. D., & Van Straalen, N. M. (2008). The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 11(3), 296–310. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2007.01139.x>
- van Leeuwen, J. P., Djukic, I., Bloem, J., Lehtinen, T., Hemerik, L., de Ruiter, P. C., & Lair, G. J. (2017). Effects of land use on soil microbial biomass, activity and community structure at different soil depths in the Danube floodplain. *European Journal of Soil Biology*, 79, 14–20. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2017.02.001>
- Vance, E. D., Brookes, P. C., & Jenkinson, D. S. (1987). An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology & Biochemistry*, 19(6), 703–707.
- Venter, Z. S., Scott, S. L., Strauss, J., Jacobs, K., & Hawkins, H. J. (2017). Increasing crop diversity increased soil microbial activity, nitrogen-sourcing and crop nitrogen, but not soil microbial diversity. *South African Journal of Plant and Soil*, 34(5), 371–378. <https://doi.org/10.1080/02571862.2017.1317852>
- Verkuil, L. A., Verburg, P., Levers, C., Stratton, A. E., & Schulp, C. J. E. (2024). Bright Spots of Agroecology in the Netherlands: A Spatial Analysis of Agroecological Practices and Impact on Income Stability. *SSRN*.

<https://doi.org/http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4744621>

- Villagra, P. E., Hilgert, N., García, D., Alvarez, J. A., Chamorro, M., & Marino, G. (2019). *Conservación por el uso en nuestros bosques nativos: ¿una utopía teórica o una oportunidad productiva?*
- Vinué, G., Epifanio, I., & Alemany, S. (2015). Archetypoids: A new approach to define representative archetypal data. *Computational Statistics and Data Analysis*, 87(December 2017), 102–115. <https://doi.org/10.1016/j.csda.2015.01.018>
- Wada, K. (1985). The distinctive properties of andosols. *Advances in Soil Science. Vol. 2*, 2, 173–229. https://doi.org/10.1007/978-1-4612-5088-3_4
- Wagg, C., Bender, S. F., Widmer, F., & van der Heijden, M. G. A. A. (2014). Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 111(14), 5266–5270. <https://doi.org/10.1073/pnas.1320054111>
- Wall, D. H., Nielsen, U. N., & Six, J. (2015). Soil biodiversity and human health. *Nature*, 528(7580), 69–76. <https://doi.org/10.1038/nature15744>
- Wallenius, K., Rita, H., Mikkonen, A., Lappi, K., Lindström, K., Hartikainen, H., Raateland, A., & Niemi, R. M. (2011). Effects of land use on the level, variation and spatial structure of soil enzyme activities and bacterial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 43(7), 1464–1473. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2011.03.018>
- Wang, Y. gang, Zhu, H., & Li, Y. (2013). Spatial heterogeneity of soil moisture, microbial biomass carbon and soil respiration at stand scale of an arid scrubland. *Environmental Earth Sciences*, 70(7), 3217–3224. <https://doi.org/10.1007/s12665-013-2386-z>
- Wells, B. L., & Gradwell, S. (2001). Gender and resource management: Community supported agriculture as caring-practice. *Agriculture and Human Values*, 18(1), 107–119. <https://doi.org/10.1023/A:1007686617087>

- Wezel, A., Bellon, S., Doré, T., Francis, C., Vallod, D., & David, C. (2009). Agroecology as a science, a movement and a practice. *Sustainable Agriculture*, 2, 27–43. https://doi.org/10.1007/978-94-007-0394-0_3
- White, T. J., Bruns, T. D., Lee, S. B., & Taylor, J. W. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA Genes for phylogenetics. *Bruns, Tom D, January*.
- Widmer, F., Rasche, F., Hartmann, M., & Fliessbach, A. (2006). Community structures and substrate utilization of bacteria in soils from organic and conventional farming systems of the DOK long-term field experiment. *Applied Soil Ecology*, 33(3), 294–307. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2005.09.007>
- Willis, B. (1914). *El norte de la Patagonia: Naturaleza y riquezas (Vol. 1)*. Ministerio de Obras Públicas de la República Argentina.
- Wold, S., Martens, H., & Wold, H. (1983). The multivariate calibration problem in chemistry solved by the PLS method. In *Tetrahedron Letters* (Vol. 23, Issue 23, pp. 286–293). <https://doi.org/10.1007/BFb0062108>
- Wold, S., Sjöström, M., & Eriksson, L. (2001). PLS-regression: A basic tool of chemometrics. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 58(2), 109–130. [https://doi.org/10.1016/S0169-7439\(01\)00155-1](https://doi.org/10.1016/S0169-7439(01)00155-1)
- Wood, S. A., Gilbert, J. A., Leff, J. W., Fierer, N., D'Angelo, H., Bateman, C., Gedallovich, S. M., Gillikin, C. M., Gradoville, M. R., Mansor, P., Massmann, A., Yang, N., Turner, B. L., Brearley, F. Q., & McGuire, K. L. (2017). Consequences of tropical forest conversion to oil palm on soil bacterial community and network structure. *Soil Biology and Biochemistry*, 112, 258–268. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.05.019>
- Wordofa, M. G., Aweke, C. S., Endris, G. S., Tolesa, G. N., Lemma, T., Hassen, J. Y., Lucantoni, D., & Mottet, A. (2024). Economic, environmental and social indicators of sustainability among smallholders in Ethiopia: Based on tool for agroecological performance evaluation data. *Data in Brief*, 52, 109988. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2023.109988>

- Xu, S., Silveira, M. L., Inglett, K. S., Sollenberger, L. E., & Gerber, S. (2017). Soil microbial community responses to long-term land use intensification in subtropical grazing lands. *Geoderma*, 293, 73–81. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2017.01.019>
- Yang, S. K., Kim, M. K., Seo, Y. W., Choi, K. J., Lee, S. T., Kwak, Y. S., & Lee, Y. H. (2012). Soil microbial community analysis of between no-till and tillage in a controlled horticultural field. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 28(4), 1797–1801. <https://doi.org/10.1007/s11274-011-0933-x>
- Yang, T., Lupwayi, N., Marc, S. A., Siddique, K. H. M., & Bainard, L. D. (2021). Anthropogenic drivers of soil microbial communities and impacts on soil biological functions in agroecosystems. *Global Ecology and Conservation*, 27, e01521. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01521>
- Yang, Y., Dou, Y., Wang, B., Xue, Z., Wang, Y., An, S., & Chang, S. X. (2023). Deciphering factors driving soil microbial life-history strategies in restored grasslands. *IMeta*, 2(1), 1–21. <https://doi.org/10.1002/imt2.66>
- Yilmaz, P., Parfrey, L. W., Yarza, P., Gerken, J., Pruesse, E., Quast, C., Schweer, T., Peplies, J., Ludwig, W., & Glöckner, F. O. (2014). The SILVA and “all-species Living Tree Project (LTP)” taxonomic frameworks. *Nucleic Acids Research*, 42(D1), 643–648. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1209>
- Zabaloy, M. C., Carné, I., Viassolo, R., Gómez, M. A., & Gomez, E. (2015). Soil ecotoxicity assessment of glyphosate use under field conditions: Microbial activity and community structure of Eubacteria and ammonia-oxidising bacteria. *Pest Management Science*, 72(4), 684–691. <https://doi.org/10.1002/ps.4037>
- Zhang, J., Van Der Heijden, M. G. A., Zhang, F., & Bender, S. F. (2020). Soil biodiversity and crop diversification are vital components of healthy soils and agricultural sustainability. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 7(3), 236–242. <https://doi.org/10.15302/J-FASE-2020336>
- Zhou, Y., Zhu, H., Fu, S., & Yao, Q. (2017). Variation in soil microbial community

structure associated with different legume species is greater than that associated with different grass species. *Frontiers in Microbiology*, 8(MAY), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01007>

Zornoza, R., Guerrero, C., Mataix-Solera, J., Scow, K. M., Arcenegui, V., & Mataix-Beneyto, J. (2009). Changes in soil microbial community structure following the abandonment of agricultural terraces in mountainous areas of Eastern Spain. *Applied Soil Ecology*, 42(3), 315–323. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2009.05.011>

Zuber, S. M., & Villamil, M. B. (2016). Meta-analysis approach to assess effect of tillage on microbial biomass and enzyme activities. *Soil Biology and Biochemistry*, 97, 176–187. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.03.011>

Zulu, S. G., Motsa, N. M., Sithole, N. J., Magwaza, L. S., & Ncama, K. (2022). *Soil Macrofauna Abundance and Taxonomic Richness under Long-Term No-Till Conservation Agriculture in a Semi-Arid Environment of South Africa*.



APÉNDICE



Caracterización de la transición a la agroecología

Tabla A1. Variables de TAPE Paso 0, definiciones de las modalidades de cada variable de contexto.

Variable	Niveles
Zona	El Manso Mallín ahogado, Cuesta del ternero El Bolsón Las Golondrinas, Lago Puelo, El Hoyo, Epuén
Tipo de producción	Hortícola Frutícola Fruti-hortícola Ganadera Mixta
Tamaño de la finca	< 25 ha 25 – 250 ha > 250 ha
Objetivos de producción	Comercial (PD) Autoconsumo y comercial (SSP) Estilo de vida (LS)
Disponibilidad de recursos económicos	Alta Media Media-baja Baja No aplica (cuando el objetivo de producción es LS)
Género de PPTM*	Femenino Masculino Ambos
Rango etario de PPTM*	Joven (J) Adulto (A) Adulto mayor (E) J-A J-E A-E
Origen de PPTM*	Rural Urbano

*PPTM = persona/s principal/es tomadora/s de decisiones.

Diseño de muestreo de suelo

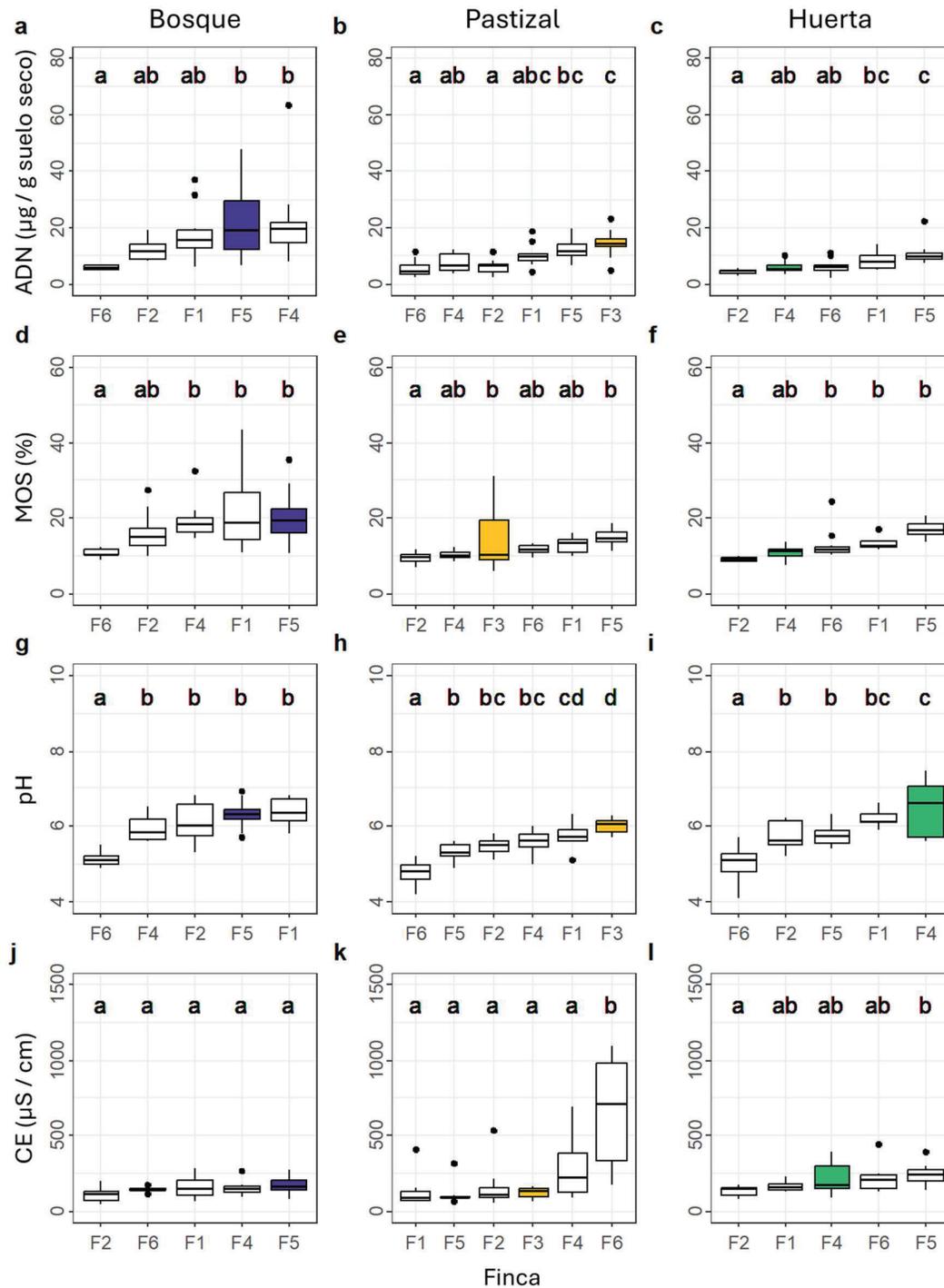


Figura A2. Comparación de las características biológicas y químicas del suelo entre diferentes fincas del Valle de El Manso por uso del suelo. Las cajas coloreadas representan las fincas incluidas en el análisis de variación microambiental (*i.e.*, bosque F5, pastizal F3 y huerta F4). Las fincas están numeradas en orden (F1 a F6) en sentido de este a oeste y la distancia entre F1 y F6 es de ~ 21 km. Cuantificación

del ADN del suelo (a, b, c), materia orgánica del suelo (d, e, f), pH (g, h, i) y conductividad eléctrica (j, k, l), a una profundidad de muestreo de 0–10 cm. Letras diferentes indican diferencias significativas en las comparaciones por pares (prueba de Dunn; $p < 0,05$).

Características biológicas del suelo

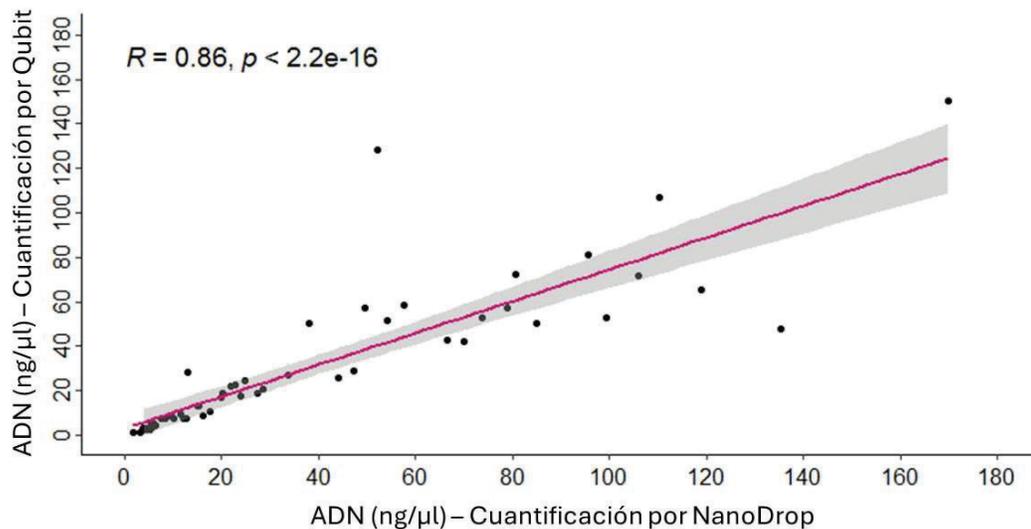


Figura A3. Correlación de Pearson entre la cuantificación de ADN basada en espectrofotometría (260 nm, NanoDrop One/Onec, Isogen life science) y la cuantificación de ADN basada en fluorescencia (Qubit, Invitrogen).

Análisis estadísticos

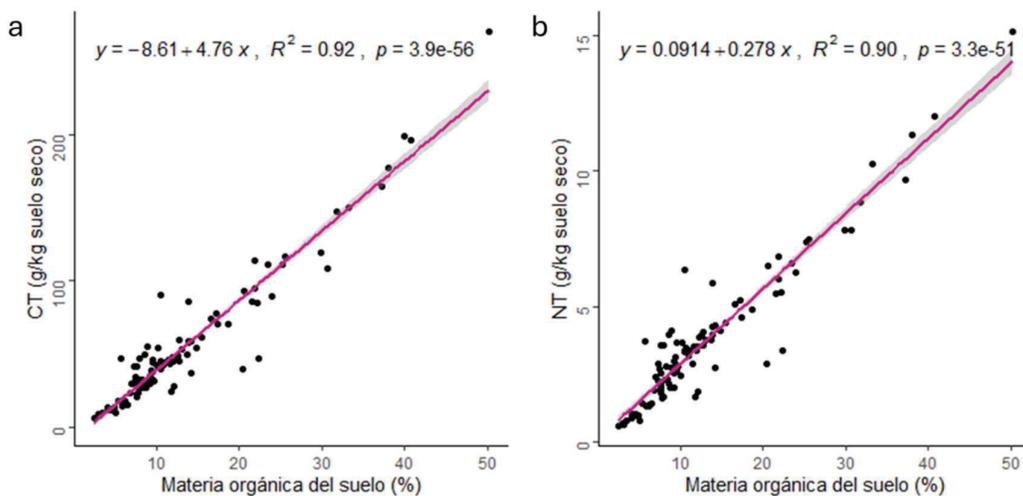


Figura A4. Regresión lineal de las medidas de carbono total (CT) (a) y nitrógeno total (NT) (b) con la materia orgánica del suelo (MOS).

Resultados

CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS AGROPECUARIOS DE LA COMARCA ANDINA DEL PARALELO 42

Finca	Rc	S	C&SK	RG	Rs	D	C&FT	E	H&SV	C&SE	Media
AB	44	31	8	33	38	31	50	75	56	83	45
AC	38	63	25	25	44	50	75	50	38	67	47
AD	50	56	25	42	56	50	58	63	56	67	52
AG	31	44	25	58	44	69	67	56	69	75	54
AH	44	56	33	42	63	63	67	63	50	67	55
AI	38	56	17	42	69	75	58	69	56	67	55
AL	38	56	58	33	63	75	58	50	44	75	55
AM	50	31	42	50	56	44	67	63	69	92	56
AN	44	38	58	50	75	50	67	63	69	67	58
AO	44	50	33	67	44	81	67	44	75	75	58
AP	38	56	42	50	50	88	58	63	81	58	58
AQ	44	31	42	67	69	38	67	69	75	83	58
AR	44	69	33	42	56	88	58	63	75	67	59
AS	50	63	42	33	56	69	58	81	69	75	60
AT	44	56	50	50	50	81	58	56	81	75	60
AU	56	38	42	67	63	63	75	69	69	75	61
AV	44	56	42	42	63	63	75	81	75	75	61
AW	38	63	33	58	75	88	67	56	75	67	62
AX	56	44	25	58	69	69	67	50	81	100	62
AY	44	31	25	50	81	69	83	50	94	92	62
AZ	38	75	50	50	50	81	50	81	69	83	63
BA	50	44	67	83	63	38	67	81	69	83	64
BB	63	81	33	42	69	69	67	88	50	83	64
BC	44	75	42	33	69	81	75	81	69	75	64
BD	63	38	67	67	50	56	75	75	69	92	65
BE	50	50	33	42	50	81	83	75	94	92	65
BF	50	38	50	75	69	56	75	69	88	83	65
BG	75	94	58	42	50	75	50	88	50	75	66
BH	50	56	75	58	63	63	58	81	81	75	66
BI	63	50	42	50	81	88	75	50	88	75	66
BJ	44	44	83	75	63	56	75	81	69	83	67
BK	44	63	58	67	81	75	67	81	75	67	68
BL	50	19	75	67	81	69	67	75	94	92	69
BM	56	38	83	67	69	56	75	81	81	83	69
BN	56	31	100	67	63	63	75	81	81	83	70
BO	50	56	42	58	88	75	75	88	81	92	70
BP	44	69	58	58	81	88	67	75	75	92	71
BQ	44	63	67	58	69	81	75	81	88	83	71
BR	63	69	58	58	69	81	83	75	81	83	72
BS	56	81	50	67	63	75	83	88	69	92	72
BT	56	44	92	67	69	81	75	81	81	83	73
BU	56	69	83	75	69	75	75	69	75	83	73
BV	50	69	67	50	75	94	83	88	75	92	74
BW	56	44	100	83	56	50	83	81	100	92	75
BX	56	44	83	92	81	75	67	75	75	100	75
BY	63	50	92	58	81	81	83	94	56	92	75
BZ	56	44	100	92	69	56	75	75	94	92	75
CA	56	63	100	100	50	69	67	69	100	83	76
CB	56	44	100	92	63	63	75	88	88	92	76
CC	75	56	92	75	88	75	67	88	88	83	79
CD	63	75	83	58	81	88	83	94	88	83	80
CE	63	69	100	67	81	75	83	94	81	92	80
CF	69	75	92	83	81	88	67	81	81	92	81
Media	51	54	58	59	65	69	70	73	75	82	66

Figura A5. Puntajes y cálculos de medias de los 10 Elementos de la Agroecología para 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Elementos relacionados con la finca (azul): Reciclaje (Rc), Sinergias (S), Resiliencia (Rs), Diversidad (D) y Eficiencia (E); Elementos relacionados con los aspectos sociales (violeta): Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK), Gobernanza Responsable (RG), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Valores Humanos y Sociales (H&SV) y Economía Circular y Solidaria (C&SE).

Finca	Arquetipo				Reinert	
	1	2	3	4	Grupo	Clase
AB	0	0.187	0.003	0.809	A	4
AC	0	0	0	1.000	A	4
AD	0	0.072	0	0.927	A	4
AG	0	0.129	0	0.870	A	4
AH	0.021	0	0.030	0.948	A	4
AI	0.042	0	0.039	0.918	A	3
AL	0.050	0	0	0.950	A	3
AM	0	0.151	0.456	0.392	A	4
AN	0	0.261	0.333	0.406	A	4
AO	0	0.191	0.055	0.753	B	1
AP	0.115	0.037	0	0.848	A	3
AQ	0	0.303	0.418	0.279	D	6
AR	0.231	0	0.019	0.750	A	4
AS	0.364	0	0	0.636	A	4
AT	0.147	0.154	0	0.698	A	3
AU	0.015	0.232	0.167	0.587	D	5
AV	0.392	0.061	0	0.546	D	6
AW	0.243	0	0.200	0.557	A	4
AX	0.090	0.029	0.605	0.275	C	8
AY	0	0	1.000	0	D	6
AZ	0.339	0.041	0	0.620	A	3
BA	0	0.778	0	0.222	C	8
BB	0.409	0	0	0.591	C	8
BC	0.574	0	0	0.425	D	5
BD	0	0.539	0	0.461	D	5
BE	0.292	0.092	0.179	0.437	B	1
BF	0.034	0.637	0.154	0.174	D	6
BG	1.000	0	0	0	B	1
BH	0.456	0.146	0	0.397	C	8
BI	0.215	0	0.738	0.047	B	2
BJ	0.036	0.478	0.215	0.271	C	7
BK	0.317	0.289	0.080	0.313	B	1
BL	0	0.435	0.565	0	D	6
BM	0.019	0.749	0.119	0.113	D	5
BN	0	0.920	0.039	0.040	D	5
BO	0.290	0.373	0.315	0.021	B	1
BP	0.520	0	0.304	0.176	B	1
BQ	0.576	0.215	0.024	0.185	B	1
BR	0.644	0	0.228	0.128	B	1
BS	0.789	0.089	0	0.122	D	5
BT	0.180	0.631	0.163	0.026	C	7
BU	0.528	0.335	0	0.136	C	7
BV	0.673	0	0.226	0.100	B	1
BW	0	1.000	0	0	C	7
BX	0.171	0.603	0.226	0	B	2
BY	0.577	0.422	0	0	B	2
BZ	0	1.000	0	0	C	7
CA	0.168	0.831	0	0	C	8
CB	0.124	0.876	0	0	C	7
CC	0.345	0.655	0	0	B	2
CD	1.000	0	0	0	B	2
CE	0.710	0.287	0.004	0	B	2
CF	0.933	0.066	0	0	B	2

Figura A6. Asociación de las 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42 a los arquetipos y categorías de Reinert. Los valores de asociación a los arquetipos que

se encuentran coloreados indican las fincas arquetipoides para el arquetipo correspondiente.

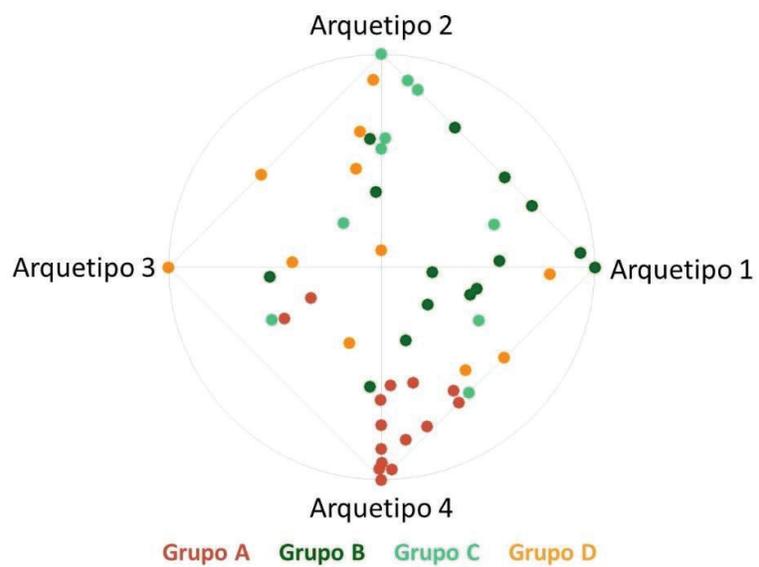


Figura A7. Distribución de las 53 fincas en el espacio definido por los cuatro arquetipos coloreadas según al grupo de Reinert en el que fueron clasificadas.

EFFECTO DEL USO Y MANEJO DEL SUELO EN LA MICROBIOTA EDÁFICA

Tabla A2. Estadísticos de la prueba de razón de verosimilitudes. Comparación entre el modelo sin efecto aleatorio (MSA) y el modelo con efecto aleatorio (MCA).

Variable	Modelo	AIC	BIC	Pr(>Chisq)
Biomasa microbiana (ADN)	MSA	1413,4	1433,4	5,4 × 10 ⁻⁹ ***
	MCA	1381,3	1404,7	
Nº copias de ARNr 16S	MSA	9640,2	9660,2	0,024 *
	MCA	9637,1	9660,4	
Actividad biológica (FDA)	MSA	1955,5	1975,4	< 2,2 × 10 ⁻¹⁶ ***
	MCA	1877,8	1901,1	
Riqueza 16S	MSA	1684,1	1703,9	< 2,2 × 10 ⁻¹⁶ ***
	MCA	1598,5	1621,6	
Riqueza ITS	MSA	1712,0	1731,8	3,2 × 10 ⁻¹¹ ***
	MCA	1670,0	1693,0	
pH	MSA	323,96	343,93	2,4 × 10 ⁻¹³ ***
	MCA	272,31	295,60	
Conductividad eléctrica	MSA	2997,4	2717,4	1,8 × 10 ⁻⁷ ***
	MCA	2672,1	2695,4	
Materia orgánica del suelo	MSA	1224,7	1244,7	2,3 × 10 ⁻⁶ ***
	MCA	1204,7	1227,7	

Código significancias: *** < 0,001, ** < 0,01, * < 0,05

Tabla A3. Conjunto de salidas de R de los modelos lineales mixtos para las propiedades biológicas y químicas del suelo.

Análisis del efecto del uso del suelo sobre las variables biológicas del suelo

Biomasa microbiana (ADN)

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
 Formula: DNA ~ LU + (1 | SS)
 Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 1355.3

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.4004	-0.5386	-0.1046	0.3412	7.1616

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	12.66	3.557
Residual		43.07	6.563

Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	14.450	1.865	6.469	7.748	0.000167	***
LUBI	5.955	1.612	199.873	3.694	0.000284	***
LUCE	-7.121	1.386	197.642	-5.136	6.69e-07	***
LUCP	2.645	1.515	199.082	1.746	0.082380	.
LUP0	-6.086	1.345	197.288	-4.526	1.04e-05	***

 signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUCE	LUCP
LUBI	-0.323		
LUCE	-0.367	0.448	
LUCP	-0.342	0.449	0.464
LUP0	-0.378	0.448	0.509

Número de copias del gen ARNr 16S bacteriano

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method ['lmerModLmerTest']
Formula: c16S ~ LU + (1 | SS)
Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 9411.7

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.3510	-0.4909	-0.1762	0.2352	9.2389

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	7.887e+17	8.881e+08
Residual		1.127e+19	3.357e+09

Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	4.382e+09	6.364e+08	1.456e+01	6.886	6.09e-06	***
LUBI	3.562e+08	8.158e+08	4.967e+03	0.437	0.662425	
LUCE	-2.390e+09	7.079e+08	1.901e+05	-3.376	0.000734	***
LUCP	-1.099e+09	7.698e+08	1.201e+04	-1.427	0.153464	
LUPO	-2.160e+09	6.875e+08	1.341e+06	-3.142	0.001680	**

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUCE	LUCP	
LUBI	-0.486			
LUCE	-0.550	0.447		
LUCP	-0.512	0.441	0.464	
LUPO	-0.565	0.450	0.509	0.474

Actividad biológica (FDA)

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method ['lmerModLmerTest']
Formula: FDA ~ LU + (1 | SS)
Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 1838.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.0924	-0.6468	-0.1498	0.4787	4.5038

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	355.8	18.86
Residual		469.2	21.66

Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	50.119	9.027	4.897	5.552	0.00278	**
LUBI	5.009	5.334	198.383	0.939	0.34881	
LUCE	-24.741	4.577	197.245	-5.405	1.86e-07	***
LUCP	-13.309	5.010	197.934	-2.657	0.00854	**
LUPO	-7.380	4.439	197.091	-1.662	0.09802	.

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUCE	LUCP	
LUBI	-0.220			
LUCE	-0.251	0.449		
LUCP	-0.233	0.451	0.464	
LUPO	-0.258	0.448	0.509	0.474

Riqueza 16S

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: `Observed ~ LU + (1 | SS)`
Data: `alphadiv_manso_16s`

REML criterion at convergence: 1564.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.7146	-0.7434	-0.1559	0.6585	2.4116

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	140.0	11.83
Residual		151.4	12.31

Number of obs: 200, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	31.724	5.598	4.714	5.667	0.00287 **
LUBI	-3.295	3.217	192.139	-1.024	0.30705
LUPO	-2.324	2.522	191.063	-0.922	0.35795
LUCP	-4.216	2.870	191.743	-1.469	0.14348
LUCE	-2.098	2.601	191.187	-0.807	0.42089

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.192			
LUPO	-0.236	0.426		
LUCP	-0.212	0.426	0.470	
LUCE	-0.230	0.426	0.510	0.461

Riqueza ITS

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: `Observed ~ LU + (1 | SS)`
Data: `alphadiv_manso_its`

REML criterion at convergence: 1634.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.4366	-0.6521	-0.0153	0.7282	2.2821

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	122.3	11.06
Residual		228.6	15.12

Number of obs: 199, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	82.77031	5.43778	5.20025	15.221	1.64e-05 ***
LUBI	-0.06565	3.71312	191.58266	-0.018	0.9859
LUPO	-6.52568	3.12770	189.99672	-2.086	0.0383 *
LUCP	2.81895	3.57956	190.94809	0.788	0.4320
LUCE	-1.53116	3.24561	190.21072	-0.472	0.6376

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.256			
LUPO	-0.301	0.443		
LUCP	-0.264	0.436	0.459	
LUCE	-0.291	0.444	0.505	0.449

Shannon–Wiener 16S

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`lmerModLmerTest`]
Formula: Shannon ~ LU + (1 | SS)
Data: alphadiv_manso_16s

REML criterion at convergence: 173.9

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.9817	-0.5379	0.0690	0.6828	2.0997

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	0.0938	0.3063
Residual		0.1213	0.3483

Number of obs: 200, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.56348	0.14639	4.84903	17.511	1.43e-05 ***
LUBI	0.04871	0.09104	192.32996	0.535	0.5932
LUPO	-0.13666	0.07139	191.06912	-1.914	0.0571 .
LUCP	0.01257	0.08121	191.86996	0.155	0.8772
LUCE	-0.06280	0.07361	191.21710	-0.853	0.3946

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.208			
LUPO	-0.255	0.426		
LUCP	-0.229	0.426	0.470	
LUCE	-0.248	0.426	0.510	0.461

Shannon–Wiener ITS

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`lmerModLmerTest`]
Formula: Shannon ~ LU + (1 | SS)
Data: alphadiv_manso_its

REML criterion at convergence: 204

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-5.5228	-0.3748	0.1543	0.6248	1.8658

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	0.01083	0.1041
Residual		0.14836	0.3852

Number of obs: 199, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	3.22248	0.07402	12.34810	43.536	6.82e-15 ***
LUBI	-0.04030	0.09358	193.79530	-0.431	0.667
LUPO	-0.04838	0.07964	190.05381	-0.607	0.544
LUCP	-0.02733	0.09062	193.60116	-0.302	0.763
LUCE	-0.10246	0.08254	191.11935	-1.241	0.216

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.482			
LUPO	-0.562	0.447		
LUCP	-0.496	0.428	0.461	
LUCE	-0.544	0.444	0.505	0.449

Inv. Simpson 16S

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: `InvSimpson ~ LU + (1 | SS)`
Data: `alphadiv_manso_16s`

REML criterion at convergence: 999.2

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.9960	-0.6195	-0.0794	0.5460	2.8793

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	7.248	2.692
Residual		8.335	2.887

Number of obs: 200, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	9.4956	1.2779	4.7525	7.431	0.000865 ***
LUBI	-0.4793	0.7548	192.1988	-0.635	0.526166
LUPO	-0.5486	0.5917	191.0603	-0.927	0.355027
LUCP	-0.8341	0.6732	191.7808	-1.239	0.216893
LUCE	-0.7560	0.6102	191.1928	-1.239	0.216868

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.197			
LUPO	-0.243	0.426		
LUCP	-0.218	0.426	0.470	
LUCE	-0.236	0.426	0.510	0.461

Inv. Simpson ITS

`> summary(modelo_lmm_isp_its)`
Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: `InvSimpson ~ LU + (1 | SS)`
Data: `alphadiv_manso_its`

REML criterion at convergence: 1182.8

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.5210	-0.6245	-0.0564	0.6284	3.2835

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	1.022	1.011
Residual		23.207	4.817

Number of obs: 199, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	13.61927	0.84979	17.58088	16.027	6.25e-12 ***
LUBI	-0.96051	1.16460	192.18912	-0.825	0.411
LUPO	0.27665	0.99590	190.32128	0.278	0.781
LUCP	-0.73620	1.13015	193.98711	-0.651	0.516
LUCE	0.08727	1.03155	191.65192	0.085	0.933

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUPO	LUCP	
LUBI	-0.527			
LUPO	-0.612	0.448		
LUCP	-0.541	0.425	0.462	
LUCE	-0.592	0.444	0.505	0.450

Análisis del efecto del uso del suelo sobre las variables químicas del suelo

pH

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`lmerModLmerTest`]
Formula: pH ~ LU + (1 | SS)
Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 272.7

Scaled residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.5234	-0.6623	-0.0642	0.4477	4.1239

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
SS	(Intercept)	0.09667	0.3109
	Residual	0.19540	0.4420

Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	5.96624	0.15373	5.39637	38.810	8.19e-08	***
LUBI	0.02975	0.10875	198.97073	0.274	0.784731	
LUCE	-0.23184	0.09340	197.37265	-2.482	0.013893	*
LUCP	0.40038	0.10217	198.35999	3.919	0.000123	***
LUP0	-0.59624	0.09059	197.14434	-6.582	4.11e-10	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)	LUBI	LUCE	LUCP	
LUBI	-0.264			
LUCE	-0.300	0.449		
LUCP	-0.279	0.450	0.464	
LUP0	-0.309	0.448	0.509	0.474

Conductividad eléctrica

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: EC ~ LU + (1 | SS)
Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 2614.8

Scaled residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.4505 -0.6464 -0.0904 0.2169 4.7975

Random effects:
Groups Name Variance Std.Dev.
SS (Intercept) 6213 78.82
Residual 22706 150.69
Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:
Estimate Std. Error df t value Pr(>|t|)
(Intercept) 165.810 41.736 6.512 3.973 0.00622 **
LUBI -2.771 36.994 199.977 -0.075 0.94036
LUCE 19.060 31.829 197.607 0.599 0.54996
LUCP 34.790 34.782 199.150 1.000 0.31841
LUPO 95.710 30.878 197.224 3.100 0.00222 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:
(Intr) LUBI LUCE LUCP
LUBI -0.332
LUCE -0.377 0.448
LUCP -0.350 0.449 0.464
LUPO -0.387 0.448 0.509 0.474

Materia orgánica

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [`'lmerModLmerTest'`]
Formula: MOS ~ LU + (1 | SS)
Data: fqb_umets

REML criterion at convergence: 1182.8

Scaled residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.9836 -0.5967 -0.1273 0.3881 5.6140

Random effects:
Groups Name Variance Std.Dev.
SS (Intercept) 4.562 2.136
Residual 18.315 4.280
Number of obs: 206, groups: SS, 5

Fixed effects:
Estimate Std. Error df t value Pr(>|t|)
(Intercept) 17.2674 1.1468 6.6588 15.057 2.17e-06 ***
LUBI -3.4615 1.0502 200.1300 -3.296 0.00116 **
LUCE -4.3183 0.9039 197.6033 -4.777 3.46e-06 ***
LUCP -4.0215 0.9875 199.2703 -4.072 6.72e-05 ***
LUPO -5.4838 0.8769 197.1830 -6.253 2.44e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:
(Intr) LUBI LUCE LUCP
LUBI -0.343
LUCE -0.390 0.448
LUCP -0.362 0.448 0.464
LUPO -0.400 0.448 0.509 0.474

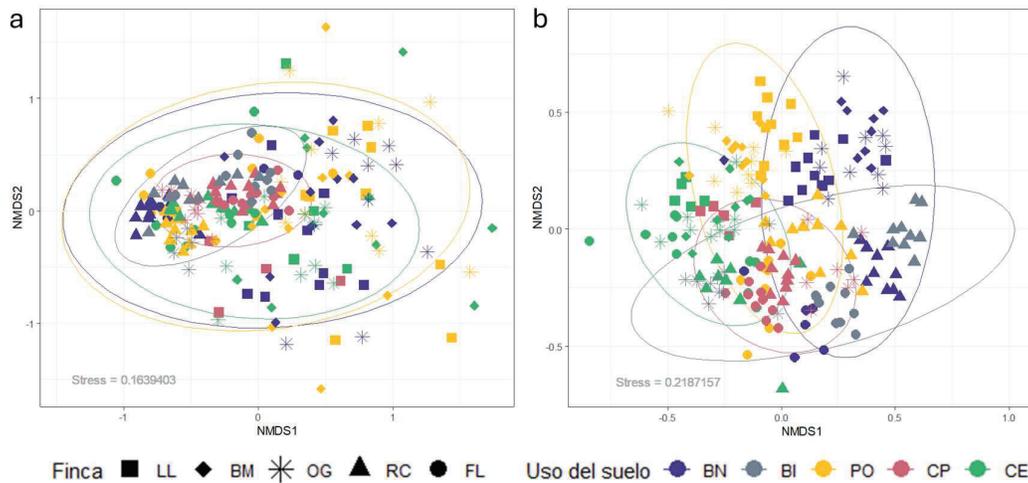


Figura A8. Estructura de las comunidades microbianas. Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS) basados en las matrices de disimilitud de Bray–Curtis para los TRF de 16S de bacterias (a) e ITS de hongos (b). Los colores representan los grupos formados por el tipo de uso del suelo y las formas la finca a la que pertenece la muestra. Las elipses delimitan las regiones de 95% confianza para el uso del suelo con el color respectivo.

	BN	BI	PO	CP	CE
BN		0.07	0.10	0.08	0.13
BI	0.05		0.07	0.06	0.10
PO		0.05		0.08	0.05
CP	0.04		0.05		0.09
CE	0.03	0.06	0.02	0.04	

16S ITS

Figura A9. Prueba post hoc del análisis de varianza multivariante permutacional (PERMANOVA por pares, 9999 permutaciones) para la composición de la comunidad microbiana según el uso del suelo. Se muestran los R^2 de los contrastes con diferencias significativas ($p < 0.05$).

```

Permutation test for adonis under reduced model
Terms added sequentially (first to last)
Blocks: strata
Permutation: free
Number of permutations: 9999

adonis2(formula = m_manso_16s_otus ~ LandUse, data = manso_16s_data,
permutations = 9999, strata = manso_16s_data$Site)
      Df SumOfSqs      R2      F Pr(>F)
LandUse  4      2.628 0.05625 2.9057 1e-04 ***
Residual 195    44.099 0.94375
Total    199    46.728 1.00000
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

Permutation test for adonis under reduced model
Terms added sequentially (first to last)
Blocks: strata
Permutation: free
Number of permutations: 9999

adonis2(formula = m_manso_its_otus ~ LandUse, data = manso_its_data,
permutations = 9999, strata = manso_its_data$Site)
      Df SumOfSqs      R2      F Pr(>F)
LandUse  4      8.144 0.13073 7.2942 1e-04 ***
Residual 194    54.148 0.86927
Total    198    62.292 1.00000
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

VARIACIÓN MICROAMBIENTAL DE LA MICROBIOTA EDÁFICA

Tabla A4. p-valores para la prueba de Scheirer-Ray-Hare no paramétrica de dos vías para la variación microambiental de la biomasa microbiana y la α -diversidad en suelo de bosque, pastizal y huerta. p-valores para la prueba de ANOVA de la actividad biológica en suelo de bosque, pastizal y huerta.

Nivel de análisis (n° muestras)	Factor	#Biomasa microbiana	Actividad biológica	Riqueza	Shannon–Wiener	Inv. Simpson	Faith PD
Bosque (47)	Profundidad	< 0,001	< 0,001	0,516	0,455	0,399	0,259
	Distancia	0,937	0,167	0,016	0,012	0,016	0,032
	Profundidad × Distancia	0,987	0,994	0,760	0,815	0,827	0,826
Pastizal (42)	Profundidad	< 0,001	< 0,001	0,491	0,415	0,379	0,526
	Distancia	0,157	< 0,001	0,121	0,126	0,119	0,178
	Profundidad × Distancia	0,992	< 0,001	0,350	0,337	0,335	0,226
Huerta (41)	Profundidad	< 0,001	< 0,001	0,693	0,761	0,815	0,605
	Distancia	< 0,001	< 0,001	0,009	0,008	0,007	0,002
	Profundidad × Distancia	0,906	0,274	0,478	0,521	0,486	0,583

estimada a partir de la cuantificación del ADN extraído del suelo,

Tabla A5. Estadísticas de la prueba PERMANOVA (R^2 y significancia) del efecto de la profundidad, la distancia espacial y su interacción sobre la β -diversidad de las comunidades microbianas del suelo.

Nivel de análisis (n° muestras)	Factor	Bray–Curtis	UniFrac ponderada
Bosque (47)	Profundidad	0,077*	0,190*
	Distancia	0,064	0,068
	Profundidad × Distancia	0,194	0,175
Pastizal (42)	Profundidad	0,081*	0,224*
	Distancia	0,082*	0,110*
	Profundidad × Distancia	0,216	0,138
Huerta (41)	Profundidad	0,078*	0,096*
	Distancia	0,081*	0,146*
	Profundidad × Distancia	0,225	0,204

N° permutaciones: 9999. Código significancias: * < 0,05

Tabla A6. Valor medio y desvío estándar de las propiedades químicas del suelo según clases de profundidad del suelo en bosque, pastizal y huerta.

Propiedades del suelo	Uso del suelo	Profundidad del suelo			
		0–5 cm	5–10 cm	10–20 cm	20–40 cm
pH	Bosque	6,27 ± 0,16	6,40 ± 0,15	6,54 ± 0,13	6,63 ± 0,11
	Pastizal	5,91 ± 0,19	6,09 ± 0,21	6,29 ± 0,24	6,37 ± 0,29
	Huerta	6,95 ± 0,36	6,95 ± 0,53	7,02 ± 0,49	7,05 ± 0,46
CE (μS/cm)	Bosque	245,8 ± 75,5	145,0 ± 38,3	67,2 ± 14,1	45,0 ± 20,9
	Pastizal	162,4 ± 46,5	82,8 ± 25,6	57,0 ± 12,8	52,1 ± 19,3
	Huerta	256,6 ± 62,5	227,4 ± 78,5	190,0 ± 106,1	133,9 ± 84,3
C total (g/kg)	Bosque	144,9 ± 52,1	67,5 ± 16,9	31,2 ± 6,3	–
	Pastizal	82,8 ± 47,1	31,0 ± 12,4	12,1 ± 3,7	–
	Huerta	48,8 ± 5,6	38,2 ± 7,3	30,3 ± 13,1	–
N total (g/kg)	Bosque	8,9 ± 2,9	4,7 ± 1,1	2,1 ± 0,4	–
	Pastizal	8,7 ± 12,8	2,3 ± 0,8	0,9 ± 0,2	–
	Huerta	3,8 ± 0,3	3,1 ± 0,5	2,5 ± 1,0	–
C/N	Bosque	16,1 ± 0,9	14,4 ± 0,7	14,9 ± 1,1	–
	Pastizal	13,7 ± 3,3	13,5 ± 0,7	12,9 ± 0,7	–
	Huerta	12,8 ± 0,5	12,2 ± 0,7	11,8 ± 0,8	–

EC: conductividad eléctrica; C total: carbono total; N total: nitrógeno total; C/N: relación carbono/nitrógeno.

Tabla A7. Valor medio y desvío estándar de las propiedades químicas del suelo según clases de distancia espacial en bosque, pastizal y huerta.

Propiedades del suelo	Uso del suelo	Clases de distancia espacial*			
		A	B	C	D
pH	Bosque	6,58 ± 0,19	6,50 ± 0,16	6,44 ± 0,15	6,32 ± 0,19
	Pastizal	6,27 ± 0,32	6,32 ± 0,28	6,00 ± 0,18	6,02 ± 0,24
	Huerta	7,44 ± 0,15	7,23 ± 0,20	6,70 ± 0,33	6,43 ± 0,19
CE (μS/cm)	Bosque	135,4 ± 87,3	125,2 ± 89,7	113,6 ± 105,7	128,7 ± 87,4
	Pastizal	94,1 ± 68	96,7 ± 47,6	98,2 ± 49,4	53,7 ± 26,2
	Huerta	279,0 ± 48,4	254,8 ± 77,5	128,5 ± 56,3	117,2 ± 57,6
C total (g/kg)	Bosque	97,1 ± 78,6	82,1 ± 57,6	68,5 ± 50,3	77,0 ± 42,2
	Pastizal	65,1 ± 63,9	44,0 ± 31,3	31,9 ± 18,5	19,2 ± 16,0
	Huerta	48,6 ± 5,7	43,0 ± 6,8	31,9 ± 11,3	29,7 ± 13,1
N total (g/kg)	Bosque	6,0 ± 4,3	5,2 ± 3,5	4,5 ± 3,1	5,3 ± 2,8
	Pastizal	8,2 ± 14,7	3,1 ± 2,1	2,3 ± 1,2	1,4 ± 1,1
	Huerta	3,7 ± 0,3	3,4 ± 0,4	2,7 ± 0,8	2,5 ± 1,0
C/N	Bosque	15,5 ± 1,7	15,5 ± 0,7	14,9 ± 1,0	14,6 ± 0,8
	Pastizal	12,7 ± 3,3	13,6 ± 0,9	13,8 ± 1,3	13,2 ± 1,4
	Huerta	12,9 ± 0,6	12,5 ± 0,7	11,8 ± 0,6	11,7 ± 0,6

* Los valores informados para cada propiedad del suelo en cada uso del suelo y distancia espacial incluyen datos para todas las profundidades del suelo. Las distancias A, B, C y D corresponden a 0,1, 1, 10 y 50 (a)–46 (b)–32 (c) m, respectivamente. EC: conductividad eléctrica; C total: carbono total; N total: nitrógeno total; C/N: relación carbono/nitrógeno.

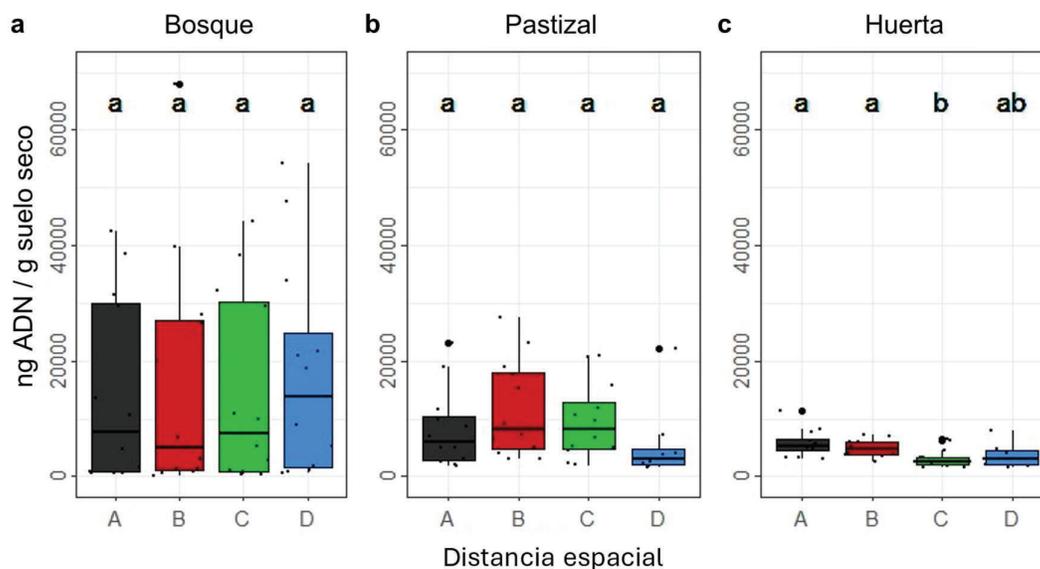


Figura A10. Efecto de la distancia espacial sobre la biomasa microbiana del suelo (estimada mediante la cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las letras diferentes sobre las cajas indican diferencias significativas en comparaciones por pares (prueba de Dunn; $p < 0,05$). Las distancias A, B, C y D corresponden a 0,1, 1, 10 y 50 (a)–46 (b)–32 (c) m, respectivamente.

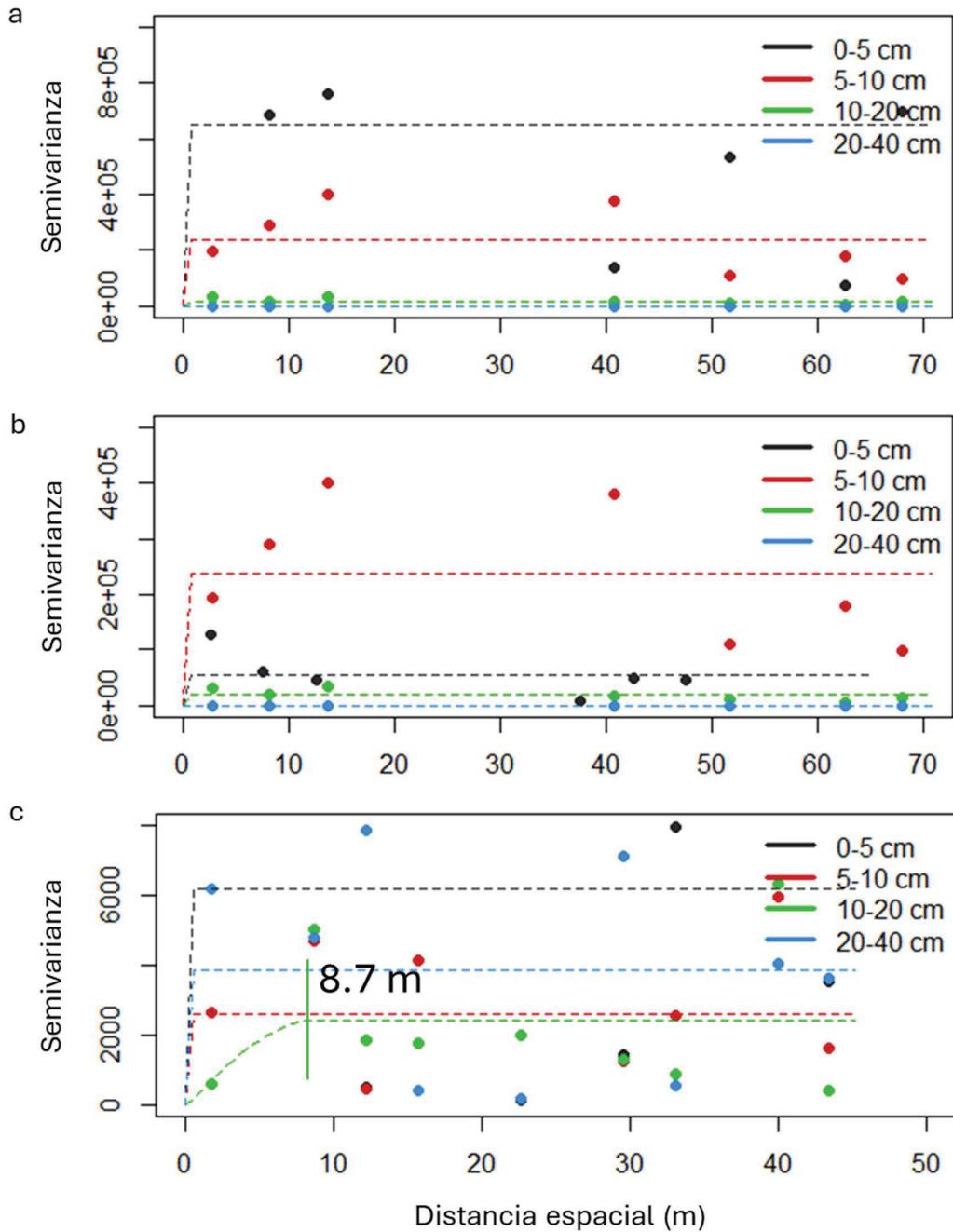


Figura A11. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la biomasa microbiana (estimada mediante la cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). La línea vertical señala el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico.

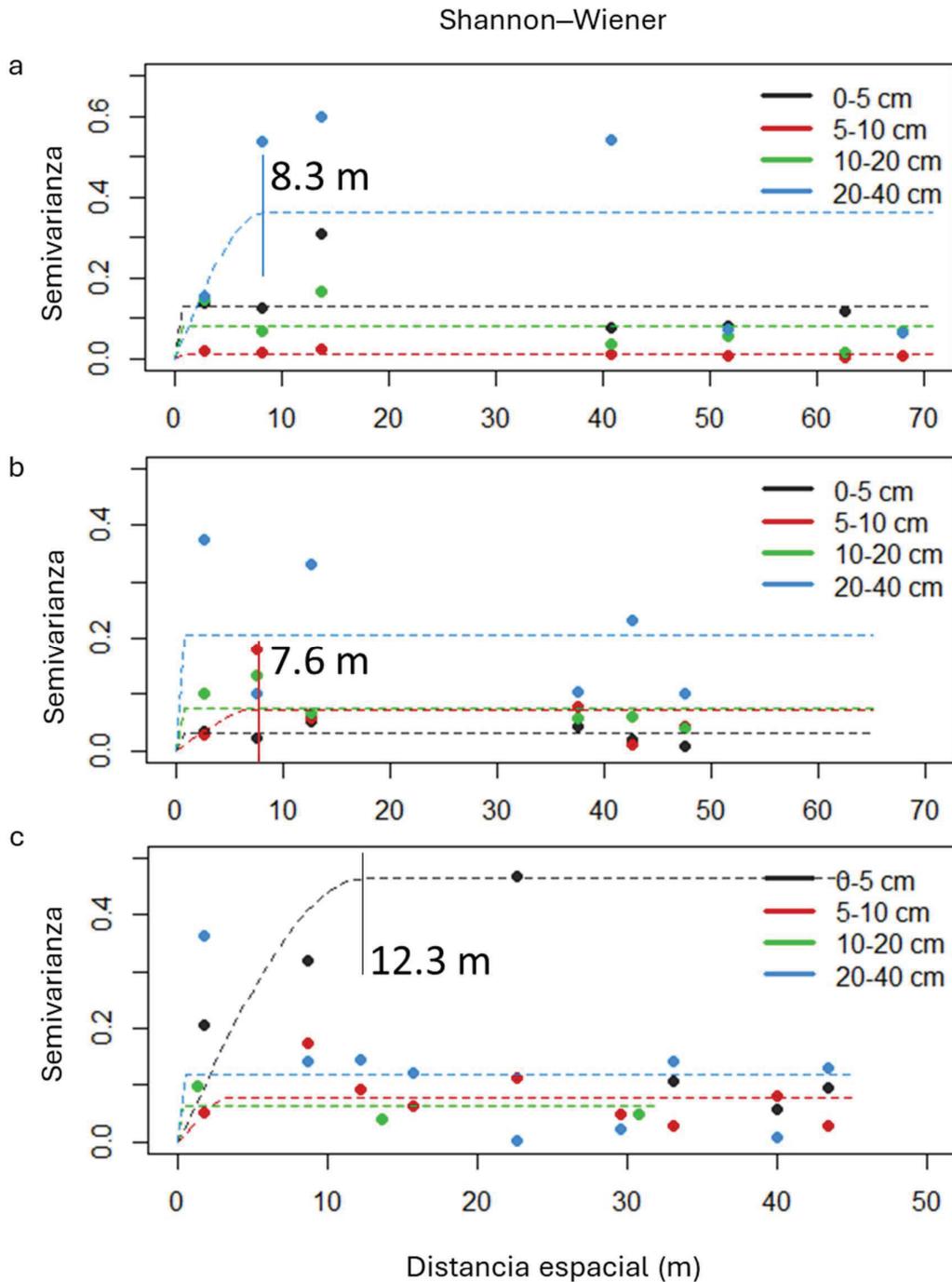


Figura A12. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice de Shannon–Wiener en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación.

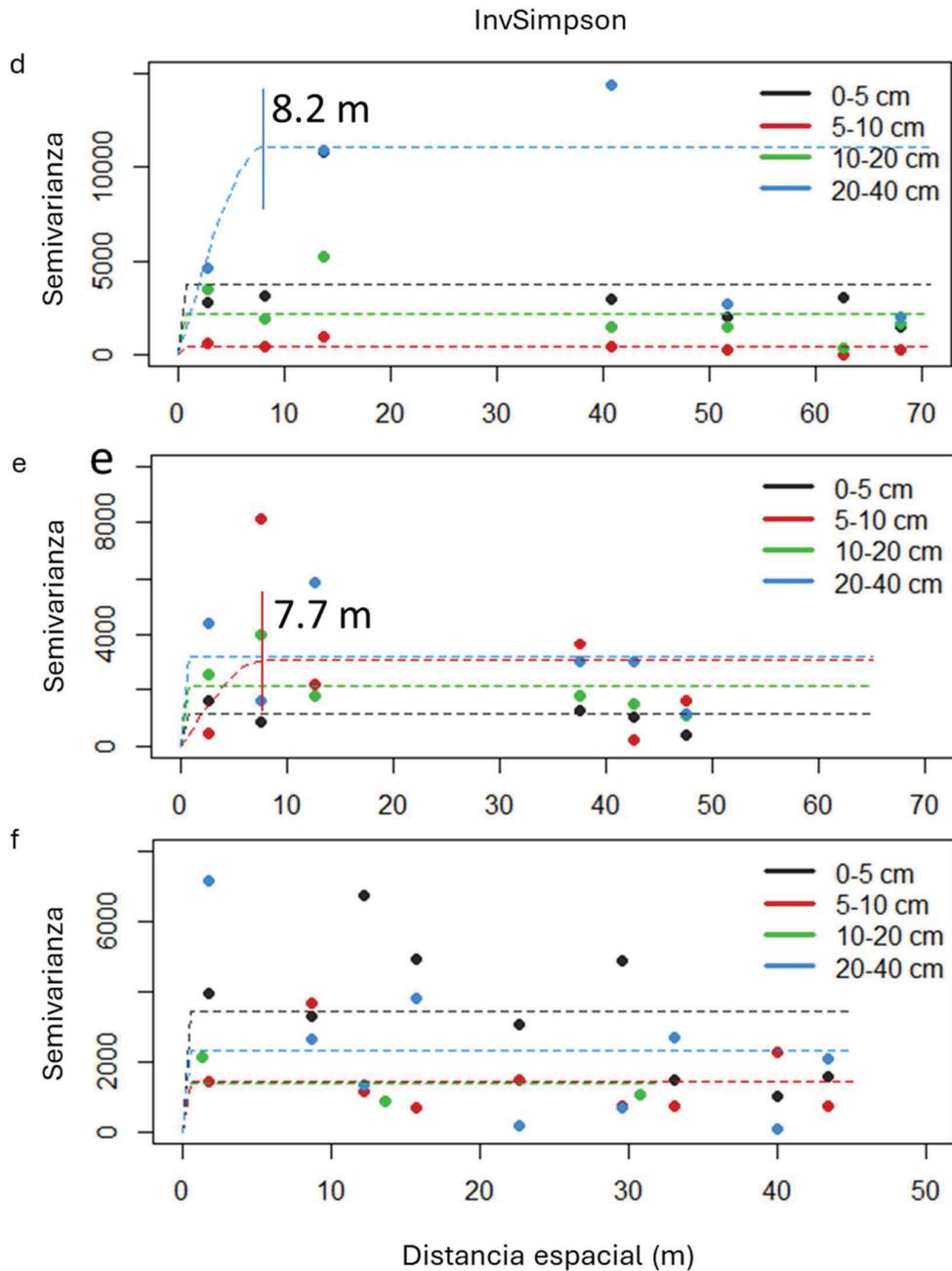


Figura A13. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice InvSimpson en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación.

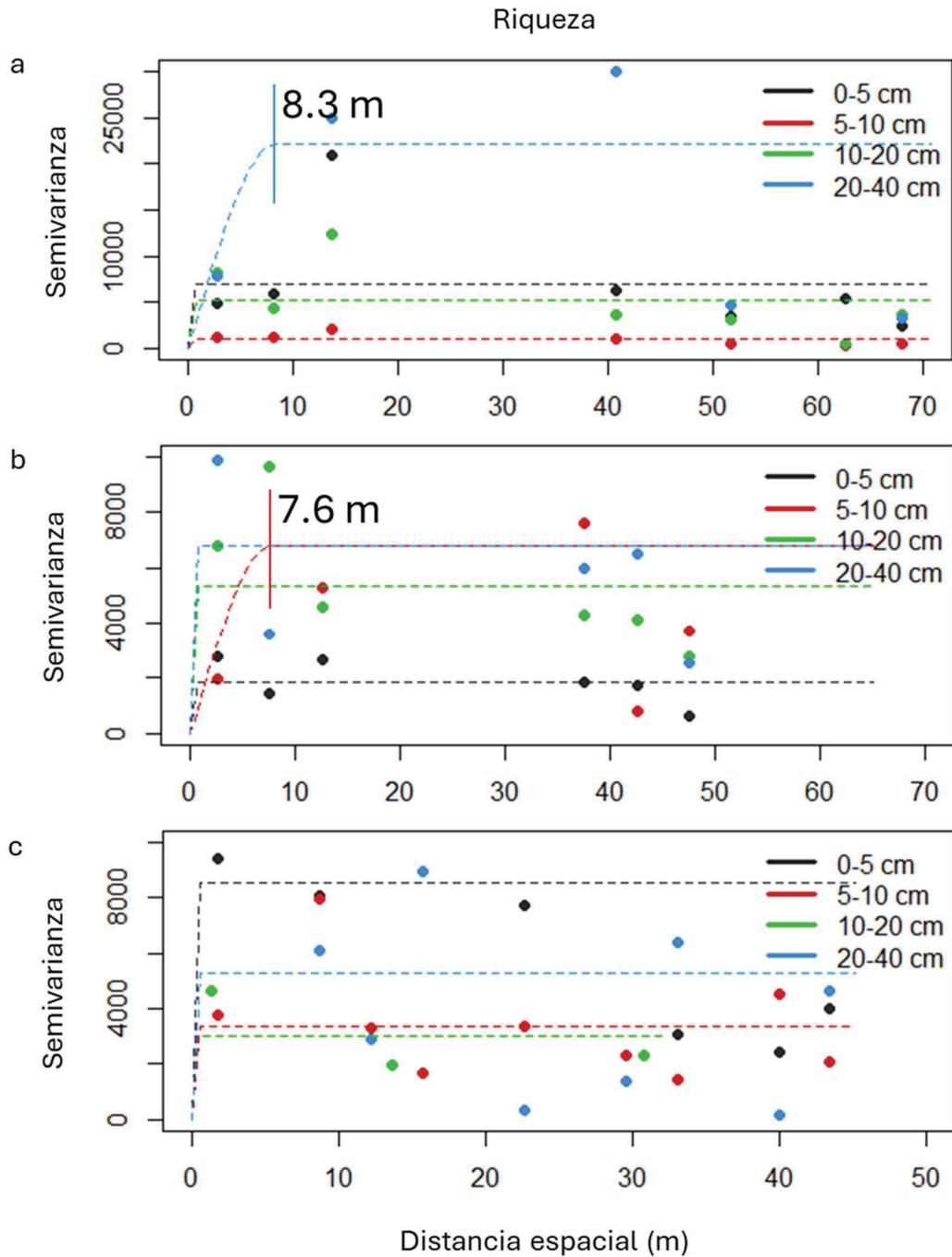


Figura A14. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la riqueza en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación.

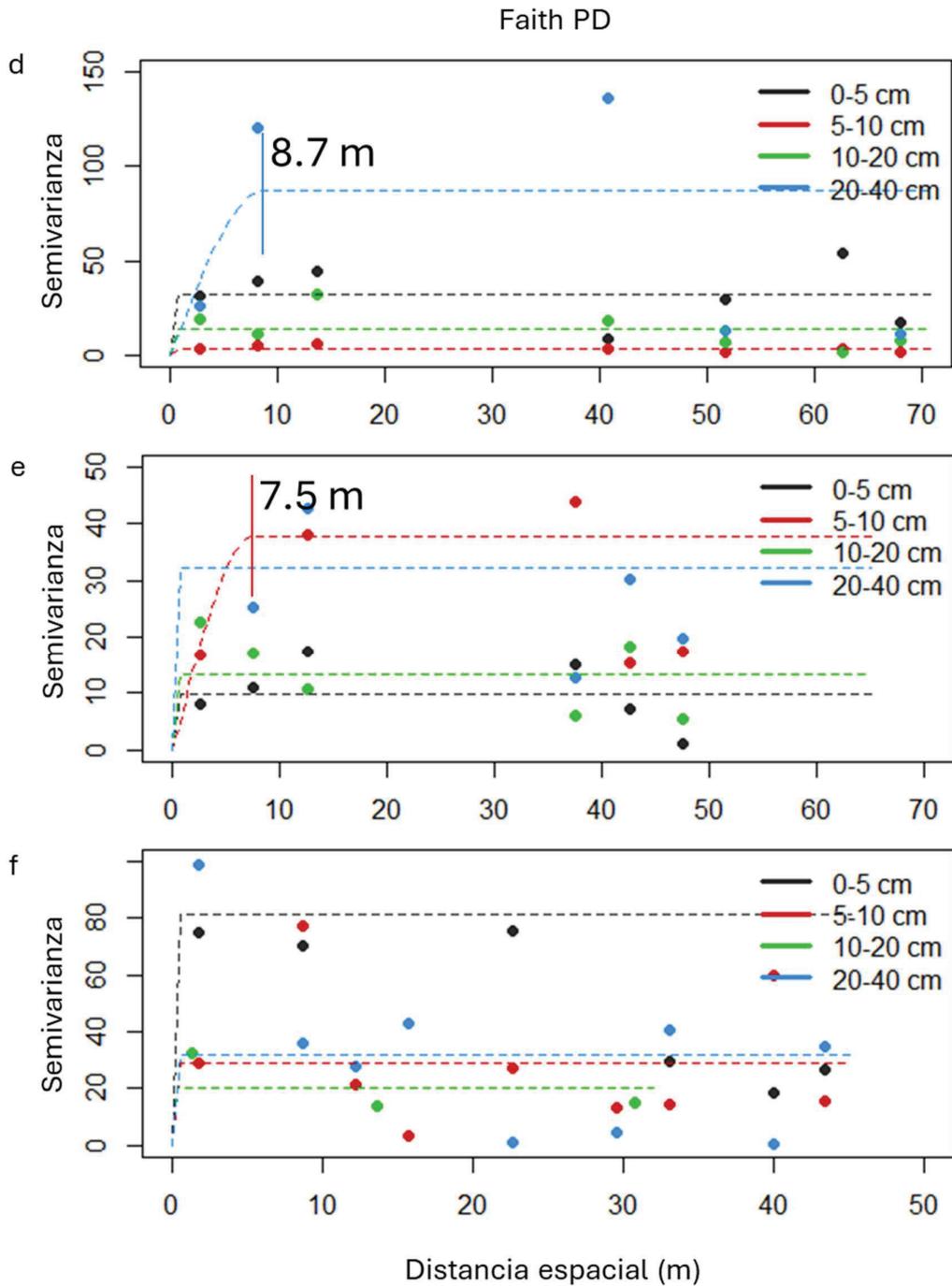


Figura A15. Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice Faith PD en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación.

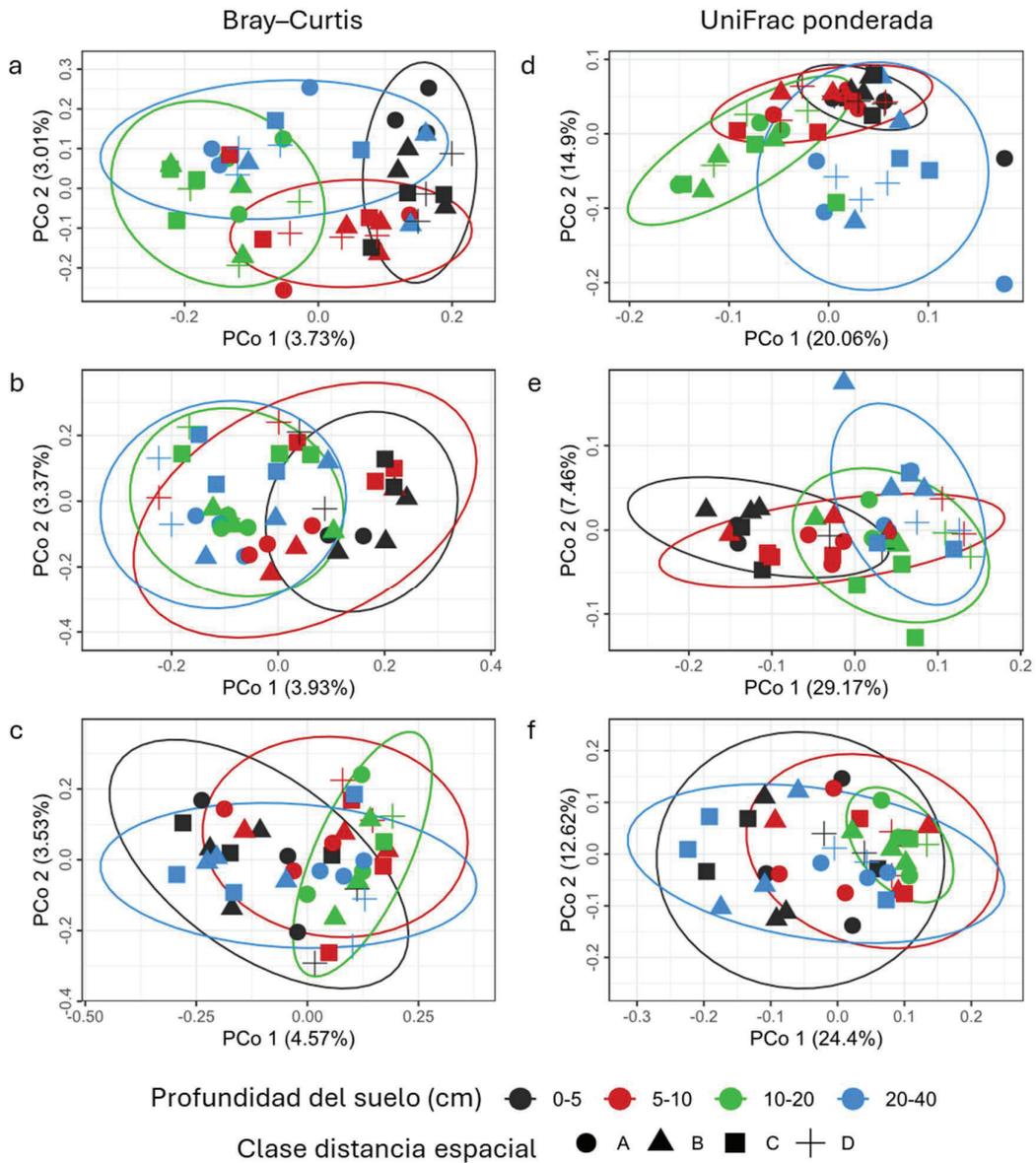


Figura A16. Estructura de la comunidad microbiana del suelo. Visualización de Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) basados en las matrices de distancia de Bray-Curtis (a-c) y UniFrac ponderada (d-f) de comunidades microbianas de suelos de bosque (a, d), pastizal (b, e) y huerta (c, f). Los colores representan los grupos formados por la profundidad del suelo y las formas representan los grupos formados por la clase de distancia espacial. Las elipses delimitan las regiones de confianza del 95% para la profundidad del suelo con el color respectivo.

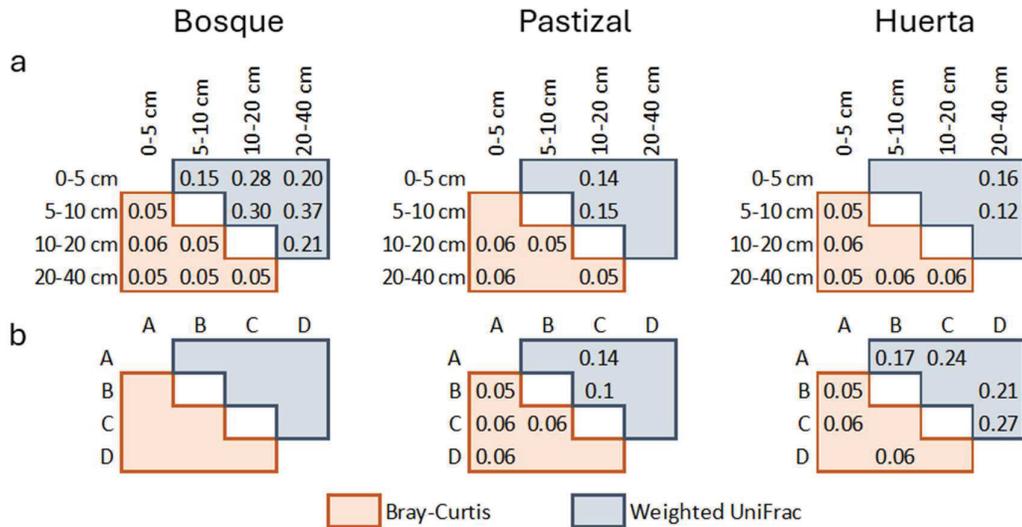


Figura A17. Prueba *post hoc* del análisis de varianza multivariante permutacional (PERMANOVA por pares, 9999 permutaciones) para la composición de la comunidad microbiana según la profundidad del suelo (a) y la distancia espacial por clase (b). Se muestran los R² de los contrastes con diferencias significativas ($p < 0,05$).

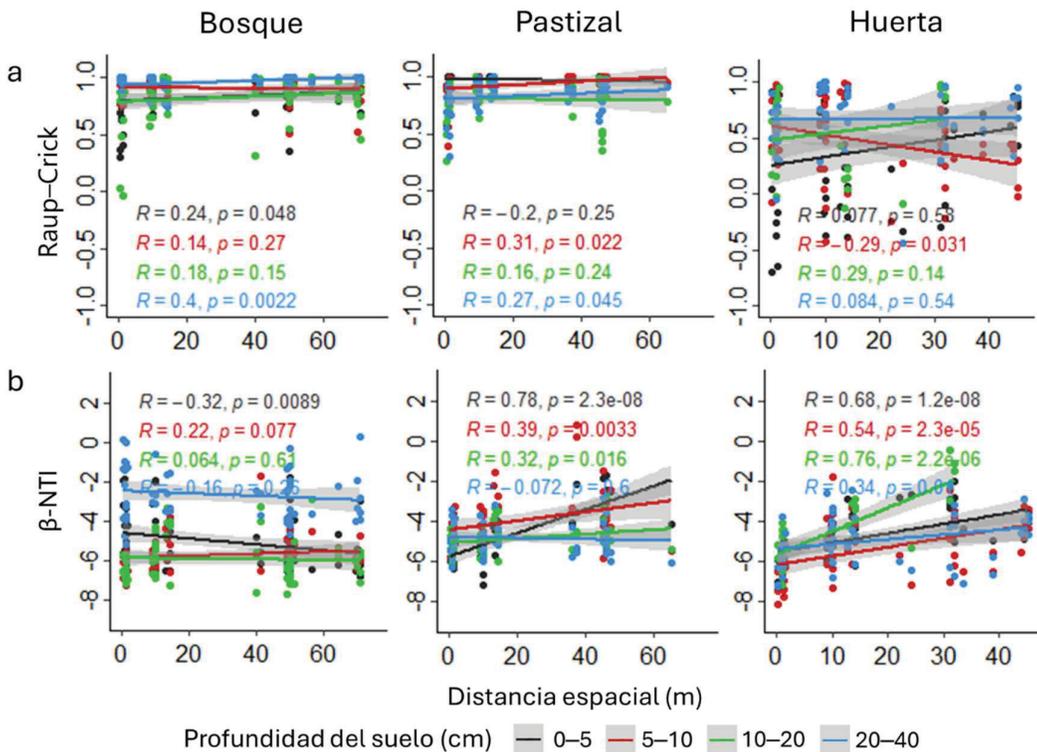


Figura A18. Correlación de la disimilitud de Raup-Crick (Bray-Curtis) (a) y el índice β del taxón más cercano (β -NTI) (b) con la matriz de distancia euclidiana de la distancia espacial para cada profundidad en suelo de bosque, pastizal y huerta.

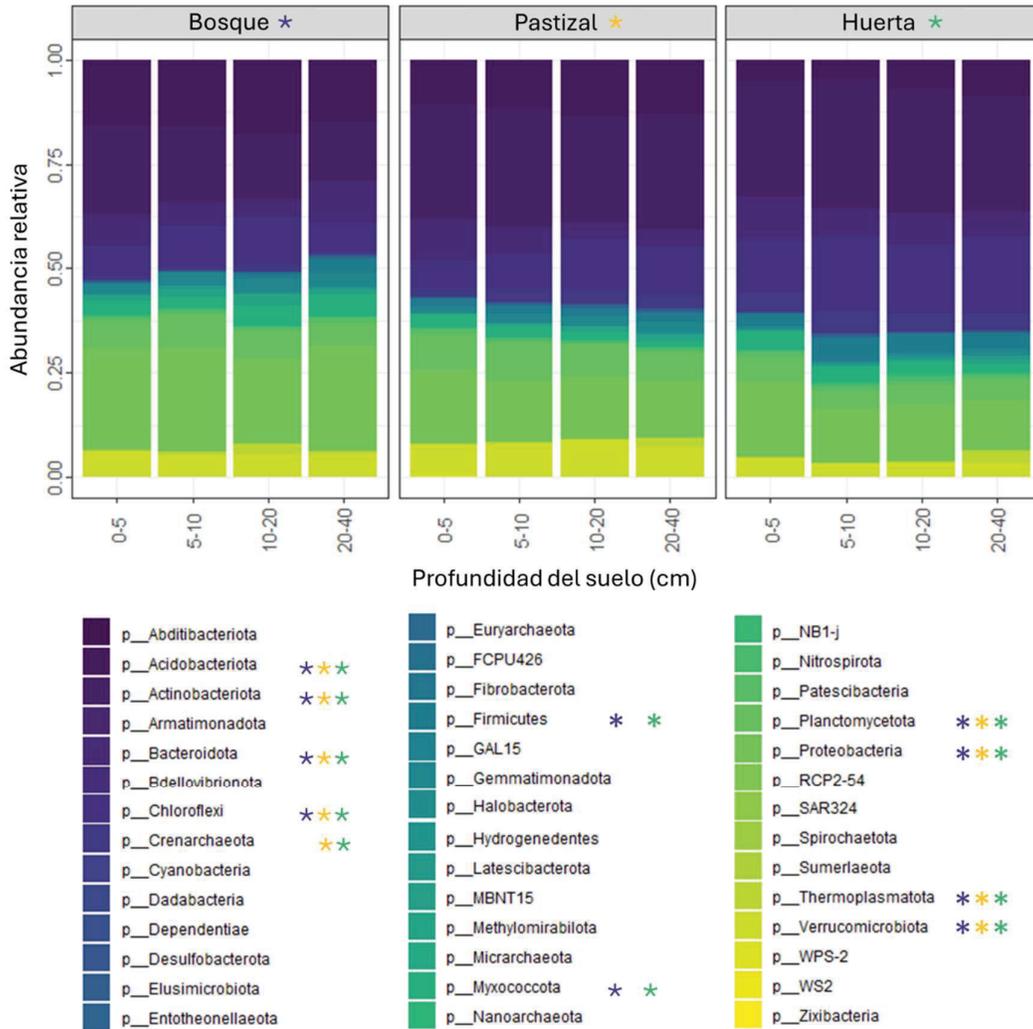


Figura A19. Abundancia relativa de taxones microbianos a nivel de filo para cada profundidad y por uso del suelo. Las estrellas indican los filos más importantes que contribuyen al recambio de la comunidad entre las clases de profundidad en los suelos de bosque, pastizal y huerta según el análisis SIMPER.

Discusión

Tabla A8. Valores de CAET reportados por país y región dónde se encuentran las fincas evaluadas en publicaciones que aplicaron la TAPE.

País	Sitio	% CAET reportado	N fincas evaluadas	Artículo
Argentina	Provincia de Buenos Aires	46	23	Sokolowski et al., 2023
Argentina	Provincia de Santa Fe	49	60	Lucantoni et al., 2022
Argentina	Provincia de Neuquén	50	20	Álvarez et al., 2019; Hara et al., 2019
Argentina	Provincia de Río Negro	65	44	Esta tesis
Argentina	Provincia de Chubut	67	9	Esta tesis; Álvarez et al., 2019
Benín	Departamento de Atakora	40	200	Tapsoba et al., 2023
Brasil*	Brasil	35	5563	James et al., 2023
Brasil	Estado de Paraná	28		James et al., 2023
Brasil	Mato Grosso	28		James et al., 2023
Brasil	São Paulo	28		James et al., 2023
Brasil	Mato Grosso del Sur	30		James et al., 2023
Brasil	Goiás	30		James et al., 2023
Brasil	Santa Catarina	30		James et al., 2023
Brasil	Rondonia	31		James et al., 2023
Brasil	Río Grande del Sur	32		James et al., 2023
Brasil	Espírito Santo	32		James et al., 2023
Brasil	Sergipe	32		James et al., 2023
Brasil	Tocantins	34		James et al., 2023
Brasil	Alagoas	35		James et al., 2023
Brasil	Minas Gerais	35		James et al., 2023
Brasil	Pará	35		James et al., 2023
Brasil	Maranhão	36		James et al., 2023
Brasil	Ceará	38		James et al., 2023
Brasil	Río de Janeiro	38		James et al., 2023
Brasil	Pernambuco	38		James et al., 2023
Brasil	Amazonas	39		James et al., 2023
Brasil	Estado de Bahía	39		James et al., 2023
Brasil	Paraíba	39		James et al., 2023
Brasil	Roraima	39		James et al., 2023
Brasil	Amapá	40		James et al., 2023
Brasil	Piauí	41		James et al., 2023
Brasil	Río Grande del Norte	41		James et al., 2023
Brasil	Acre	41		James et al., 2023
Burkina Faso	Región Hauts-Bassins	40	200	Tapsoba et al., 2023
Colombia	Cundinamarca	48	16	Barrios Latorre et al., 2023
Costa de Marfil	Abiyán	34		Dosso et al., 2024
Costa de Marfil	Costa de Marfil	38	487	Dosso et al., 2024
Costa de Marfil	Bouaké	38		Dosso et al., 2024
Costa de Marfil	Yamusukro	39		Dosso et al., 2024

Costa de Marfil	Korhogo	40		Dosso et al., 2024
Etiopía	Región de las Naciones, Nacionalidades y Pueblos del Sur	37	314	Wordofa et al., 2024
Etiopía	Región de Oromía	40	305	Wordofa et al., 2024
Francia	Auvernia-Ródano-Alpes	69	20	Anthonioz, 2022
Italia	Lacio	56	20	Marino et al., 2024
Mali	Región de Kayes	54	233	Lucantoni et al., 2023
Nicaragua	Nicaragua	73	29	El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Estelí	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Departamento de Madriz	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Departamento de Nueva Segovia	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Matagalpa	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Departamento de Jinotega	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Departamento de Carazo	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Granada	73		El Mujtar et al., 2023
Nicaragua	Departamento de Masaya	73		El Mujtar et al., 2023
Noruega	Provincia de Møre og Romsdal	61	1	Hansdotter, 2022
Países Bajos	Países Bajos	37	901	Verkuil et al., 2024
Portugal	Odemira	58	16	Horstink et al., 2023

* Los valores CAET reportados para Brasil corresponden al 47% de los índices de la TAPE.

Índice de figuras del Apéndice

Figura A1. Triángulo de texturas para 44 muestras de suelo (profundidad 0–30 cm) de la Comarca Andina del Paralelo 42° (CAP42), Patagonia Norte, Argentina. Datos: (Trinco et al., 2024).	2
Figura A2. Comparación de las características biológicas y químicas del suelo entre diferentes fincas del Valle de El Manso por uso del suelo. Las cajas coloreadas representan las fincas incluidas en el análisis de variación microambiental (<i>i.e.</i> , bosque F5, pastizal F3 y huerta F4). Las fincas están numeradas en orden (F1 a F6) en sentido de este a oeste y la distancia entre F1 y F6 es de ~21 km. Cuantificación del ADN del suelo (a, b, c), materia orgánica del suelo (d, e, f), pH (g, h, i) y conductividad eléctrica (j, k, l), a una profundidad de muestreo de 0–10 cm. Letras diferentes indican diferencias significativas en las comparaciones por pares (prueba de Dunn; $p < 0,05$).....	4
Figura A3. Correlación de Pearson entre la cuantificación de ADN basada en espectrofotometría (260 nm, NanoDrop One/Onec, Isogen life science) y la cuantificación de ADN basada en fluorescencia (Qubit, Invitrogen).	5
Figura A4. Regresión lineal de las medidas de carbono total (CT) (a) y nitrógeno total (NT) (b) con la materia orgánica del suelo (MOS).....	5
Figura A5. Puntajes y cálculos de medias de los 10 Elementos de la Agroecología para 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42°. Elementos relacionados con la finca (azul): Reciclaje (Rc), Sinergias (S), Resiliencia (Rs), Diversidad (D) y Eficiencia (E); Elementos relacionados con los aspectos sociales (violeta): Co-Creación e Intercambio de Conocimientos (C&SK), Gobernanza Responsable (RG), Culturas y Tradiciones Alimentarias (C&FT), Valores Humanos y Sociales (H&SV) y Economía Circular y Solidaria (C&SE).	7
Figura A6. Asociación de las 53 fincas de la Comarca Andina del Paralelo 42 a los arquetipos y categorías de Reinert. Los valores de asociación a los arquetipos que se encuentran coloreados indican las fincas arquetipoides para el arquetipo correspondiente.	8
Figura A7. Distribución de las 53 fincas en el espacio definido por los cuatro arquetipos coloreadas según al grupo de Reinert en el que fueron clasificadas.	9
Figura A8. Estructura de las comunidades microbianas. Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS) basados en las matrices de disimilitud de Bray–Curtis para los TRF de 16S de bacterias (a) e ITS de hongos (b). Los colores representan los grupos formados por el tipo de uso del suelo y las formas la finca a la que pertenece la muestra. Las elipses delimitan las regiones de 95% confianza para el uso del suelo con el color respectivo.	18
Figura A9. Prueba post hoc del análisis de varianza multivariante permutacional (PERMANOVA por pares, 9999 permutaciones) para la composición de la comunidad microbiana según el uso del suelo. Se muestran los R^2 de los contrastes con diferencias significativas ($p < 0.05$).	18

- Figura A10.** Efecto de la distancia espacial sobre la biomasa microbiana del suelo (estimada mediante la cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las letras diferentes sobre las cajas indican diferencias significativas en comparaciones por pares (prueba de Dunn; $p < 0,05$). Las distancias A, B, C y D corresponden a 0,1, 1, 10 y 50 (a)–46 (b)–32 (c) m, respectivamente..... 21
- Figura A11.** Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la biomasa microbiana (estimada mediante la cuantificación de la extracción de ADN del suelo) en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). La línea vertical señala el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico. 22
- Figura A12.** Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice de Shannon–Wiener en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación. .. 23
- Figura A13.** Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice InvSimpson en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación. 24
- Figura A14.** Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para la riqueza en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación. 25
- Figura A15.** Semivariogramas empíricos (puntos) y modelo esférico ajustado (líneas discontinuas) para el índice Faith PD en suelos de bosque (a), pastizal (b) y huerta (c). Las líneas verticales señalan el límite de la dependencia espacial y el valor correspondiente al rango práctico en casos donde existe autocorrelación. 26
- Figura A16.** Estructura de la comunidad microbiana del suelo. Visualización de Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) basados en las matrices de distancia de Bray–Curtis (a–c) y UniFrac ponderada (d–f) de comunidades microbianas de suelos de bosque (a, d), pastizal (b, e) y huerta (c, f). Los colores representan los grupos formados por la profundidad del suelo y las formas representan los grupos formados por la clase de distancia espacial. Las elipses delimitan las regiones de confianza del 95% para la profundidad del suelo con el color respectivo. 27
- Figura A17.** Prueba *post hoc* del análisis de varianza multivariante permutacional (PERMANOVA por pares, 9999 permutaciones) para la composición de la comunidad microbiana según la profundidad del suelo (a) y la distancia espacial por clase (b). Se muestran los R^2 de los contrastes con diferencias significativas ($p < 0,05$). 28
- Figura A18.** Correlación de la disimilitud de Raup–Crick (Bray–Curtis) (a) y el índice β del taxón más cercano (β -NTI) (b) con la matriz de distancia euclidiana de la distancia espacial para cada profundidad en suelo de bosque, pastizal y huerta. .. 28

Figura A19. Abundancia relativa de taxones microbianos a nivel de filo para cada profundidad y por uso del suelo. Las estrellas indican los filos más importantes que contribuyen al recambio de la comunidad entre las clases de profundidad en los suelos de bosque, pastizal y huerta según el análisis SIMPER..... 29

Índice de tablas del Apéndice

Tabla A1. Variables de TAPE Paso 0, definiciones de las modalidades de cada variable de contexto.....	3
Tabla A2. Estadísticos de la prueba de razón de verosimilitudes. Comparación entre el modelo sin efecto aleatorio (MSA) y el modelo con efecto aleatorio (MCA).	10
Tabla A3. Conjunto de salidas de R de los modelos lineales mixtos para las propiedades biológicas y químicas del suelo.	11
Tabla A4. p-valores para la prueba de Scheirer-Ray-Hare no paramétrica de dos vías para la variación microambiental de la biomasa microbiana y la α -diversidad en suelo de bosque, pastizal y huerta. p-valores para la prueba de ANOVA de la actividad biológica en suelo de bosque, pastizal y huerta.	19
Tabla A5. Estadísticas de la prueba PERMANOVA (R^2 y significancia) del efecto de la profundidad, la distancia espacial y su interacción sobre la β -diversidad de las comunidades microbianas del suelo.....	20
Tabla A6. Valor medio y desvío estándar de las propiedades químicas del suelo según clases de profundidad del suelo en bosque, pastizal y huerta.	20
Tabla A7. Valor medio y desvío estándar de las propiedades químicas del suelo según clases de distancia espacial en bosque, pastizal y huerta.....	21
Tabla A8. Valores de CAET reportados por país y región dónde se encuentran las fincas evaluadas en publicaciones que aplicaron la TAPE.	30



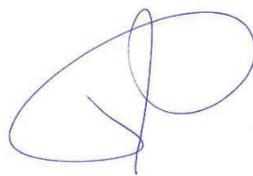
CHASCOMÚS 2024



**El presente manuscrito corresponde a la última versión de la tesis
doctoral e incluye las correcciones de los jurados.**



Ing. Valeria Álvarez
Tesisista



Dr. Pablo Titonell
Director



Dra. Verónica El Mujtar
Co-Directora