

“Biodiversidad fúngica de los suelos: relación con las prácticas orgánicas en la Indicación Geográfica de los Chacayes”

MAESTRANDO: DAVID JOHEL NAJERA ARROYO

Dra. MARIA LAURA SÁNCHEZ - UNCuyo

Dra. MELANIE ROY -UPS, IRD-IRL IFAECI

**TESIS DE POSGRADO PARA OPTAR POR EL TÍTULO DE:
MAGISTER EN VITICULTURA Y ENOLOGÍA**

UNIVERSIDAD NACIONAL DE CUYO
FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

MARZO 2026



Dedicatoria

A mis padres, que me enseñaron el significado de trabajo duro y me inculcaron los valores de un mexicano ejemplar.

Resumen

El calentamiento global y las prácticas intensivas de los suelos han generado efectos negativos en los ecosistemas y explotaciones agrícolas, como la pérdida de biodiversidad, la erosión del suelo, el aumento de su temperatura del suelo, pérdida de nutrientes y problemas de salud, entre otros. En Mendoza, la viticultura es una de las principales actividades económicas y es especialmente vulnerable a los cambios que pueden producirse en los suelos y el clima. Los suelos son componentes clave del concepto de *terroir*, ya que aportan características específicas al vino, influyendo tanto en su calidad de la uva como en la sanidad del viñedo. Además los suelos actúan como reservorio de macro y microorganismos, esenciales para el equilibrio de los ecosistemas y los agrosistemas. En general, estos microorganismos son sensibles a los cambios en las condiciones climáticas y a los efectos de las prácticas agrícolas, lo que puede afectar la biodiversidad, estructura de suelo y disponibilidad de nutrientes. Por ello, los productores buscan prácticas más sostenibles que promuevan el equilibrio de los agrosistemas. El uso de técnicas de metabarcoding del ADN ambiental (ADNa) ha aumentado en los últimos años, permitiendo estudiar los vínculos entre los microorganismos de distintas regiones y evaluar el impacto de las prácticas a una escala local. El objetivo de este estudio fue describir las comunidades de hongos presentes en la Indicación Geográfica (I.G.) de Los Chacayes, ubicada a 80 km del sur de Mendoza, Argentina, a través del metabarcoding del ADNa de los suelos y evaluar el impacto de las prácticas representadas en esta I.G. y su interacción con los factores físico-químicos del suelo y climáticos.

Se identificaron taxonómicamente filos de hongos, su abundancia en la región y algunos roles ecológicos. Los resultados de este estudio muestran una alta variabilidad local e inter-anual, un efecto de la físico-química del suelo y del clima y poca diferencia entre los tipos de manejo a la escala de la I.G. de los Chacayes. Además se observó una diversidad alta de hongos endomicorrizicos en los suelos. Estos resultados pueden ayudar a los productores de la región a conocer la biodiversidad de los suelos y sus funciones. También evidencian la necesidad de conservar los suelos e invitan a una reflexión de los mismos.

Tabla de contenido

Dedicatoria	2
Resumen	3
1. Introducción	6
1.1. El aumento de la viticultura orgánica en Argentina.....	6
1.2 Biodiversidad: del suelo al terroir	7
1.4 Respuesta de la microbiota al manejo orgánico	8
2. Hipótesis y Objetivos	14
2.1. Hipótesis	14
2.2 Objetivos	14
2.2.1 Objetivo General	14
2.2.2 Objetivos Particulares	14
3. Materiales y Métodos	15
3.1. Sitio de Estudio	15
3.2 Caracterización de los Factores Climáticos	16
3.3 Muestreos en la I.G. Los Chacayes.....	17
3.4 Amplificación y Secuenciación de las muestras de ADN	19
3.4.1 Extracción de ADN	19
3.4.2 Amplificación del ADN	19
3.4.3 Secuenciación del ADN	19
3.4.4 Análisis bioinformático	19
3.5 Caracterización del suelo	20
3.6 Análisis Estadístico.....	20
4. Resultados.....	22
4.1 Análisis Descriptivo del Tipo de Suelo	22
4.2 Análisis Descriptivo del Clima	24
4.3 Análisis de la diversidad taxonómica.....	26
4.4 Acumulación (Diversidad Gama) y Diversidad de Especies (Diversidad Alfa)	28
4.5 Análisis de la Varianza (Kruskal-Wallis) de las Prácticas Agrícolas y su Relación con la Diversidad Alpha y Beta	29
4.6 Impacto del clima y Suelo en la Diversidad Beta	32
4.7 Impacto de las Prácticas sobre la Beta diversidad	34
5. Discusión	37

5.1	Una diversidad fúngica poco conocida presente en los suelos de los viñedos	37
5.2	Una diversidad gamma alta y dominada por hongos endomicorricicos....	37
5.4	Suelo y clima estructuran las comunidades y la diversidad beta.....	39
5.5	La escala de la I.G. de Los Chacayes, un terroir para hongos	40
6	Conclusión y perspectivas	41
7	Referencias.....	43
8	Tabla de Figuras y Tablas.....	53
10.	Agradecimientos	55

1. Introducción

1.1. El aumento de la viticultura orgánica en Argentina

La vitivinicultura es una de las principales prácticas agroindustriales tanto a nivel mundial como nacional (Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable, 2017). Actualmente, existen alrededor de 7.3 millones de hectáreas de viñedos plantadas en el mundo. Argentina es el quinto mayor productor de vino y el primer exportador de mosto a nivel mundial. Mendoza con 158.585 ha plantadas, es la principal provincia vitícola del país (Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable, 2017). Frente al cambio climático principalmente y la demanda de productos más sostenibles e inocuos, el sector vinícola ha adoptado más prácticas orgánicas (Viers *et al.*, 2013). La producción orgánica es un sistema sustentable basado en el manejo racional de recursos naturales sin el uso de productos de síntesis química (Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Alimentaria, 1991). La viticultura orgánica incluyen prácticas tales como el control de malezas, plagas y enfermedades a través de interacciones biológicas dependientes, la reutilización de residuos vegetales y animales, la rotación de cultivos, el manejo del agua y prácticas adecuadas de labranza (Organización Mundial de la Salud, 2007). Argentina creció un 38% entre 2019 y 2022. En 2022, el 3,5% del total de la cosecha correspondió a uva orgánica (690.228 qq), ingresada a 142 establecimientos (Instituto Nacional de Vitivinicultura, 2022). Además varias certificaciones permiten identificar los viñedos orgánicos, y una parte menor de estos llevan a cabo prácticas biodinámicas.

La viticultura biodinámica se refiere a un conjunto de prácticas basadas en las teorías de Rudolf Steiner, fundador de la antroposofía. Estas prácticas consideran a las fincas como organismos vivos y complejos. Hace incapié en el equilibrio de su desarrollo integral y la interrelación de los suelos, plantas y animales como un sistema de autonutrición sin intervención externa en medida de lo posible (Lorand, 1996). Estas prácticas ponen énfasis en la integración de cultivos de apoyo y ganado, reciclado de nutrientes, mantenimiento de los suelos y la salud y bienestar de los cultivos y el ganado (Diver, 1999). Este tipo de agricultura se caracteriza por la elaboración de compost, preparados biodinámicos y el uso de un calendario lunar para determinar intervenciones en el campo, tales como; aplicación del compost, preparados biodinámicos, poda, cosecha, entre otras prácticas (Podolinsky, 1999).

Finalmente, una agricultura convencional es aquella que está autorizada a usar productos de síntesis química y donde una diversidad de prácticas se puede observar, las cuales son: labranza, control de malezas, manejo de plagas con pesticidas, fertilización, despampanado, deshoje, raleo y cosecha, ya sea manual o mecánica (Alvarez de la Paz *et al.*, 2005) En particular en Mendoza, la Cordillera de los Andes y los desiertos que rodean la región actúan como barreras biológicas frente a plagas y

enfermedades, reduciendo así la necesidad de usar productos de síntesis química en la vitivinicultura (Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable , 2017). Considerando esta diversidad de prácticas, evaluar el impacto de la viticultura orgánica necesita tanto una evaluación de su contexto ambiental, como una comparación a otras prácticas en la misma zona geográfica.

1.2 Biodiversidad: del suelo al terroir

La biodiversidad del suelo, según la OIV comprende la variabilidad de organismos de todas sus fuentes y constituye un elemento esencial para la sostenibilidad de los ecosistemas agrícolas, al favorecer los procesos ecológicos, reducir la dependencia a productos de origen sintético y minimizar el impacto ambiental (OIV, 2012). En particular, la biodiversidad del suelo se asocia positivamente con la estabilidad, funcionalidad y resiliencia del ecosistema, además de mejorar los ciclos de nutrientes (Awasthi *et al.*, 2014), desintoxicación de los suelos y control biológico de plagas (Pulleman *et al.*, 2012). El suelo también funciona como un reservorio de múltiples organismos, tales como bacterias, hongos o plantas tanto vivos o que murieron recientemente (Drummond *et al.*, 2015).

Los microorganismos del suelo, formando la microbiota del suelo cumplen importantes funciones en los ecosistemas agrícolas, tales como la mineralización de materia orgánica (M.O.), cumplimiento de los ciclos de nutrientes, mejoramiento de la estructura del suelo, retención de agua y nutrientes, la promoción del crecimiento vegetal y control de flora espontánea y plagas. (Giffard *et al.*, 2022). Asimismo se ha evidenciado que la microbiota influye directamente en la sanidad del viñedo y en las propiedades del vino (Pinto *et al.*, 2014), al influir en la respuesta de la vid ante factores bióticos y abióticos de estrés, contribuyendo así al *terroir* de la región (Zarraonaindia *et al.*, 2015) ya que estudios globales han confirmado la importancia de los factores geográficos sobre la diversidad microbiana (Gobbi, *et al.*, 2022).

1.3 El papel de los hongos en los suelos vitícolas

Los hongos son organismos eucariotas que se reproducen por esporas, carecen de clorofila y presentan estructuras somáticas filamentosas rodeadas por una pared celular compuesta por celulosa, quitina o ambas (Alexopoulos, 1952). Evolutivamente, desempeñaron un papel crucial, ya que permitieron que las plantas pudieran establecerse en tierra firme mediante la formación de micorrizas, simbiosis que actualmente ocurre en el 95% de las plantas vasculares (Ruiz Herrera, 2001). Las micorrizas constituyen asociaciones simbióticas entre raíces vegetales y hongos del suelo donde los hongos obtienen carbohidratos de las plantas y a cambio facilitan la

absorción de nutrientes como el Fósforo (P) y agua (Aguilera Gómez *et al.*, 2007). Esta simbiosis a su vez fortalece los mecanismos de defensa contra fitopatógenos (Johnson & Jansa, 2017), promueven el crecimiento vegetal, mejoran la asimilación de nutrientes, aumentan la resistencia ante factores de estrés bióticos y abióticos (Simard *et al.*, 1997), mejoran el estado de agregación del suelo, la retención de agua, promueven incremento de la diversidad microbiana y fitorremediación (Gianinazzi *et al.*, 2010), promueven la generación de vínculos con cultivos de cobertura de diferente especie, favoreciendo el intercambio de nutrientes (Cheng & Baumgartner, 2005).

En los suelos vitícolas, los hongos endomicorrizicos favorecen el crecimiento de la planta y mejora el rendimiento y la calidad de la uva (Almaliotis *et al.*, 2008). Además confieren protección, mejoran la asimilación de nutrientes y hace la planta más tolerante a enfermedades (Tsvetkov *et al.*, 2014). En la Figura 1 se muestra un esquema comparativo de la actividad biológica generada por la relación simbiótica entre los hongos y las raíces de la vid formando micorrizas.

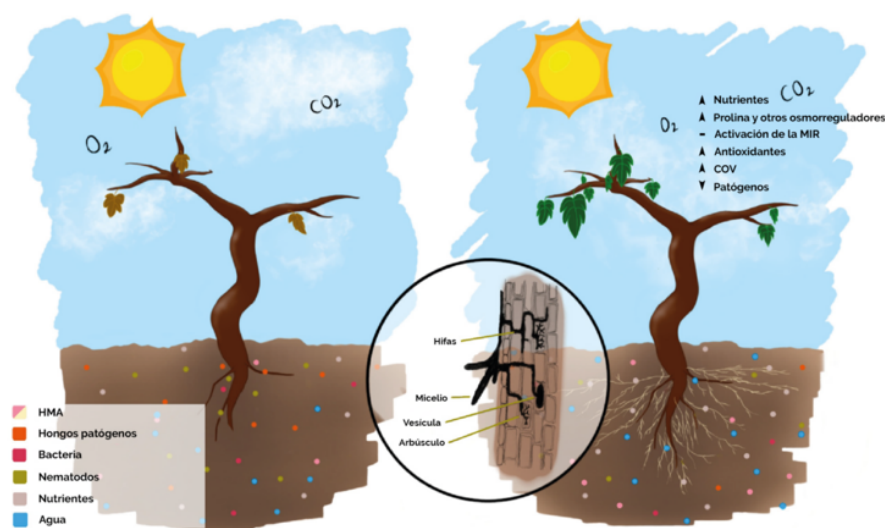


Figura 1 Simbiosis entre los hongos y las raíces de la vid. Fuente:

<https://biologicalslatam.com/el-potencial-de-las-micorrizas-para-ayudar-a-los-vinedos-a-enfrentar-el-cambio-climatico/>

1.4 Respuesta de la microbiota al manejo orgánico

En el contexto de la viticultura orgánica, esta tiende a incrementar la actividad microbiana y cambios en la composición comunitaria del suelo (Crowder *et al.*, 2010). Como consecuencia incrementa la respiración del suelo y la biomasa microbiana (Meissner *et al.*, 2019) traduciendo en una mayor actividad enzimática y concentración de carbono orgánico (Schmid *et al.*, 2011). No obstante, el uso de herbicidas puede reducir la biodiversidad del suelo al afectar la disponibilidad de agua y

nutrientes debido a la erosión y pérdida de biomasa (Kazakou *et al.*, 2016). El uso excesivo de pesticidas puede reducir la diversidad de micorrizas, microorganismos del suelo y nutrientes en los viñedos de manera significativa (Zaller *et al.*, 2018) e incrementa la resistencia de hongos patógenos (Rivas *et al.*, 2022). Por el contrario, la presencia y correcta selección de cultivos de cobertura pueden influenciar de manera significativa la extensión y características de desarrollo de los hongos endomicorrizicos (Rádics *et al.*, 2012). Tal como menciona Giffard *et al.* (2022) la labranza del suelo es otro factor que impacta de manera negativa las comunidades de hongos en el suelo. Presencia de metales pesados como Cobre (Cu) aparentemente afectan el desarrollo de los hongos del suelo (Probst *et al.*, 2007).

El crecimiento y el metabolismo de los microorganismos presentes en los suelos, incluidos los hongos, está fuertemente condicionado por factores como la temperatura y las precipitaciones (Tedersoo *et al.*, 2014). Un aumento de la temperatura incrementa la respiración microbiana, liberando mayor cantidad de CO₂ al ambiente, contribuyendo al calentamiento global (Bond Lamberty *et al.*, 2018). Asimismo se acelera la mineralización de la M.O. por parte de microorganismos descomponedores (Schindlbacher *et al.*, 2011) acelerando la liberación de N, lo que acelera el crecimiento de la planta y la captación de carbono (Bai *et al.*, 2013). Evaluar todos estos factores es esencial para entender la diversidad de la microbiota del suelo.

1.5 El metabarcoding y sus indicadores

El metabarcoding es una técnica que se emplea para caracterizar distintos códigos de barras con técnicas de Secuenciación de Nueva Generación (SGN). El análisis de la microbiota del suelo ha evolucionado significativamente debido al incremento de la capacidad de procesar muestras simultáneamente (Taberlet *et al.*, 2012). Desde 1993 Gardes y Burns recomendaron el uso de regiones ITS (Internal Transcriber Spacer) del ARN como marcador molecular para hongos (Schoch *et al.*, 2012) debido a su buen rendimiento en reacciones de PCR y su capacidad para discriminar especies (Hebert *et al.*, 2003). En ese contexto, el metabarcoding del ITS se posiciona como una herramienta potente para la rápida identificación de especies de hongos, generando nuevo conocimiento, de modo que funciona como una guía de estudios ecológicos y de biodiversidad (Xu, 2016) permitiendo estimar la diversidad fúngica a partir de muestras de ADN en una pequeña escala facilitando comparaciones globales (Tedersoo *et al.*, 2022).

La secuenciación de las comunidades permite el cálculo de los índices alfa (α), beta (β) y gamma (γ), herramientas fundamentales para monitorear cambios ambientales y evaluar la diversidad en comunidades naturales como modificadas (Whittaker, 1972).

Diversidad α : se refiere a la riqueza y abundancia relativa de especies dentro de una comunidad específica.

Diversidad β : mide la tasa de cambio en la composición de especies entre comunidades adyacentes, reflejando la heterogeneidad del paisaje con respecto a la diversidad de especies entre ellas (Jimenez *et al.*, 2017).

Diversidad γ : representa la diversidad total del paisaje, integrando los componentes α y β . Se calcula como el número total de especies registradas en un conjunto de comunidades (Magurran, 2021).

Estos índices permiten estimar la tasa de cambio en la biodiversidad entre comunidades y su contribución a nivel regional siendo esenciales para generar estrategias de conservación a escala local (Jimenez *et al.*, 2017). La riqueza de especies está relacionada al número de muestreos realizados, al tamaño del área explorado y de la heterogeneidad ambiental incluido en el estudio (Martella *et al.*, 2012). Para evaluar si el muestreo es adecuado, se emplean curvas de acumulación de especies que grafican la cantidad de especies detectadas conforme aumenta el esfuerzo de muestreo de un sitio hasta que llegue un momento en el cual el número de especies se estabiliza (Martella *et al.*, 2012).

Hill (1973) propuso un enfoque unificado para los índices de diversidad, clasificándolos según su sensibilidad a la abundancia relativa de especies. Estos índices varían en su énfasis entre especies raras o comunes, y permiten evaluar la equitatividad en la distribución de las especies a través de una fórmula basada en la proporción relativa de cada especie respecto al total de individuos, los principales valores del parámetro “q” en este enfoque son:

$q=0$ representa la riqueza total de especies (Número de especies “S”) sin considerar abundancia.

$q=1$ corresponde al Índice de Shannon, que toma en cuenta la frecuencia relativa de cada especie, ponderando equitativamente especies raras y comunes.

$q=2$ corresponde al Índice de Simpson, el cual refleja la probabilidad de que dos individuos sean seleccionados al azar de la comunidad pertenezcan a la misma especie (Jimenez *et al.*, 2017), dando mayor peso a las especies más abundantes.

El uso de metabarcoding del ADN_a tiene un impacto importante en la selección de los indicadores de la diversidad. Estudios recientes han demostrado la existencia de sesgos asociados a la capacidad de las técnicas de SNG para generar múltiples copias de la región ITS, así como la detección de ADN contaminante. En consecuencia se recomiendan los números de Hill para describir la diversidad a partir de los datos obtenidos mediante metabarcoding de ADN_a, ya que permiten una interpretación más robusta y comparable de la diversidad biológica.

1.5.1 Indicaciones Geográficas (I.G.): Una escala local para estudiar las interacciones entre prácticas, suelo y manejo.

La ley 25.163/99 y su Decreto reglamentario No. 57/2004 establecen el marco legal para el reconocimiento, protección y registro de los nombres geográficos argentinos aplicables a vinos y bebidas espirituosas de naturaleza vínica. A partir de este marco, se definen tres categorías de designación de origen: Indicación de Procedencia (IP), Indicación Geográfica (I.G.) y Denominación de Origen Controlada (D.O.C.) (Belletti *et al.*, 2014). En la provincia de Mendoza las I.G. están identificadas y delimitan territorios o regiones que comparten un contexto ambiental común potencialmente útil para evaluar el impacto de las prácticas y sus interacciones con el suelo y el clima sobre la biodiversidad del suelo.

En el Valle de Uco se encuentra la I.G. de Los Chacayes, la cual, se ubica en la depresión tectónica correspondiente al graben de Tunuyán y presenta una heterogeneidad natural en sus suelos. Desde el punto de vista geomorfológico, el Valle de Uco se puede dividir en 2 macro unidades, por un lado; el piedemonte y las planicies. El primero, se compone por una coalescencia de abanicos aluvionales con alta pendiente, suelos predominantemente pedregosos y con una densa red de drenaje. En cambio, las planicies representan la zona más distal de estos abanicos, caracterizándose por pendientes 5 veces menores y suelos profundos (Corona, 2020) tal como se muestra en la Figura 2.

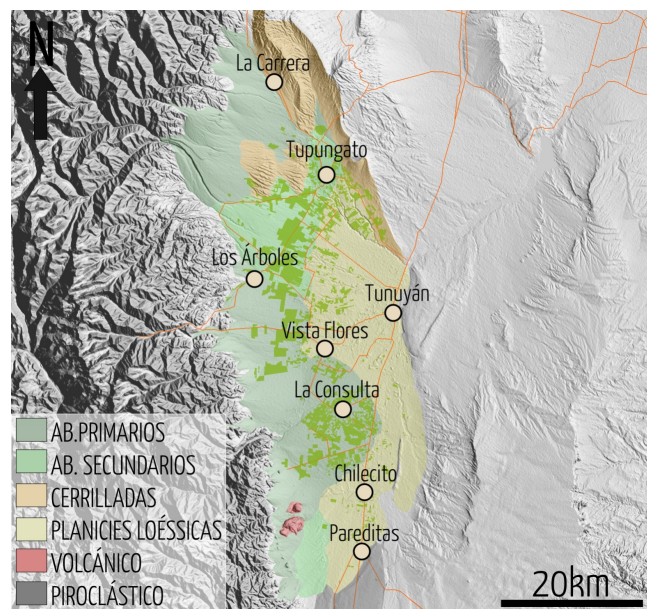


Figura 2 El Valle de Uco con los departamentos que la conforman y sus unidades geomorfológicas, rasgos edáficos y geológicos (2021) Fuente: Lic. Guillermo Corona

En esta región se han identificado tres abanicos aluvionales cuyos sedimentos fueron identificados y provienen de las nacientes ubicadas aguas arriba del Manzano Histórico (Arroyo Grande y Pirca), los cuales han sido denominados Chacayes Norte, Chacayes Sur y Chacayes Central por el Geofísico Guillermo Corona (Figura 3).

El Abanico Chacayes Sur es el más antiguo de todos, debido a que tiene mayor pendiente, característica asociada con una mayor evolución temporal en este tipo de estructuras aluviales. El último en formarse fue el Abanico Chacayes Central, el cual corresponde al último estadio del Arroyo Grande (Corona, 2020). De los tres abanicos, el Abanico Chacayes Central es el que mayor superficie de vid tiene cultivada, esto se debe a factores como la disponibilidad de agua, la profundidad de los suelos (Figura 3), los servicios energéticos y la cercanía con la Ruta Provincial 94 (Corona, 2020).

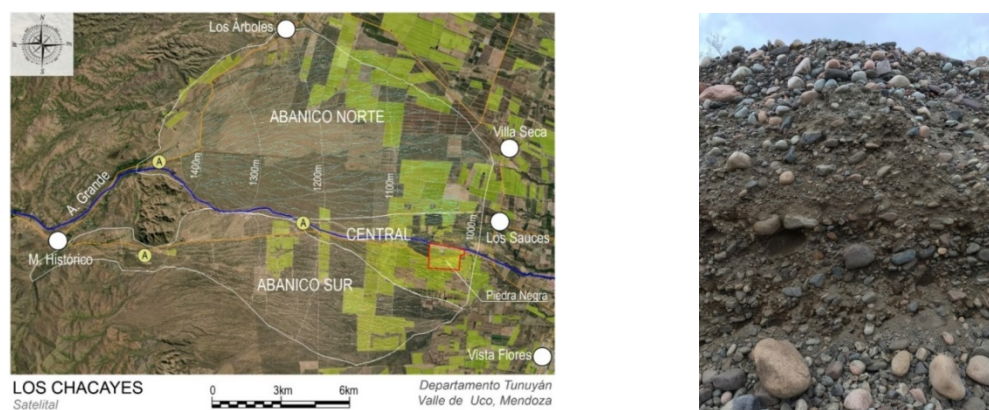


Figura 3 izquierda: Mapa Satelital del área de estudio I.G. de Los Chacayes (2020)Fuente: Guillermo Corona derecha perfil de suelo típico de la I.G. de Los Chacayes con alta presencia de piedra y arena (2020): Fuente: Colección propia

De acuerdo con los datos históricos registrados en la estación meteorológica dentro de la I.G. de Los Chacayes, la suma térmica para el periodo de octubre a abril (2018) era de 1920 °C, ubicando a la zona en el Índice III de la clasificación Wrinkler (Figura 4). La graduación Wrinkler-Amerine se basa en un Índice Térmico de grados-día, función de las temperaturas eficaces durante el periodo efectivo de vegetación el cual corresponde desde la primavera hasta finales del otoño y la I.G de los Chacayes incluye 4 zonas distintas. Las precipitaciones son en promedio 250 mm anuales concentradas en tormentas de verano intensas y breves, ilustrando un clima árido típico de la provincia de Mendoza.

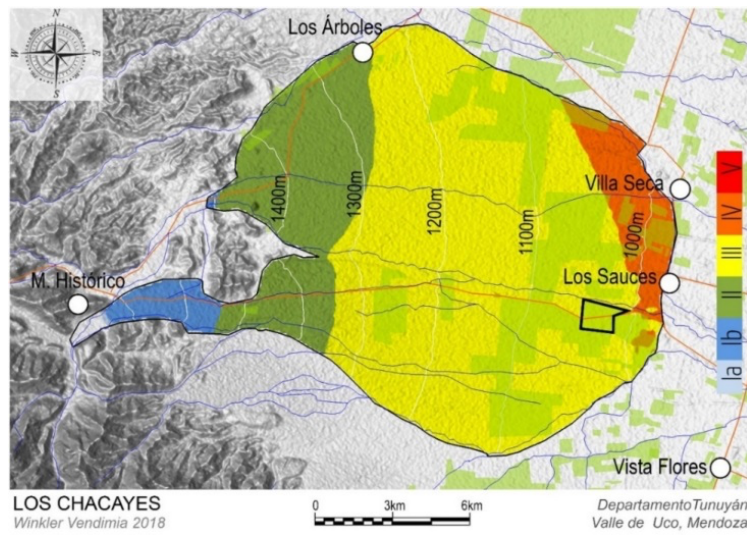


Figura 4 I.G. de Los Chacayes con Escala Winkler (2018) Fuente: Guillermo Corona

2. Hipótesis y Objetivos

2.1. Hipótesis

1. El uso de metabarcoding del ADN permite caracterizar la diversidad fúngica y conocer las funciones de la microbiota del suelo, así como evaluar el efecto de las prácticas orgánicas y su impacto en la biodiversidad en un sistema productivo.
2. El manejo orgánico en la viticultura favorece la diversidad alfa de la microbiota a escala del viñedo en la I.G. de los Chacayes y su estabilidad entre años
3. Las variaciones interanuales de diversidad alfa y beta de la microbiota fúngica están influenciadas por las prácticas de manejo, las propiedades del suelo y las variables climáticas en la I.G. de los Chacayes durante los dos ciclos de estudio.

2.2 Objetivos

2.2.1 Objetivo General

Caracterizar la microbiota fúngica presente en los suelos de viñedos de la IG de Los Chacayes mediante metabarcoding del DNA y analizar su relación con las prácticas de manejo en el viñedo, las propiedades del suelo y las variables climáticas

2.2.2 Objetivos Particulares

1. Describir la diversidad y abundancia de las comunidades fúngicas presentes en los suelos de la I.G. de los Chacayes.
2. Analizar la relación entre la diversidad de la microbiota fúngica, las características fisicoquímica del suelo, las variables climáticas y el tipo de manejo agrícola.
3. Comparar la variación interanual de la diversidad alfa y beta, composición y estructura de las comunidades fúngicas entre los dos ciclos de estudio, a fin de identificar la influencia de las prácticas de manejo, las propiedades del suelo y las variables climáticas en la I.G. de Los Chacayes.

3. Materiales y Métodos

3.1. Sitio de Estudio

Los puntos de muestreo se eligieron en el marco del Proyecto SAELVA (Proyecto Suelo, Clima y Diversidad: Resiliencia de los viñedos Frente al Cambio Climático). Proyecto que comenzó en el 2021 y convocó a viticultores e investigadores con el objetivo de estudiar la biodiversidad de los viñedos y su sensibilidad climática a través de la extracción de ADN y el metabarcoding de las comunidades fúngicas. El proyecto involucró 45 bodegas y 163 parcelas entre el 2021 y el 2022, representando distintos manejos de suelo y microclima del Valle de Uco, primera zona y Este de Mendoza (Roy, 2021), donde, 23 corresponden a parcelas de la I.G. de Los Chacayes para este estudio. El muestreo de la I.G. de Los Chacayes representa la diversidad de clima, suelo y prácticas agrícolas, donde, 3 de las 8 bodegas participantes tenían un manejo convencional y se consideró este desequilibrio a posteriori en el análisis estadístico. La Tabla 1 muestra las 8 bodegas de la I.G. de los Chacayes ubicadas en el suroeste de Mendoza (33°36'06"S 69°23'03"W) entre 1.000 y 1.700 (msnm).

*Tabla 1 Resumen de los Puntos de Muestreo en la I.G. de Los Chacayes derivado del Proyecto SAELVA
llevado a cabo por Melanie Roy.*

No. De Bodega	Punto de Muestreo	Tipo de Prácticas Agrícolas	Longitud	Latitud	Elevación (msnm)
1	S12P1	Biodinámico	-33.60332	-69.22792	1091
1	S12P2	Biodinámico	-33.60376	-69.22896	1090
2	S13P1	Biodinámico	-33.61035	-69.2085	1029
2	S13P2	Orgánico	-33.61285	-69.20025	1009
2	S13P3	Orgánico	-33.61075	-69.19879	1014
2	S13P4	Orgánico	-33.60451	-69.20863	1044
2	S13P5	Orgánico	-33.60561	-69.20527	1035
2	S13P6	Biodinámico	-33.60678	-69.20687	1036
2	S13P7	Orgánico	-33.60744	-69.19403	1005
2	S13P8	Orgánico	-33.60802	-69.19287	999
3	S14P1	Convencional	-33.60362	-69.22722	1086
3	S14P2	Convencional	-33.60413	-69.22666	1082
3	S14P3	Convencional	-33.60293	-69.22614	1083
4	S67P1	Orgánico	-33.59795	-69.28297	1270
4	S67P2	Orgánico	-33.59969	-69.28375	1270
4	S67P3	Orgánico	-33.59517	-69.27759	1244
5	S84P1	Convencional	-33.59539	-69.28324	1267
5	S84P2	Convencional	-33.59634	-69.28141	1250
6	S85P1	Orgánico	-33.63251	-69.23697	1094
6	S85P2	Orgánico	-33.63868	-69.22967	1068
7	S86P1	Convencional	-33.60188	-69.22852	1092
8	S89P1	Orgánico	-33.61138	-69.27573	1241
8	S89P2	Orgánico	-33.61308	-69.28287	1267

El análisis se realizó a lo largo de 2 años. En 2021 se llevaron a cabo 23 muestreos para la Secuenciación de ADN ambiental (ADNa) y la caracterización fisicoquímica del suelo. En 2022, se llevó a cabo una segunda ronda en los mismos puntos de muestreo, enfocada únicamente en la Secuenciación de ADNa (n=46).

Los puntos de muestreo fueron clasificados según su tipo de manejo agrícola: Orgánico, Biodinámico y Convencional. El análisis descriptivo se efectuó con el Software JAMOV, utilizando la base de datos de los muestreos realizados en los años 2021 y 2022 en el marco del Proyecto SAELVA.

3.2 Caracterización de los Factores Climáticos

Para evaluar la influencia de las condiciones climáticas y la geografía del área en la biodiversidad fúngica, se utilizaron datos obtenidos mediante GPS en el campo, midiendo la altitud, longitud y elevación. Las Variables Bioclimáticas fueron obtenidas con los datos climáticos de WorldClim (<https://www.worldclim.org/data/bioclim.html>) las cuales se presentan en la Tabla 2 donde reflejan tendencias anuales (ej: temperatura media anual, precipitación anual), estacionalidad (ej: rango anual de temperatura y precipitación) y factores ambientales limitantes o extremos (ej: temperatura del mes más frío y más cálido, precipitación del trimestre más húmedo y el más seco). Estos parámetros se derivan de los datos mensuales de temperatura y precipitación para generar variables biológicamente más relevantes (WorldClim, 2023).

Las variables están codificadas con el esquema de ANUCLIM, un software utilizado para generar variables bioclimáticas a partir de datos mensuales de temperatura y precipitación. Para la estacionalidad de la temperatura, se utilizó la desviación estándar en lugar de un coeficiente de variación, ya que este último no es adecuado para temperaturas que oscilan entre -1 y 1 °C.

Tabla 2 Variables Bioclimáticas Fuente: Base de Datos Worldclim 2023

Código	Variable
BIO1	Temperatura Media Anual
BIO2	Rango Medio Diurno (Media Mensual(°T max- °T min)
BIO3	Isotermalidad ((BIO2/BIO7)x100)
BIO4	Estacionalidad de la Temperatura (desviación estándar x 100)
BIO5	Temperatura Máxima del Mes más cálido
BIO6	Temperatura Mínima del Mes más frío
BIO7	Rango Anual de Temperatura (BIO5-BIO6)
BIO8	Temperatura media del cuarto más húmedo
BIO9	Temperatura Media del cuarto más seco
BIO10	Temperatura Media del Cuarto más Cálido
BIO11	Temperatura media del Cuarto más Frío
BIO12	Precipitación Anual
BIO13	Precipitación del Mes más Húmedo
BIO14	Precipitación del mes Más Seco
BIO15	Estacionalidad de la Precipitación (desviación estándar)
BIO16	Precipitación del Cuarto más húmedo
BIO17	Precipitación del Cuarto más Seco
BIO18	Precipitación del Cuarto más Cálido
BIO19	Precipitación del Cuarto más Frío

3.3 Muestreos en la I.G. Los Chacayes

Durante los años 2021 y 2022 se llevaron a cabo 23 muestreos de suelo en diferentes puntos de la I.G. de Los Chacayes durante el mes de agosto de cada año (n=46). Los muestreos se definieron con base en el conocimiento empírico de la Finca, sabiendo el tipo de suelo, la variedad plantada, el tipo de prácticas culturales (Convencional a Orgánica, Orgánica, Orgánica con prácticas Biodinámicas o Biodinámica tal como se muestra en la Tabla 1) y las labranzas llevadas a cabo en la finca siguiendo el protocolo de GRAPEVINE MICROBIOME PROJECT <https://www.globalsustainableagriculture.org/vine-microbiome/> (Ochoa-Hueso, 2018). Cada muestra fue obtenida de 5 núcleos de suelo en un área de 30 x 30 m y a 0 – 20 cm de profundidad de cada parcela (Figura 5) y su georreferenciación donde se diseñó un mapa para visualizar su ubicación.

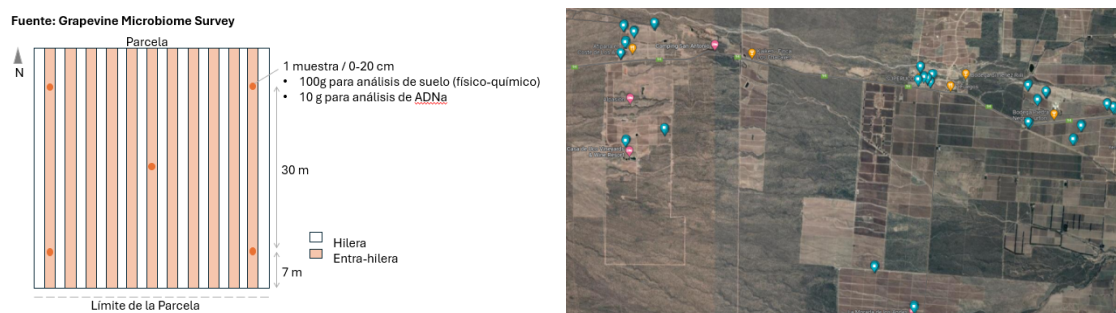


Figura 5: Izquierda: Esquema de Muestreo para Proyecto SAELVA para la obtención de muestras de suelo en los viñedos de la I.G. de Los Chacayes. Derecha: Geolocalización GPS de los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes

Con una pala previamente desinfectada, se extrajo una muestra de suelo, posteriormente se almacenó en bolsas de polietileno y se identificaron, esto se realizó para cada parcela, entre cada muestreo se desinfectaron los instrumentos con una solución de hipoclorito de sodio al 2% para evitar contaminación cruzada. Se realizó en cada año de muestreo tal como se muestra en la Figura 6.



Figura 6: Muestreo en IG de Los Chacayes (Izquierda: Herramienta de Muestreo Centro: Equipo muestreando suelo en viñedo. Derecha: Paisaje de la I.G. de Los Chacayes.) (2020) Fuente: Colección Propia.

Del punto de muestreo se tomaron muestras de 10 g, se conservaron a una temperatura de -20 °C previo al análisis de biología molecular y se tomó otra muestra de 100 g que fue destinada a análisis físicoquímico y secado a temperatura ambiente.

3.4 Amplificación y Secuenciación de las muestras de ADN

3.4.1 Extracción de ADN

A partir de las muestras de suelo obtenidas se llevó a cabo la extracción de ADN siguiendo el protocolo de Donald *et al.* (2021). El cual se llevó a cabo con el Kit NucleoSpin Power Soil, en donde previo a la manipulación de las muestras se preparó un buffer de fosfato, posteriormente, a las 48 horas se mezclaron de 20 g de suelo con 30 mL de la solución de fosfato. Posteriormente el sobrenadante se transfirió a tubos eppendorf de 2 mL y se centrifugó a 13.000 rpm. Se llevó a cabo la purificación del ADN a través del kit utilizado con el sobrenadante de cada muestra de suelo centrifugada en el paso anterior. Una vez purificado el ADN se llevó a cabo la elución del ADN, en este paso se eliminaron las fases líquidas de los tampones agregados en el paso anterior y las columnas de colección, posteriormente se agregó el tampón para la elución, se incubó a temperatura ambiente y se almacenó a -20 °C (Roy, 2021).

3.4.2 Amplificación del ADN

Posteriormente se llevó a cabo la amplificación a través de PCR con marcadores moleculares de ADN fúngico (Donald *et al.*, 2021). Los marcadores utilizados fueron; ITS1 (Fung02) fue amplificado con la técnica de PCR usando dos primers: ITS5 forward 5' CAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTK 3' (Epp *et al.*, 2012); y Rev:5.8S_Fungi 5' GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG 3' (Taberlet *et al.*, 2018). De manera simultánea se amplificaron testigos y control positivo (ADN de trufa y morilla) para confirmar el PCR por duplicado. Para identificar las diferentes secuencias de ADN durante el análisis bioinformático se siguió con una estrategia de doble indexación (Donald *et al.*, 2021).

3.4.3 Secuenciación del ADN

La secuenciación del ADN se llevó a cabo en la plataforma Illumina (San Diego, CA, USA) de Get-Plage, Toulouse, usando tecnología de Segunda Generación (MiSeq, V3, 2*250 bp).

3.4.4 Análisis bioinformático

El análisis bioinformático se llevó a cabo a través de la plataforma bioinformática GenoToul (Toulouse, Francia) con el paquete OBITOOLS (Boyer *et al.*, 2016). Las lecturas emparejadas al final fueron ensambladas. Primers, tags y errores de secuenciación en cada lectura fueron removidas antes de que se asignaran a sus respectivas muestras (Zinger *et al.*, 2019). Se llevó a cabo una desreplicación, aquellas secuencias de baja calidad o representadas por una sola lectura fueron removidas, antes de conformar las Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs) usando el algoritmo

de agrupamiento “sumacust” (Mercier, 2013) en un umbral de aceptación establecido del 97% de los hongos. Finalmente, los datos fueron transformados en una matriz lista para ser analizada, la cual, incluyó; una secuencia corta, porcentaje de identidad de matcheo, código Genbank y su asignación taxonómica potencial. Esta asignación se realizó mediante la comparación de las secuencias obtenidas con bases de datos a través de la herramienta bioinformática **Genbank** de la plataforma del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI), identificando especies, genes, familia o nivel taxonómico superior.

3.5 Caracterización del suelo

Se analizaron 23 muestras de suelo correspondientes únicamente a los muestreos del 2021 y corresponden a los muestreos usados por el ADN_a en 2021. Este análisis se realizó una vez, principalmente porque los factores evaluados tienden a ser más estables y permiten realizarse en periodos más prolongados (cada 2 a 5 años). El costo del análisis fue otro factor a considerar para limitar su repetición.

Las muestras de suelo fueron enviadas al Laboratorio AGQ Labs en Mendoza, donde se realizaron las determinaciones fisicoquímicas. El pH y la conductividad eléctrica (CE) se midieron realizando una dilución suelo:agua 1:2.5 a 25 °C.

La Materia Orgánica (M.O) se determinó mediante combustión seca, mientras que el Nitrógeno Total fue cuantificado por el Método de Dumas. El fósforo disponible se estimó mediante extracción con solución alcalina según el método de Olsen.

La Caliza Cálcica se determinó mediante extracción con oxalato de amonio. Los cationes intercambiables (K^+ , Mg^{2+} , Ca^{2+} y Na^+) fueron extraídos con solución de acetato de amonio 1M (pH: 7,0) y determinados posteriormente por espectrometría de emisión óptica con plasma acoplado inductivamente (ICP-OES).

La textura del suelo se determinó por dispersión con hexametafosfato de sodio y lectura densimétrica mediante el método de Bouyoucos.

3.6 Análisis Estadístico

El análisis estadístico se llevó a cabo con Rstudio versión 4.0.5 donde se analizaron las 23 muestras del año 2021 y las 23 muestras del 2022 (n= 46). Se determinó la cobertura global del muestreo de las especies, verificando la curva de refracción obtenida con el paquete iNext (Hill number $q=0, 1$ y 2) (Donald *et al.*, 2021) para describir el conjunto de datos y la diversidad gamma, la cual se refiere al número de especies cuyas distribuciones geográficas superponen un punto en un rango en el mapa que incluye múltiples comunidades o hábitats (Stevens & Willing, 2002), a diferencia de la diversidad alfa que mide la diversidad dentro de un solo hábitat y la beta que mide la diferencia de

especies entre hábitats. Se representó la distribución taxonómica y las curvas de acumulación de especies, diferenciando también las prácticas agrícolas. Para medir el número de especies y tomar en cuenta la abundancia a nivel de cada parcela, se calcularon dos indicadores de diversidad alfa: la riqueza y el indicador de Shannon utilizando el paquete “vegan” (Oksanen *et al.*, 2015). Para evaluar si las variables mostraban una distribución normal, se llevó a cabo la prueba de Shappiro. Se optó por transformar logarítmicamente la riqueza de las especies para los análisis adicionales. Para evaluar el efecto de las prácticas agrícolas y el año con respecto a la riqueza y diversidad de especies se llevó a cabo la prueba Kruskal-Wallis esto debido a que las muestras no presentan una distribución normal y son claramente asimétricas. Para evaluar como el clima y el suelo influyen en la diversidad alfa, realizamos primero un Análisis de Componentes Principales (PCA) utilizando los paquetes “FactoMiner” y “factoextra” (F Husson, S Le y J. Pages, 2017). Representamos la contribución de cada factor a los primeros dos ejes del PCA, evaluando la contribución de cada factor mediante la medición “cos 2” (el cuadrante del coseno). Se realizó un segundo PCA para los factores del suelo y factores del clima. Este análisis permitió reducir el número de variables climática en dos ejes. Los dos primeros ejes de las dos diferentes PCA fueron incluidos en un único modelo lineal, para evaluar su efecto común sobre la diversidad del suelo, incluyendo todas las interacciones. Posteriormente se seleccionó el mejor modelo, y se recuperó el eje y la interacción que no probó haber tenido un efecto significativo. Se midió la influencia geográfica o dependencia espacial usando la prueba moran con el paquete SPDEP (Bivand, 2022). Posteriormente se evaluaron los residuos del modelo de regresión lineal de clima con la riqueza de especies como variable de respuesta y los dos ejes de clima, con `lm.morantest`, para constatar la dependencia espacial o influencia del vecino más cercano. Se utilizaron las funciones `cor` y `cor.mtest` para calcular la correlación entre todas las variables con la corrección de Bonferroni de un largo número de variables para guiar nuestra interpretación. Finalmente, para el análisis de la proporción de especies se utilizó Excel, donde se procesó la matriz de datos obtenida posterior a los análisis de Secuenciación de ADN donde se calculó el porcentaje de aparición de las especies identificada en los puntos de muestreo del 2021 y 2022, utilizando la función de conteo y cálculo de frecuencias relativas. Se descartaron secuencias de las cuales no se determinó una especie con respecto a la Base de Datos de Genbank de la NCBI, así como aquellas secuencias clasificadas como *fungi sp.*, ya que no proporcionaron ninguna información relevante ni taxonómicamente precisa. Bajo éste criterio nos centramos en las secuencias con una identificación más confiable, asegurando de ésta forma la validez de los resultados.

4. Resultados

4.1 Análisis Descriptivo del Tipo de Suelo

A partir los resultados obtenidos de los análisis de suelos realizados por el Laboratorio externo AGQ, los puntos de muestreo se caracterizaron por ser predominantemente arenosos ($\approx 60\%$) con una baja proporción de arcilla y limo tal como se puede observar en la Figura 7 éstas características están asociadas a suelos con baja retención de humedad y bajo intercambio catiónico. Éste patrón de textura de suelo es consistente en la I.G. de Los Chacayes.

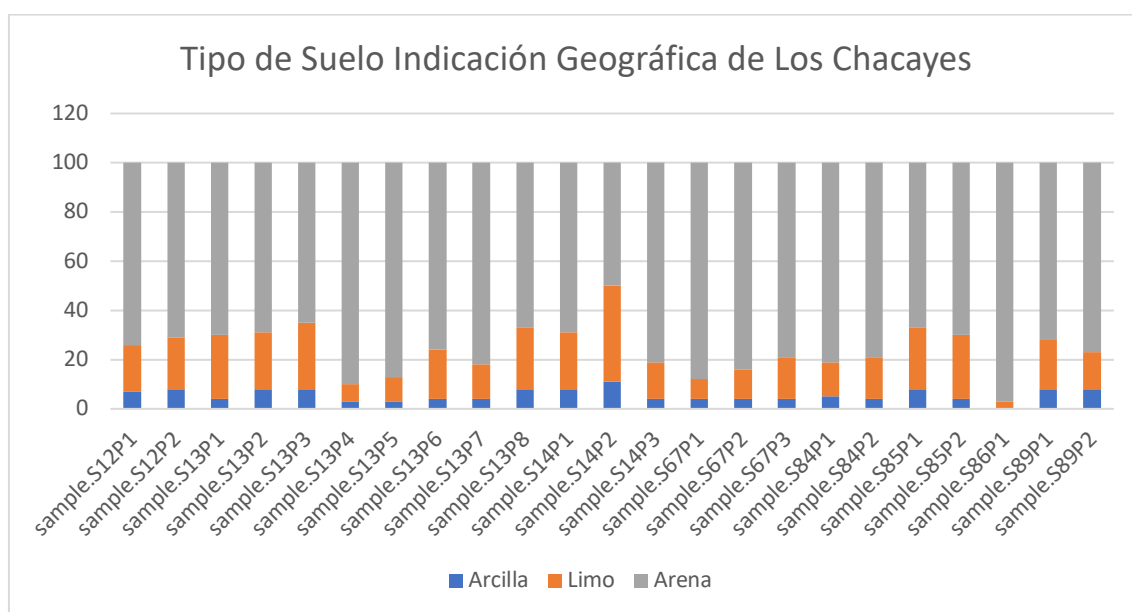


Figura 7: Composición del suelo de los puntos de muestreo de la Indicación Geográfica de Los Chacayes

A nivel fisicoquímico en la Tabla 3 la mayoría de los suelos presentó un pH alcalino (7.5 – 8.4), conductividad eléctrica baja ($<400 \mu\text{S}/\text{cm}$) y valores de M.O. bajos ($<1.5\%$). Esto sugiere una fertilidad acotada y condiciones de baja capacidad de retención y provisión de nutrientes de forma disponible. De acuerdo con los resultados obtenidos de los análisis fisicoquímicos el suelo en la I.G. de Los Chacayes describe un suelo químicamente pobre y texturalmente ligero. Estos resultados obtenidos constituyen un punto de partida para los análisis multivariados presentados posteriormente (PCA /Cos 2), donde se evaluó la relación de las variables fisicoquímicas del suelo con la diversidad fúngica del suelo en la I.G. de Los Chacayes.

Tabla 3 Variables fisicoquímicas del Suelo para los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes obtenidas durante los muestreos del 2021

Muestra	Ca ²⁺	Cond. Eléctrica	P Disp. (Olsen)	Mg ²⁺	M.O.	N Total	K ⁺	C/N	Na ⁺	pH
S12P1	4.74	82	<9.80	0.77	0.61	350	0.48	10.1	0.07	8.12
S12P2	7.47	114	23.8	1.02	1.77	1014	0.73	10.1	0.07	7.50
S13P1	5.82	108	18.9	0.60	1.42	718	0.56	11.4	<0.05	7.80
S13P2	5.76	125	13.1	0.91	0.87	512	0.65	9.90	0.07	8.04
S13P3	5.07	83.5	16.5	0.63	0.90	543	0.68	9.57	<0.05	7.91
S13P4	3.56	135	30.1	0.62	1.58	836	0.60	10.9	<0.05	7.93
S13P5	7.28	182	9.88	0.40	1.63	538	0.46	17.6	<0.05	8.07
S13P6	5.31	141	11.5	0.60	1.28	689	0.58	10.8	<0.05	8.15
S13P7	4.13	86.6	<9.80	0.43	0.82	446	0.28	10.6	<0.05	7.66
S13P8	8.53	266	11.4	0.81	1.47	709	0.76	12.0	0.11	8.15
S14P1	8.42	134	9.95	0.99	0.96	467	0.67	12.0	0.07	8.13
S14P2	6.04	97.4	24.0	0.93	1.01	531	0.91	11.0	<0.05	7.59
S14P3	6.98	158	12.8	0.61	2.27	934	0.48	14.1	0.07	7.81
S67P1	9.71	199	<9.80	0.34	0.80	480	0.62	9.68	<0.05	8.08
S67P2	8.80	125	<9.80	0.31	0.53	369	0.33	8.34	<0.05	8.24
S67P3	6.84	96.6	<9.80	0.58	0.87	460	0.65	11.0	<0.05	8.35
S84P1	8.74	117	<9.80	0.25	0.83	346	0.38	14.0	<0.05	8.36
S84P2	11.2	108	<9.80	0.29	0.41	235	0.27	10.2	<0.05	8.40
S85P1	7.33	94.9	<9.80	0.72	0.95	489	0.81	11.3	<0.05	8.28
S85P2	14.2	692	13.6	0.25	1.01	456	0.65	12.9	<0.05	7.69
S86P1	3.58	<70.0	19.0	0.62	0.93	478	0.42	11.3	<0.05	7.72
S89P1	11.7	122	10.8	0.39	0.67	436	0.56	8.85	<0.05	8.44
S89P2	18	1444	<9.80	0.43	0.86	561	0.78	8.85	0.07	7.60

4.2 Análisis Descriptivo del Clima

Las variables climáticas obtenidas de la Base de Datos de WorldClim se presentan en la Tabla 4, junto con sus respectivas referencias descritas en dicha tabla. Las variables bioclimáticas (BIO1 a BIO19) proporcionan una representación completa de las condiciones climáticas que afectan a los puntos de muestreo dentro de la I.G. de los Chacayes.

Tabla 4 Variables Bioclimáticas (BIO1 - BIO19) para los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes Fuente: Worldclim

Muestra	BIO 1 (°C)	BIO 2 (°C)	BIO 3	BIO 4	BIO 5 (°C)	BIO 6 (°C)	BIO 7 (°C)	BIO 8 (°C)	BIO 9 (°C)	BIO 10 (°C)	BIO 11 (°C)	BIO 12 (mm)	BIO 13 (mm)	BIO 14 (mm)	BIO 15	BIO 16 (mm)	BIO 17 (mm)	BIO 18 (mm)	BIO 19 (mm)
S12P1	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S12P2	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S13P1	13.2	17.0	53	5206	29.4	-2.2	31.6	18.9	9.3	19.8	6.5	329	34	20	18	102	63	95	72
S13P2	13.3	17.0	53	5241	29.5	-2.3	31.8	19.0	9.3	19.8	6.5	329	35	20	19	103	63	96	71
S13P3	13.4	17.0	53	5234	29.7	-2.2	31.9	19.2	9.4	20.0	6.6	329	35	19	20	105	61	98	69
S13P4	13.2	17.0	53	5195	29.4	-2.2	31.6	18.9	9.3	19.7	6.4	329	34	20	18	102	64	95	72
S13P5	13.3	17.0	53	5251	29.5	-2.2	31.7	19.0	9.3	19.9	6.5	328	35	20	19	103	63	96	71
S13P6	13.3	17.0	53	5251	29.5	-2.2	31.7	19.0	9.3	19.9	6.5	328	35	20	19	103	63	96	71
S13P7	13.4	17.0	53	5246	29.7	-2.2	31.9	19.2	9.4	20.0	6.6	324	35	19	20	103	61	96	69
S13P8	13.4	17.0	53	5246	29.7	-2.2	31.9	19.2	9.4	20.0	6.6	324	35	19	20	103	61	96	69
S14P1	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S14P2	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S14P3	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S67P1	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90
S67P2	12.3	16.6	53	5072	28.3	-2.5	30.8	64.0	8.6	18.7	5.7	343	36	22	13	94	80	81	92
S67P3	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90
S84P1	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90
S84P2	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90
S85P1	12.9	16.9	53	5170	29.1	-2.3	31.4	18.6	9.0	19.5	6.2	339	33	21	14	99	70	92	80
S85P2	13.0	17.0	53	5197	29.3	-2.3	31.6	18.8	9.1	19.6	6.3	337	34	21	15	100	68	94	77
S86P1	13.0	16.9	53	5171	29.2	-2.2	31.4	18.7	9.1	19.6	6.3	333	33	21	16	99	68	92	77
S89P1	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90
S89P2	12.4	16.7	54	5075	28.4	-2.5	30.9	64.0	8.6	18.8	5.8	342	35	22	12	92	79	83	90

4.3 Análisis de la diversidad taxonómica

Se realizó un análisis detallado de la proporción de especies fúngicas presentes en las muestras de suelo obtenidas en la I.G. de Los Chacayes con el objetivo de determinar la composición específica de la comunidad microbiana. Para éste análisis, se utilizaron las secuencias obtenidas mediante SNG, curadas y procesadas con el Software OBITOOLS. En total se generaron **17.046.163** secuencias crudas en el proyecto SAELVA. Tras aplicar filtros de calidad, se identificaron **9.924.730** secuencias correspondientes a hongos, de las cuales **8.142.064** fueron atribuidas a los muestreos (excluyendo controles de PCR y extracción) incluyendo la I.G. de Los Chacayes. Para éste estudio, se trabajó con una base de datos correspondiente a 23 parcelas muestreadas durante 2 años consecutivos, lo que representó un total de **715.104** secuencias. Los datos fueron procesados con el Software Microsoft Excel para calcular el porcentaje relativo de cada especie en relación al total de secuencias.

En la Figura 8 se presenta la distribución de los grupos funcionales fúngicos. Del total de **715.104** secuencias analizadas el 46% corresponde a hongos formadores de Micorrizas Arbusculares y el 51% de las secuencias no poseen una asignación funcional conocida en las bases de datos públicas consultadas.

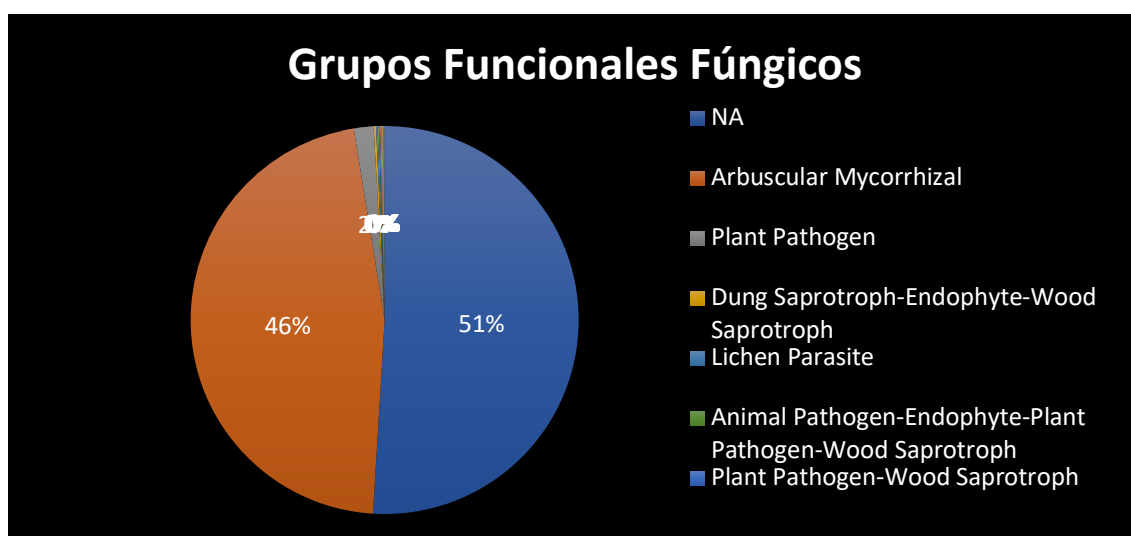


Figura 8 Resumen de la Descripción de los Grupos Funcionales Fúngicos identificados en las muestras de suelo obtenidas en la I.G. de Los Chacayes.

La Tabla 5 presenta los 5 principales taxones fúngicos más abundantes, ordenados de mayor a menor proporción relativa. En conjunto representan el 25.68% del total de las secuencias obtenidas, lo que permite dimensionar su relevancia dentro de la comunidad fúngica del suelo de la I.G. de los Chacayes.

Este análisis nos aporta información sobre la riqueza y dominancia, permitiéndonos también inferir posibles funciones ecológicas relevantes, especialmente aquellas vinculadas a procesos de nutrición vegetal, tolerancia a estrés y sanidad del viñedo.

Tabla 5 Principales Taxones Fúngicos detectados en los suelos de la I.G. de Los Chacayes mediante SNG, su abundancia relativa y funcionalidad ecológica reportada en la literatura.

Orden	Ordenes Encontrados	Porcentaje %	Funcionalidad Microbiana
1	<i>Glomeraceae sp.</i>	5.76%	Familia de hongos micorrízicos arbusculares que colonizan raíces de las plantas, incrementando la tolerancia frente a patógenos y condiciones de sequía (Yang <i>et al.</i> , 2017). Participan activamente en la captación y transferencia de P hacia el hospedero vegetal (Maherali & Klironomos, 2007).
2	<i>Glomus sp.</i>	5.52%	Genero de micorrizas arbusculares asociado a una mayor asimilación de nutrientes, favoreciendo el crecimiento vegetal, el rendimiento y la calidad de la uva (Almaliotis <i>et al.</i> , 2008). También contribuyen a aumentar la tolerancia de la planta frente a enfermedades (Tsvetkov <i>et al.</i> , 2014).
3	<i>Rhizoglomus sp.</i>	4.80%	Taxón vinculado al incremento vegetativo y a la movilización de P, particularmente en interacción con bacterias solubilizadoras de fosfato (Artusson, Finlay, & Jansson, 2006).
4	<i>Macrorhabdus ornithogaster</i>	4.80%	Levadura patógena asociada al tracto digestivo de aves domésticas y silvestres que coloniza el estómago de las mismas (Tomaszewski <i>et al.</i> , 2003) como el perico australiano, canario y loro/cata que causan cuadros severos e incluso la muerte (Phalen, 2005).
5	<i>Dominikia disticha</i>	4.80%	es un hongo micorrízico arbuscular que ha sido reportado en ambientes con altas temperaturas, alta salinidad y baja fertilidad, por primera vez fue reportado en dunas marítimas de Sudáfrica en el año 2015 (Błaszowski <i>et al.</i> , 2014),

Este análisis muestra que las órdenes de hongos micorrízicos, como las *Glomeraceae* dominan la comunidad microbiana del suelo, lo que es consistente con la ecología de suelos agrícolas. La Figura 9 muestra la diversidad de especies encontradas dentro de los muestreos realizados durante el 2020 y 2021 en la I.G. de Los Chacayes:

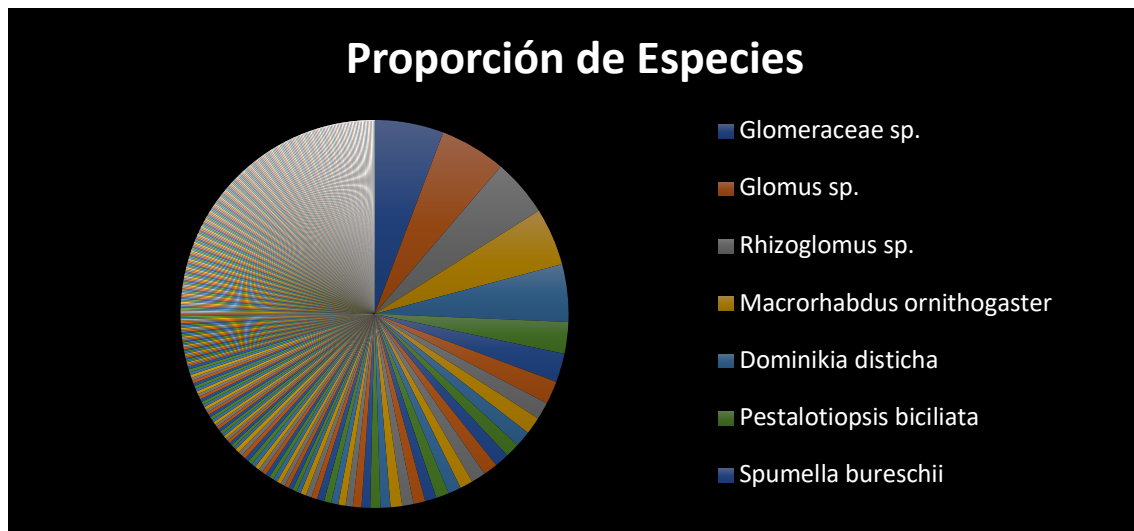


Figura 9: Proporción de Especies Identificadas en las muestras de suelo obtenidas en la I.G. de Los Chacayes

4.4 Acumulación (Diversidad Gama) y Diversidad de Especies (Diversidad Alfa)

El análisis de datos incluyó Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUs) correspondientes a hongos, con base en 46 muestras de suelo analizadas en la I.G. de Los Chacayes. El estudio también evaluó la diversidad alfa a través del número de Hill (Figura 10), donde se observa a la izquierda arriba la curva de acumulación de especies, que muestra la riqueza total de especies se incrementa con cada nuevo sitio de muestreo. La pendiente sugiere que con más sitios, el descubrimiento de nuevas especies se estabiliza. A la derecha superior, izquierda abajo y derecha abajo, las tres curvas correspondientes a $q=0$, $q=1$ y $q=2$.

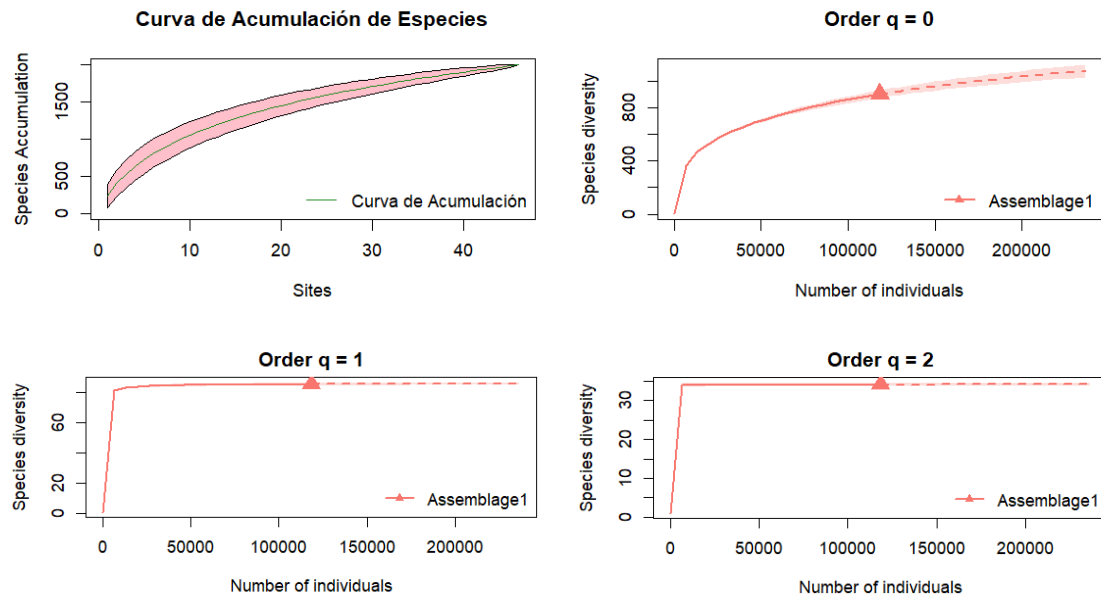


Figura 10 Izquierda Arriba: Curva de Acumulación de Especies de los Sitios Muestreados en la I.G. de Los Chacayes obtenida con la función Speccacum. Derecha Arriba: Curva de diversidad de Especies para $q=0$ obtenida con la función iNext. Izquierda Abajo: Curva de diversidad de Especies para $q=1$ obtenida con la función iNext. Derecha Abajo: Curva de diversidad de Especies para $q=2$ obtenida con la función iNext.

De los 46 muestreos se identificaron **1995** especies diferentes, el estimador de riqueza **Chao** arrojó un valor de **2788.622**, lo que sugiere la presencia de especies no detectadas en la comunidad. El estimador **Jackknife 1** (Jack 1) arrojó un valor de **2679.783**, proporcionando una segunda proyección robusta de la riqueza total de especies.

4.5 Análisis de la Varianza (Kruskal-Wallis) de las Prácticas Agrícolas y su Relación con la Diversidad Alpha y Beta

El análisis de varianza Kruskal-Wallis permitió evaluar la influencia de las prácticas agrícolas (orgánico, convencional y biodinámico) sobre la riqueza y diversidad de especies de hongos en la I.G. de Los Chacayes para los años 2021 y 2022. Los resultados obtenidos del análisis Kruskal-Wallis para evaluar la riqueza con relación en las prácticas agrícolas arrojaron un $p\text{-value} = 0.2073$ el cual indica que no existen diferencias significativas entre la riqueza de especies con respecto a los tipos de manejo, tal como se muestra en la Figura 11.

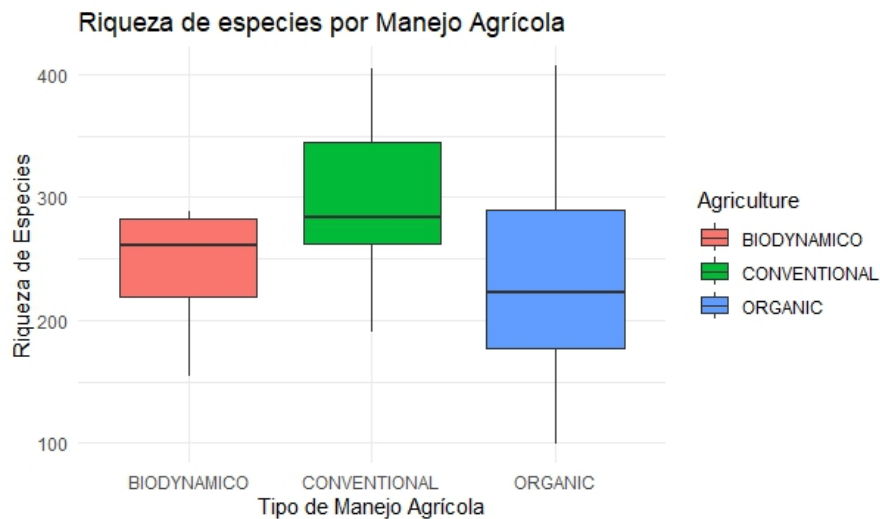


Figura 11 Influencia del Tipo de Manejo Agrícola en la Riqueza de Especies

También se llevó a cabo el análisis Kruskal-Wallis para evaluar la riqueza de especies con respecto al Año, arrojó un p-value= 0.03688 el cual indica que existen diferencias significativas entre la riqueza de especies con respecto al Año. Tal como se muestra en la Figura 12:

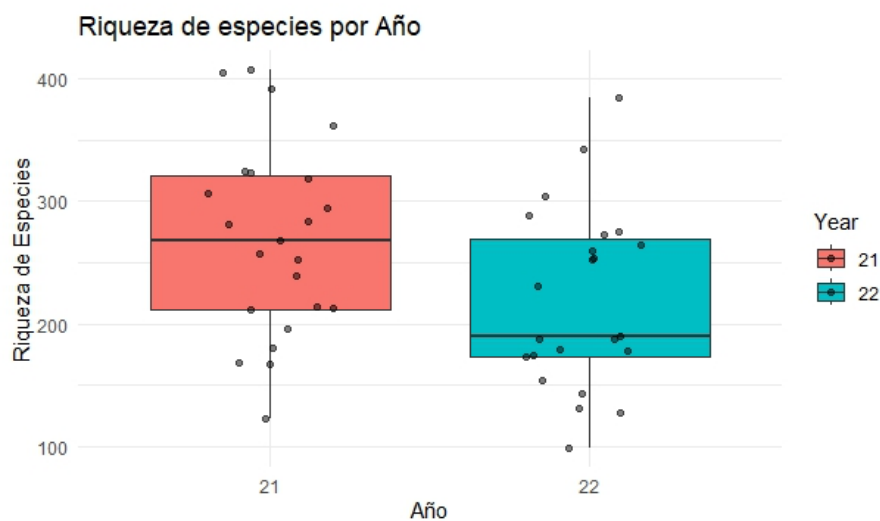


Figura 12 Influencia del Año en la Riqueza de Especies.

El Índice de Shannon para evaluar la diversidad con respecto al Tipo de Manejo Agrícola mostró un promedio de 3.5 y un p-valor=0.9138 (Figura 13). Los resultados mostraron que el Tipo de Manejo Agrícola no tuvo impacto significativo en la diversidad de especies de hongos en las fincas por su Tipo de Manejo Agrícola.

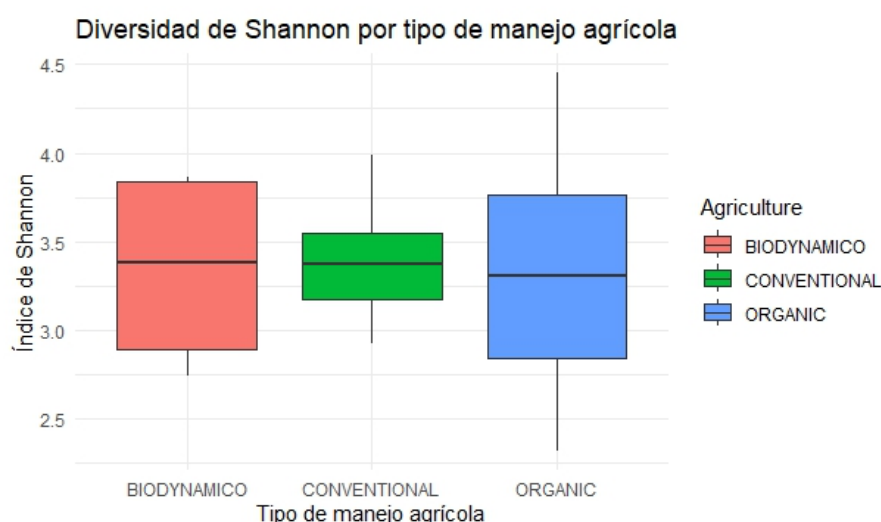


Figura 13 Influencia del Tipo de Manejo Agrícola sobre la Diversidad de Especies

Por otro lado, el Índice de Shannon para evaluar la diversidad con respecto Año arrojó un p-valor=0.034. Tal como se muestra en la Figura 14 los resultados mostraron que el Año si tuvo impacto significativo en la diversidad de especies de hongos en las fincas con manejo orgánico, convencional y biodinámico.

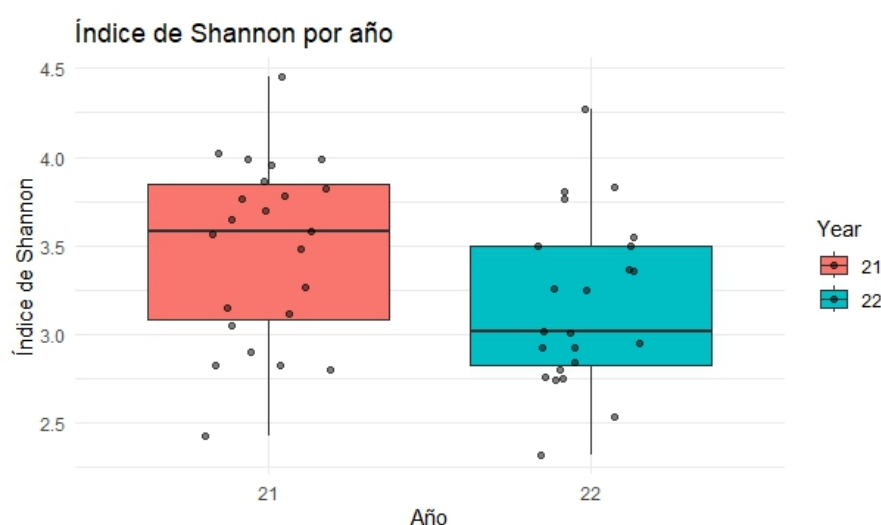


Figura 14 Influencia del Año en la Diversidad de Especies

La Tabla 6 presenta los resultados del Análisis Kruskal-Wallis aplicado a la riqueza y a la diversidad de especies, los cuales indican que no se observan diferencias significativas entre los tipos de manejo en cuanto a la riqueza de especies (p-value= 0.2073). Sin embargo, el año si mostró una diferencia significativa (p-value= 0.03688) lo que sugiere que las variaciones interanuales podrían tener un impacto más relevante en la riqueza de especies que el tipo de manejo en sí. Para el Índice de Shannon, el Tipo

de Manejo no tuvo un impacto significativo ($p\text{-value} = 0.9138$), a diferencia del Año que presentó un $p\text{-value} = 0.034$, lo cual indica que los cambios interanuales influyen en la Diversidad de Especies.

Tabla 6 Resultados del test Kruskal-Wallis aplicado sobre los residuos de una regresión lineal para ambos indicadores de diversidad, considerando como variable respuesta la Riqueza y Diversidad de Especies según el tipo de manejo agrícola y año de muestreos (2021 y 2022)

Análisis Kruskal Wallis Riqueza de Especies					
Tipo de Manejo Agrícola	0.18039	df	2	p-value	0.2073
Año	4.4945	df	1	p-value	0.03688
Análisis Kruskal Wallis Diversidad de Especies (Índice de Shannon)					
Tipo de Manejo Agrícola	4.3561	df	2	p-value	0.9138
Año	4.4945	df	1	p-value	0.034

4.6 Impacto del clima y Suelo en la Diversidad Beta

Se realizó un PCA para identificar como las variables climáticas y edáficas influyen en la diversidad Beta. El análisis permitió reducir la dimensionalidad de los datos, describiendo la mayor cantidad de variabilidad posible con un número reducido de componentes. La **Dimensión 1** explica el 64.1% de la variación total de los datos, mientras que la **Dimensión 2** contribuye con el 13.1% de la variación. La **Dimensión 1** está fuertemente asociada a factores climáticos como las variables de temperatura y la precipitación, lo que sugiere que las diferencias en el clima son los principales impulsores de la variabilidad observada en la diversidad beta entre las parcelas. Por otro lado, la **Dimensión 2** se encuentra vinculada a propiedad del suelo, como el contenido de arcilla, limo, P. Disponible y Magnesio intercambiable (Mg^{2+}). Este análisis refuerza la importancia de considerar tanto el clima como el suelo al evaluar las diferencias en la diversidad beta entre los diferentes tipos de manejo agrícola en la I.G. de Los Chacayes. Para la evaluación de las relaciones con la diversidad fúngica separamos las PCA por clima y suelo tal como se muestra en la Figura 15, donde se observa como factores como la elevación y temperatura son factores determinantes en la variabilidad de la Diversidad β con respecto a los diferentes Manejos Agrícolas en la I.G. de los Chacayes.

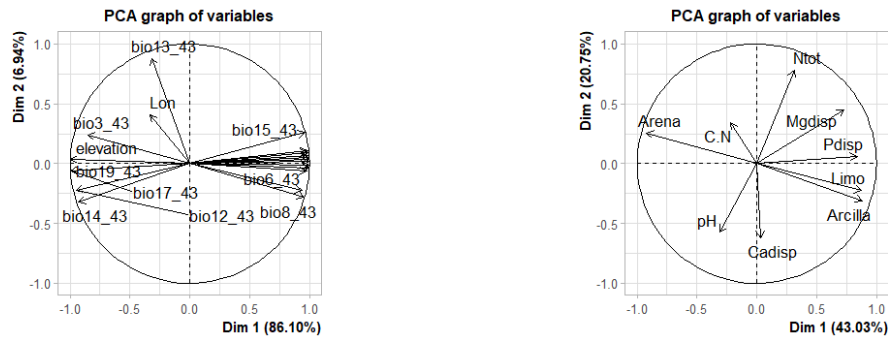


Figura 15 Izquierda: PCA para Factores Climáticos Derecha: PCA para Factores del Suelo en los puntos de muestreo durante el 2020 y 2021

La Figura 16 muestra la contribución de cada factor en el análisis mediante los valores de la **Cos 2**. Este indicador expresa la calidad de representación de cada variable en los Componentes Principales. Valores de **Cos2** próximos a 1 señalan que la variable aporta significativamente a la construcción de esos componentes y se encuentran bien representadas en el plano factorial.

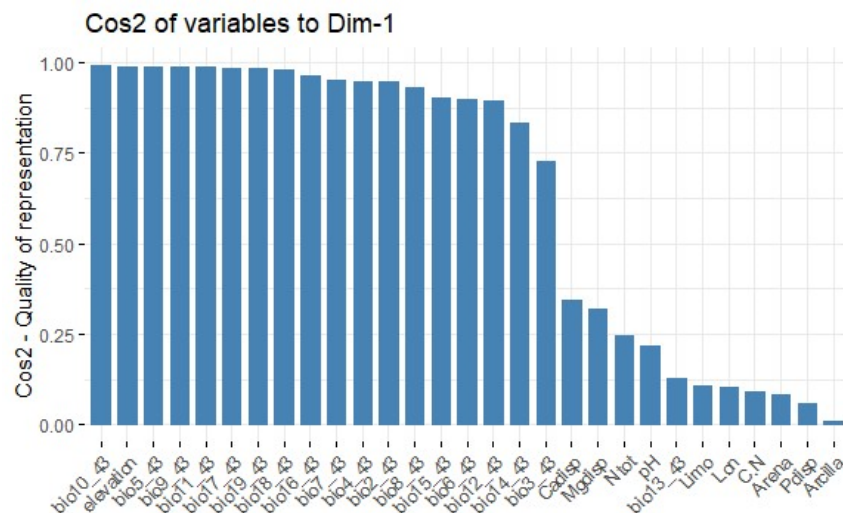


Figura 16 Cos 2 Resultados para la Dim-1 del PCA de clima con la variable que contribuye mayormente en los Ejes (0.75 – 1.0).

4.7 Impacto de las Prácticas sobre la Beta diversidad

Para evaluar el impacto de las diferentes prácticas agrícolas en la Diversidad β , se realizó el Análisis de la Varianza Multivariado Permutacional (PERMANOVA) lo que permitió determinar si existen diferencias significativas en las comunidades biológicas entre los tipos de manejo agrícola, utilizando permutaciones para calcular la significancia estadística. Los resultados del análisis se presentan en la Tabla 7:

Tabla 7 PERMANOVA resultados del Análisis de la Varianza entre grupos de Agricultura en la I.G de Los Chacayes para los muestreos del 2021 y 2022 Diversidad Beta

	Df	Sum Sq	Mean Sq	Valor F	Pr(>F)
Grupos	2	0.050497	0.0252487	16.423	5.02E-06***
Residuales	43	0.066107	0.0015374		

El análisis de la **Diversidad Beta** en los diferentes sistemas agrícolas de la I.G. de Los Chacayes para los años 2021 y 2022 arrojó diferencias significativas entre las comunidades, sugiriendo que la composición de especies de hongos varía de entre los diferentes tipos de manejo agrícola, tal como se muestra en la Figura 17.

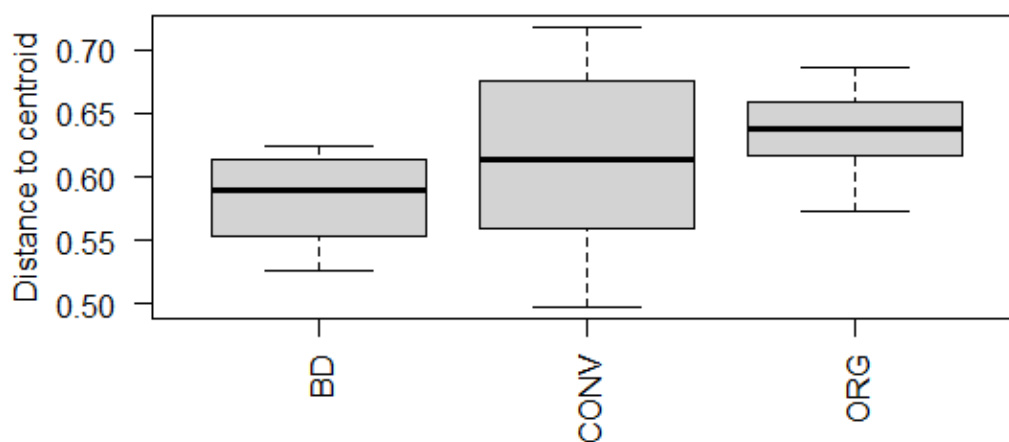


Figura 17 Cajas y Bigotes (PERMANOVA) por tipo de agricultura para los muestreos realizados durante el 2021 y 2022 y su influencia en la Diversidad β

Los resultados del PERMANOVA mostraron un **Valor de F=16.423** con una significancia estadística **Pr(<F)= 5.02E-06**, lo que indica una diferencia significativa en la **Diversidad Beta** entre los tres sistemas de manejo agrícola evaluados. Éste resultado sugiere que existen diferencias significativas entre los sistemas de manejo.

Es importante destacar que, a pesar de la Diversidad Biológica α (riqueza de especies e índice de Shannon) no mostró diferencias significativas entre los sistemas, la Diversidad β sí lo hizo. De los sistemas evaluados, el manejo orgánico mostró mayor diferenciación en la composición de especies en comparación con los manejos biodinámico y convencional. Esta heterogeneidad en las parcelas manejadas orgánicamente podría estar relacionada con las variaciones en las prácticas de manejo y las condiciones edáficas particulares de cada finca.

El análisis de ordenación mediante escalado multidimensional no métrico (NMDS) mostró una estructuración de la comunidad microbiana en función de los sistemas agrícolas (orgánico, biodinámico y convencional), y su relación con las variables ambientales durante el año 2021, sin embargo, en el análisis del año 2022 se logró observar que estas diferencias son generadas por el P disponible en el suelo y el año, lo cual puede ser interpretado en las prácticas aplicadas en la finca de una temporada a otra.

La Figura 18 muestra los datos del año 2021 (izquierda), y los datos combinados de 2021 y 2022 (derecha). En ambas gráficas se observa una separación notable en la composición de las comunidades microbianas entre los tipos de agricultura, destacando que los factores ambientales juegan un rol clave en dicha diferenciación.

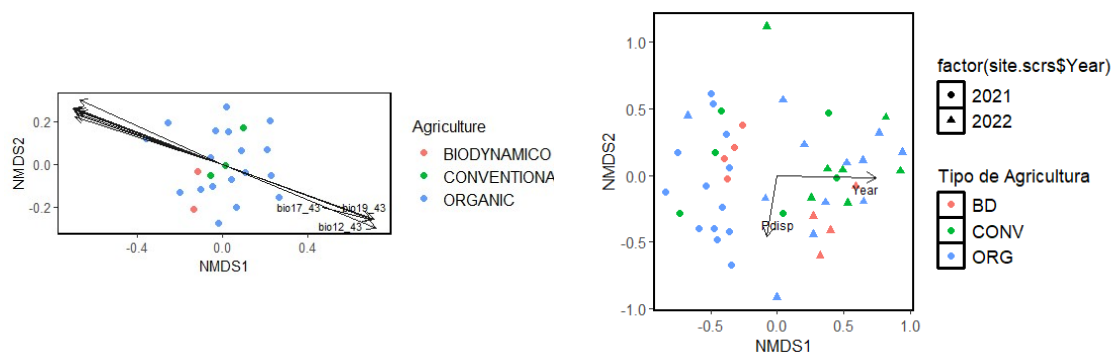


Figura 18 Izquierda: Estructuración de la comunidad microbiana y su relación con los factores ambientales analizados durante el 2021 **Derecha:** Estructuración de la comunidad microbiana y su relación con los factores p disp y año, analizados durante los muestreos del 2021 y 2022

La Tabla 8 muestra la influencia del P disp. en la estructura de la comunidad de especies, con un Valor de p de 0.003 y del Año con un Valor de p de 0.001, lo cual es estadísticamente significativo a un nivel del 5%, esto indica que existe un efecto significativo entre la estructura de las comunidades microbianas con respecto al Año y el P disponible en los distintos tipos de manejo agrícola en la I.G. de Los Chacayes.

Tabla 8 Influencia del Pdisp en la composición de la comunidad de especies en los muestreos obtenidos en la I.G. de los Chacayes para el Año y el p disp.

	NMDS1	NMDS2	Factor	pval
Año	0.74431725	-0.1455615	Año	0.001
Pdisp	-0.07718711	-0.4177499	Pdisp	0.003

5. Discusión

5.1 Una diversidad fúngica poco conocida presente en los suelos de los viñedos

El primer objetivo de este proyecto fue caracterizar la diversidad fúngica de los suelos de la I.G de Los Chacayes mediante el metabarcoding de la región ITS. Este estudio permitió obtener una visión integral de la composición de las comunidades a escala de parcela y del conjunto de la I.G.

El análisis reveló la presencia de 1995 OTUs a partir de 46 muestreos, los cuales corresponden al 40% de total de OTUs tomada de 115 muestras analizadas en la Provincia de Mendoza (Caors & Roy , 2023) y corresponde al 70% de la diversidad esperada con un muestreo más completo.

Una proporción importante de las secuencias correspondió a hongos endomicorrícicos (46%), mientras que más de la mitad de los taxones detectados (51%) no pudieron asociarse a una función ecológica precisa en las bases de datos públicas disponibles. Esta limitación refleja la baja resolución taxonómica que aún caracteriza a numerosos estudios basados en SNG, donde una parte considerable de la diversidad permanece insuficientemente descrita. Además la falta de conocimiento sobre una parte importante de las especies fungicas es importante en Sudamerica donde la historia biogeográfica de los hongos es única y distinta de otras zonas biogeográficas (Tedersoo *et al.*, 2014). Las OTUS dominantes, definidas a un 97% de similitud, fueron identificadas a niveles taxonómicos superiores, como familia (*Glomaraceae*) o del género (*Glomus*, *Rhizoglomus*), lo que refuerza la necesidad de interpretar los resultados desde una perspectiva funcional más estrictamente específica. En ese sentido, el uso de indicadores a escala de comunidad permite superar parcialmente las limitaciones actuales del conocimiento taxonómico.

5.2 Una diversidad gamma alta y dominada por hongos endomicorrizicos

Comparando con otros estudios hechos en Argentina, confirmamos una alta diversidad de OTUS fúngicas a pesar de ser una zona desértica con suelos pobres y climas extremos. Los estudios realizados en los viñedos de Argentina también detectaron entre 1000 y 3000 OTUs de hongos en 15 hasta 35 parcelas (Paolinelli *et al.*, 2022) sin embargo, existía una amplia diversidad en la composición taxonómica de las comunidades con base en los filos más dominantes y factores ambientales. En particular, los *Glomeromycetos* (hongos endomicorrizicos) estaban siempre presentes pero en menor proporción. (Aguilar Oyuela *et al.*, 2020). El estudio de Paolinelli *et al.* (2022) identificó alrededor de 2820 OTUs fúngicos. Dentro de los hongos que se lograron identificar destacan; *Ascomycota*, *Basidiomycota* en ambos suelos. En Santa

Rosa; *Zygomycota* y por otro lado, en Gualtallary se encontraron *Chytridiomycota* y *Glomeromycota*. El estudio determinó que la presencia de especies fúngicas en los suelos de Santa Rosa estaban dominadas por saprófitos, mientras que en Gualtallary existían mayor diversidad de roles ecológicos, enfatizando en la presencia de hongos con capacidad de formar líquenes. Éstas diferencias mayores en terminos funcionales pueden reflejar diferencias en la metodología, tiempo o de locación. Los estudios de *terroir* microbiológicos ya mostraron la alta variabilidad geográfica de las comunidades fúngicas (Gobbi *et al.*, 2022) y ahora surge la necesidad de compararlos a una escala local.

Por lo tanto, afuera de Argentina, se mencionó igualmente la abundancia de hongos endomicorrízicos, ilustrando la mayor representación de las *Gromaraceae*. Por ejemplo, ésta familia representó el 88.94% de las secuencias obtenidas a partir del suelo en un viñedo de Mallorca, España (López García *et al.*, 2020). La abundancia de ésta familia tiene un papel funcional importante en zonas desérticas como la provincia de Mendoza. Los miembros de esta familia de hongos endomicorrízicos han sido identificados como microorganismos que colonizan las raíces de las plantas y confieren resistencia contra patógenos y sequía (Yang *et al.*, 2017), además pueden asimilar P y disponerlo para la planta en menor medida comparado con otras AMF (Maherali & Klironomos, 2007). Bajo condiciones de sequía *Glomeraceae* colonizan rápidamente las raíces de la plantas, activando genes responsables de la tolerancia a la sequía como aquaporinas, prolina y ácido abscísico (Ruiz Lozano *et al.*, 2006). Otra OTU dominante en la I.G. de Los Chacayes fue la *Dominikia disticha*. Esta especie es un hongo micorrízico arbuscular que ha sido reportado en ambientes con altas temperaturas, alta salinidad y baja fertilidad, por primera vez fue reportado en dunas marítimas de Sudáfrica en el año 2015 (Blaszkowski *et al.*, 2014) en el oasis del Sahara tunesino en 2020, en el Cáucaso septentrional en 2021 y en cultivos de cacao en Ecuador en el 2020 (Pacheco Flores de Valgaz *et al.*, 2020). No se cuenta con mucha información de esta especie de hongo micorrízico en Argentina, pero podemos intuir que a la planta hospedera le confiere resistencia contra sequías y suelos salinos, además de que podrían mejorar la absorción de agua en suelos arenosos. Los resultados de metabarcoding invitan a evaluar las consecuencias funcionales de esta alta abundancia de hongos endomicorrízicos, en particular en plantas de vid.

5.3 El impacto de las prácticas orgánicas sobre la Diversidad Beta, mas que la Alpha

En esta investigación evaluamos diferentes manejos dentro de una misma I.G. para evaluar el impacto de la viticultura orgánica en comparación con los otros tipos de manejo a una escala local. Contrario a nuestra segunda hipótesis no observamos diferencias significativas de diversidad alpha entre los distintos manejos y reconocemos el desequilibrio presente para estudiar este factor en la I.G. de Los Chacayes, donde actualmente varias bodegas llevan a cabo el manejo orgánico. El mismo resultado se observó los dos años y además se observó un efecto más importante del año que del manejo. Por lo tanto, otros estudios a gran escala no detectaron un impacto mayor en la biodiversidad alpha en relación a las prácticas orgánicas (Ortiz-Alvarez *et al.*, 2021) mostrando también el impacto de prácticas más finas como el trabajo del interfilas o la vegetación.

Las fincas con manejo orgánico se logra apreciar una mayor heterogeneidad (diversidad beta) dentro de las comunidades fúngicas secuenciadas, lo que puede contribuir de manera positiva a la diversidad beta y gamma y destacando la importancia de las prácticas orgánicas a una escala regional. Éste efecto no se observó en las parcelas biodinámicas, pero reconocemos el muestreo limitado de este tipo de manejo. Al contrario, en España se observó una diversidad beta mayor en viñedos biodinámicos (Ortiz-Alvarez *et al.*, 2021). De manera general, el cambio de diversidad beta asociado con el manejo orgánico confirma la tendencia observada en otros viñedos. A una escala local y global (Ortiz-Alvarez *et al.*, 2021)

5.4 Suelo y clima estructuran las comunidades y la diversidad beta

Siguiendo nuestra tercera hipótesis, observamos que las variaciones interanuales en la diversidad β y la composición de las comunidades fúngicas estuvieron influenciadas tanto por la química del suelo como por las variaciones climáticas. En particular, se evidenció un impacto del contenido de P Disp. Del suelo sobre la diversidad β y la composición de las comunidades entre los dos ciclos de estudio. El P en los suelos afecta la simbiosis entre las micorrizas y planta, así como su biomasa. Estudios recientes han mostrado como la disponibilidad de P reduce significativamente la diversidad y abundancia de las comunidades AMF en los suelos (Umbrin *et al.*, 2024). Uno de los roles más importantes de las micorrizas (AMF) es justamente su capacidad de asistir a las plantas simbióticamente en la absorción de agua y nutrientes, particularmente P del suelo, en general las plantas tienen más beneficios de la simbiosis micorrizica en situación de N y P bajo (Hoeksema *et al.*, 2010). Además está ampliamente estudiado que la presencia de P soluble en los suelos es determinante

para que especies como *Rhizoglyphus irregularis* y micorrizobacterias generan biofilms sobre superficies bióticas y abióticas, algunos reportes mencionan como se lleva a cabo la movilización del P por los AMF en presencia de bacterias solubilizadoras de fósforo (BSP) (Artursson *et al.*, 2006) destacando la importancia de éstas interacciones en la optimización del ciclo de nutrientes. En ese sentido podemos sugerir abrir el esquema de estudio hacia otros reinos como las bacterias y las plantas para interpretar la dinámica del P en los suelos de la I.G. y su impacto sobre la biodiversidad del suelo. Además, en suelos arenosos donde el P es limitante, identificar las fuentes de P sería un dato importante para futuros estudios. En los suelos de Gualtallary y Santa Rosa en Mendoza, Argentina Paolinelli *et al.* (2022) mostraron la importancia de otros parámetros fisicoquímicos como la relación C/N, y el contenido de N, P, K y MO explicaba de mejor manera las diferencias microbianas solo en los suelos de Santa Rosa. Éstas diferencias muestran la importancia del contexto local en la interpretación de los resultados.

5.5 La escala de la I.G. de Los Chacayes, un terroir para hongos

A la escala de la I.G. de Los Chacayes los resultados evidencian que el suelo vitícola alberga comunidades fúngicas altamente diversas y dinámicas, cuya estructura responde tanto a factores ambientales como a las prácticas de manejo. La marcada presencia de hongos endomicorrízicos, junto con la influencia detectada del fósforo disponible y de las variaciones climáticas interanuales, sugiere que estos microorganismos cumplen un rol central en el funcionamiento ecológico del sistema. Ésta variación temporal coincide con los resultados de investigaciones previas en Argentina (Aguilar Oyuela *et al.*, 2020). La variabilidad observada interanual coincide con estudios realizados en otras regiones vitivinícolas, donde factores climáticos pueden superar el efecto directo del manejo agrícola. Éste patrón resalta la necesidad de considerar escalas temporales más amplias para comprender la estabilidad y resiliencia de las comunidades microbianas del suelo. Muestreando dos años también, se mostró una alta variabilidad en las comunidades fúngicas en cuanto a su abundancia y variabilidad de especies, así como la importancia de factores estocásticos (Larsen, y otros, 2022). Estudiando las variaciones interanuales mostraron también un impacto mayor de la temperatura en viñedos de España, más fuerte que el efecto del manejo. Al contrario Corneo *et al.* (2013) no detectaron un efecto de la temporalidad en viñedos de Italia.

Por otra parte, la ausencia de intervenciones mecánicas intensivas, asociada a las características pedregosas de los suelos y a decisiones productivas locales, podría contribuir al mantenimiento de la biodiversidad. En este contexto, la I.G. de Los Chacayes se perfila como un sistema donde la conservación del suelo y la actividad vitivinícola coexisten, ofreciendo una oportunidad para valorizar el componente

microbiano como parte del terroir, esto de acuerdo con las encuestas realizadas en el marco del proyecto SAELVA en 2021 y mejorada en 2024 durante este estudio <https://docs.google.com/forms/d/1mcXGk4569R49LBOEkiGbW2OV2LNf37z1tAEVLzZrVF4/edit>.

6 Conclusión

De acuerdo con los objetivos generales planteados, el presente estudio permitió caracterizar la microbiota fúngica de los suelos de viñedos de la I.G. de Los Chacayes mediante metabarcoding de la región ITS, evidenciando una elevada diversidad taxonómica y funcional de especies de hongos, con una marcada predominancia de hongos endomicorrízicos, lo que resalta su papel en el funcionamiento ecológico del sistema.

La abundancia de micorrizas y otros hongos asociados a servicios ecosistémicos constituye un recurso biológico clave para la viticultura regional, al contribuir en los ciclos de nutrientes, la absorción de agua, el crecimiento vegetal y la tolerancia frente a condiciones de estrés. En este sentido se confirmó la influencia de disponibilidad de fósforo en el suelo como variable clave en la organización de las comunidades fúngicas, reforzando la importancia de las interacciones entre nutrición vegetal, simbiosis micorrízica y condiciones ambientales.

En relación con el manejo agrícola, las parcelas bajo prácticas orgánicas no mostraron valores superiores de diversidad alfa; sin embargo, si presentaron una mayor heterogeneidad en la composición de las comunidades fúngicas en comparación con otros tipos de manejo, reflejada en la diversidad beta. Éste patrón sugiere que dichas prácticas podrían favorecer la variabilidad espacial de los microorganismos a escala regional.

El análisis interanual evidenció que el clima desempeña un rol determinante en la estructuración de las comunidades fúngicas. Las diferencias observadas entre los dos años de estudio, particularmente en diversidad alfa y beta, estuvieron asociadas principalmente a variaciones de temperatura y precipitación, lo que resalta la naturaleza dinámica del microbioma del suelo en ambientes vitivinícolas de altura.

En conjunto estos hallazgos posicionan a la I.G. de Los Chacayes como un sistema donde la biodiversidad microbiana forma parte integral del terroir, aportando información relevante para la toma de decisiones orientadas a una producción más sustentable y a la conservación de los suelos.

7 Perspectivas

Resulta necesario ampliar la escala espacial hacia otras indicaciones geográficas del valle de Uco y profundizar el monitoreo temporal, a fin de determinar la estabilidad de los patrones observados y evitar interpretaciones basadas en periodos limitados.

Asimismo, la integración de otros componentes biológicos, como bacterias, plantas autóctonas, permitirá además comprender de manera más integral la dinámica de los nutrientes y los procesos ecológicos que sostienen la productividad del viñedo.

8 Referencias

- Cadena Zamudio, J., Martínez Peña, M., Guzmán Rodríguez, L., & Arteaga Garibay, R. (2016). APLICACIÓN DE SECUENCIACIÓN MASIVA PARA EL ESTUDIO Y EXPLORACIÓN DE DIVERSIDAD MICROBIANA Y SU APROVECHAMIENTO BIOTECNOLÓGICO. *AGRO PRODUCTIVIDAD*, 14.
- Campillo, R., Urquiaga, S., Pino, I., & Montenegro, A. (2003). ESTIMACIÓN DE LA FIJACIÓN BIOLÓGICA DE NITRÓGENO EN LEGUMINOSAS FORRAJERAS MEDIANTE LA METODOLOGÍA DEL 15N1. *Agricultura Técnica*, 11.
- Candiago, S., Tscholl, S., Bassani, L., Fraga, H., & Egarter Vigl, L. (2022). A Geospatial inventory o regulatory information for wine protected designations of origin in Europe. *Science & Wine*.
- Caors , M., & Roy , M. (2023). *Soil indicators and their responses to climate in vineyards of Argentina*. Mendoza, Argentina: Franco-Argentine Institute for Climate Study and its Impacts.
- Larsen, E., Albanese , D., Stegen, J., Franceschi, P., Coller, E., Zanzotti, R., . . . Donati, C. (2022). *Distinct and Temporally Stable Assembly Mechanisms Shape Bacterial and Fungal Communities in Vineyard Soils*. San Michele all'Adige, Italy: Enviromental Microbiology.
- Lazcano, C., Decock, C., & Wilson, S. G. (2020). Defining and managing for healthy vineyard soils intersection, with the concept of terroir. *Frontiers in Enviromental Science*, 1-17.
- Leho Tedersoo, *. M. (2014). Global diversity and geography of soil fungi. *Research*, 11.
- Cheng, X., & Baumgartner, K. (2005). Overlap of grapevine and cover-crop roots enhances interactions among grapevines, cover crops, and arbuscular mycorrhizal fungi. *Symposium Proceedings and Related Papers. San Diego, CA: American Society of Enology and Viticulture*, 171-174.
- Coll, P., Le Cadre, E., & Blanchart, E. (2011). Organic viticulture and soil quality: A long-term study in Southern France. *Elsevier*, 8.
- Coleman , D., & Crossley Jr., D. (2004). *Fundamentals of Soil Ecology*. Amsterdam: Elsevier.
- Cofre, N. M., Soteras, F., Iglesias, M., Vel, Velazquez , S., Abarca, C., . . . Lugo, M. A. (2019). *Biodiversity of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in South America: A Review*. Córdoba, Argentina: Springer Nature.
- Comisión Europea. (19 de abril de 2021). *European Comission*. Obtenido de https://agriculture.ec.europa.eu/farming/organic-farming/organic-action-plan_en?prefLang=es
- Lorand, A. C. (1996). *Biodynamic Agriculture-A paradigmatic Analysis (Thesis)*. Pennsylvania, United States: Pennsylvania State University.
- Corneo, P. E., Pellegrini, A., Cappellin, L., Roncador, M., Chierici, M., Gessler, C., & Pertot, I. (2013). *Microbial community structure in vineyard soils across altitudinal gradients and in different seasons*. Torento, Italy: FEMS Microbiology Ecology.
- Corona, G. (2020). *Informe Bodega Piedra Negra*. Los Chacayes, Mendoza.

- Costa, M. J., Egipto, R., Aguilar, F. C., Marques, P., Nogales, A., & Medeira, M. (2023). The rol of soil temperature in mediterranean vineyards in a climate change context. *Frontiers in Plant Science*, 1-18.
- Crowder, D., Northfield, T., Strand, M., & Snyder, W. (2010). Organic agriculture promotes evenness and natural pest control. . *Nature*, 109-112.
- López García, A., Jurado-Rivera, J. A., Bota, J., Cifre, J., & Baraza , E. (2020). Space and Vine Cultivar Interact to Determine the Arbuscular Mycorrhizal Fungal Community Composition. *Journal of Fungi*, 1-18.
- López Reyes, L., Carcaño Montiel, M., Tapia Hernández, A., Jiménez Salgado , T., & Mauricio Gutierrez A. (2015). Saberes y Ciencias. 48.
- Alexopoulos, C. (1952). *Introductory Mycology*. New Delhi: Wiley Eastern Private Limited.
- Almaliotis, D., Karagiannidis, N., Chatzissavvidis, C., Sotiropoulos, T., & Bladenopoulou, S. (2008). Mycorrhizal colonizationof table grapevines (cv. 'Victoria') and its relationship with certain soil parameters and plant nutrition. *Agrochimica*, 129-136.
- Almendo Trigueros, J. (2012). ÍNDICES CLIMÁTICOS PROPIOS DE LA VID EN EL SECTOR CENTRAL DE TIERRA DE BARROS. *Asociación Histórica de Almendralejo*, 12.
- Alvarez de la Paz, F., Reyes Jordán , L., & Gomez Gonzalez, A. (2005). *Manual Básico de Viticultura en Tacoronte* . Tacoronte : AIVITIA.
- Aguilar Oyuela, M., Gobbi, A., Browne , P., Jensen, L., HAnsen, L., Semorile, L., & Pistorio, M. (2020). Influence of vintage, geographic location and cultivar on the structure of microbial communities associated with the grapevine rhizosphere in vineyards of San Juan Province, Argentina. *Plos One*, 19.
- Aguilera Gómez, L., Olalde Portugal, V., Arriaga, R., & Contreras Alonso, R. (2007). Micorrizas Arbusculares. *Redalyc*, 6.
- Ansorge, W. (2009). Next-generation DNA sequencin techniques. *New Biotechnology*, 195-203.
- Artursson , V., Finlay , R., & Jansson , J. (2006). Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and bacteria and their potential for stimulating plant growth. *Enviromental Microbiology*, 1-10.
- Artusson, V., Finlay, R., & Jansson, J. (2006). Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and bacteria and their potential for simulating plant growth. *Environ Microbiology*, 10.
- Awasthi, A., Singh, M., K Soni, S., Singh, R., & Kalra, A. (2014). Biodiversity acts as insurance of productivity of bacterial communities under abiotic perturbations. *The ISME Journal*, 2445-2452.
- Blaszowski , J., Chwat, G., Góralaska, A., Ryszka, P., & Kovács , G. (2014). Two New Genera, Dominikia and Kamienskia, and D. Disticha sp. nov. in Glomeromycota. *Nova Hedwigia Pre Pub Article*, 1-14.
- Bai, E., Li, S., Wenhua, X., Li, W., Dai, W., & Jiang, P. (2013). A meta-analysis of experimental warming effects on terrestrialnitrogen pools and dynamics. *New Phytologist*, 441-451.

- Baraja Rodríguez , E., & Herrero Luque, D. (2010). Energías renovables y paisaje en Castilla y León: estudio de caso. 21-42.
- Bastide , I., Vinet, M., & Vinet, B. (2022). *Agroforestería en Viticultura, un paso hacia la resiliencia*. Francia: DELINET.
- Belletti, G., Brazzini , A., & Marescotti, A. (2014). The effects of the legal protection Geographical indications: PDO/PGIs in Tuscany. *11th European IFSA Symposium, Farming Systems Facing Global Challenges: Capacities and Strategies, Proceedings. International Farming Systems Association (IFSA)*, 22.
- Bivand, R. (2022). R Paackages for Analyzing Spatial Data: A Comparative Case Study with Areal Data. *Geographical Analysis*, 488-518.
- Bonada, M., Jeffrey, D., Petrie, P., Moran, M., & Sadras, V. (2015). Impact of Elevated Temperature and Water deficit on the chemical and sensory profiles of Barossa Shiraz grapes and wines. *Australian Journal Of Grape and Wine Research*, 240-253.
- Bond Lamberty, B., Bailey, V., & Chen, M. (2018). Globally rising soil heterotrophic respiration over recent decades. *Nature*, 80-83.
- Boyer, F., Mercier, C., Bonin, A., Le Bras, Y., Taberlet , P., & Coissac, E. (2016). obitools: a unix-inspired software package for DNA metabarcoding. *Molecular Ecology Resources*, 176-182.
- Bustamante , M., Paredes, C., Marhuenda-Egea, F., Pérez-Espinosa , A., Bernal , M., & Moral, R. (2008). Co-composting of distillery wastes with animal manures: Carbon and nitrogen transformations in the evaluation of compost stability. *ELSEVIER*, 551-557.
- Döring, J., Collins, C., Frisch, M., & Kauer, M. (2019). Organic and Biodynamic viticulture affect biodiversity and properties of vine and wine: a systematic quantitative review. *American Society for Enology and Viticulture*, 221-242.
- de Fátima Alves, L., Antunes Westmann , C., Lencioni Lovate, G., Viana de Siqueira, G., Cabral Borelli, T., & Guazzaroni, M. (2018). Metagenomic Approaches for Understanding New Concepts in Microbial Science. *International Journal of Genomics*, 1-15.
- Deng, J., Sang, H., Hwang, Y., & Lim, B. (2013). Postharvest fruit rot caused by *Pestalotiopsis* sp. on grape in Korea. *ResearchGate*, 1-5.
- Diver, S. (1999). *BIODYNAMIC FARMING & COMPOST PREPARATION*. USA: Appropriate Technology Transfer for Rural.
- Donald, J., Muriene , J., Chave, J., Iribar, A., Louisanna, E., Manzi, S., . . . Zinger , L. (2021). Multi-Taxa environmental DNA inventories reveal distinct taxonomic and functional diversity in urban tropical forest fragments. *ELSEVIER*, 1-13.
- Dorado Pérez, G. (2006). Amplificación de DNA mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa). *Campus Universitario de Rabanales*, 18.
- Drummond, A., Newcomb , R., Buckley, T., Xie, D., Dopheide , A., Potter , B., . . . Nelson, N. (2015). Evaluating a Multigene environmental DNA approach for biodiversity assessment. *GIGAn Science*, 2-19.
- FAO. (2023). *Uso de micorrizas y sus beneficios*. Caracas: MINEC.

- Ferrari, F. N., Bonada, M., Montoya, M. A., Martinez, L. E., & Uliarte, E. M. (2013). Efectos de los Preparados biodinámicos en la elaboración de compost a partir de estiércol animal y desechos agroindustriales. 25-27.
- Gao, M., Li, B., Liang, F., Yang, L., & Sun Y. (2010). The effect of aeration rate on forced-aeration composting of chicken manure and sawdust. *Bioresource Technology*. 1899-1903.
- García-Casarejos, N., Gargallo, P., & Carroquino, J. (2021). Spanish Winery Interes in Energy efficiency Based on Renewables. *Springer Nature*, 381-390w.
- Ghazanfar, S., Azim, A., Suleri, M., Anjum, A., & Begum, I. (2011). Metagenomics and its application in soil microbial community studies: biotechnological prospects. *CABI Digital Library*, 11.
- Gillespie, D., Brady, S., Bettermann, A., Cianciotto, N., Liles, M., Rondon, M., . . . Handelsman, J. (2002). Isolation of Antibiotics Turbomycin A and B from a Metagenomic Library of Soil Microbial DNA. *American Society of Microbiology Applied and Enviromental Microbiology*, 68.
- Gianinazzi, S., Gollotte, A., & Binet, M. (2010). Agroecology: the key role of arbuscular mycorrhizas in ecosystem services. *Mycorrhiza*, 519-530.
- Giffard, B., Winter, S., Guidoni, S., Nicolai, A., Castaldini, M., Cluzeau, D., . . . Griesser, M. (2022). Vineyard Management and Its Impacts on Soil Biodiversity, Functions, and Ecosystem Services. *Frontiers in Ecology and Evolution*.
- Gobbi, A., Acedo, A., Imam, N., Santini, R., Ortiz-Álvarez, R., Ellegaard-Jensen, L., . . . Hansen, L. (2022). A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs. *Communications Biology*, 34.
- Gobbi, A., Acedo, A., Inam, N., Ortiz-Alvarez, R., Ellegaard-Jensen, L., Belda, I., . . . Hansen, L. (2022). A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs. *Communications biology*, 5:241.
- Guazzaroni, M., Belouqui, A., Golyshin, P., & Ferrer, M. (2009). Metagenomics as a New Technological Tool to gain Scientific Knowledge. *World J Microbial Biotechnology*, 945-954.
- Handelsman, J. (2004). Metagenomics application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiological Molecular Biology Review*, 669-685.
- Head, S., Komori, H., La Mere, S., Whisenant, T., Van Nieuwerburgh, F., Salomon, D., & Ordoukhanian, P. (2018). Library construction for next-generation sequencing: Overviews and Challenges. *BioTechniques Taylor and Francis*, 14.
- Hebert, P., Ratnasingham, S., & de Waard, J. (2003). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *The Royal Society Publishing*, 96-99.
- Hill, M. (1973). Diversity and Evenness: A Unifying Notation and Its Consequences. *ResearchGate*, 8.

- Hoeksema, J. D., Chaudhary, V. B., Gehring, C. A., Johnson Collins, N., Karst, J., Koide, R. T., . . . Umbanhowar, J. (2010). *A meta-analysis of context-dependency in plant response to inoculation with mycorrhizal fungi*. Mississippi, USA: Researchgate.
- Honorable Congreso de la Nación Argentina. (18 de 05 de 2009). *Argentina.gob.ar Normativa, Decreto Reglamentario 556/2009*. Obtenido de <https://www.argentina.gob.ar/normativa/nacional/decreto-556-2009-153460/texto>
- Hu, T., Chitnis, N., Monos, D., & Dinh, A. (2020). Next-generation sequencing technologies: An overview. *Elsevier*, 801-811.
- Instituto Nacional de Vitivinicultura. (2022). *Informe Anual de Cosecha y Elaboración 2022*. Mendoza: Estadísticas Instituto Nacional de Vitivinicultura.
- Instituto Nacional de Vitivinicultura. (2022). *Informe Especial Productos Orgánicos Vitivinícolas*. Mendoza: Laboratorio Estadístico Instituto Nacional de Vitivinicultura.
- Ishii, S., & Sadowsky, M. (2009). Applications of the rep-PCR DNA fingerprinting technique to study microbial diversity, ecology and evolution. *Environmental Microbiology*, 8.
- Izquierdo Altajeros, P. (2015). Comparación de estrategias metagenómicas en muestras ambientales de biofilms. *CSISP*, 45.
- Jayawardena, R., Zhang, W., Liu, M., Maharachchikumbura, S., Zhou, Y., Huang, J., . . . Hyde, K. (2014). Identification and characterization of Pestalotiopsis-like fungi related to grapevine diseases in China. *Elsevier*, 1-14.
- Jimenez, A., Gabriel, J., & Tapia, M. (2017). *Ecología Forestal*. Guayaquil: Compas.
- Johnson, N., & Jansa, J. (2017). Chapter 1-Mycorrhizas: At the interface Of Biological, Soil, and Earth Sciences. *Elsevier*, 1-6.
- Kazakou, E., Gimenez, O., Fried, G., & Metay, A. (2016). A plant trait-based response-and-effect framework to assess vineyard interrow row soil management. *Researchgate*, 18.
- Kovacic, G., Lesnik, M., & Vrsic, S. (2013). An Overview of Copper Situation And Usage in Viticulture. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 50-59.
- Magurran, A. (2021). Measuring Biological Diversity. *Current Biology*, 4.
- Maherali, H., & Klironomos, J. N. (2007). Influence of Phylogeny on Fungal Community Assembly and Ecosystem Functioning. *Science*, 1746-1748.
- Mardis, E. (2008). Next-generation DNA sequencing methods. *Annual Review Genomics and Human Genetics*, 387-402.
- Martella, M., Trumper, E., Bellis, L., Renison, D., Giordano, P., Bazzano, G., & Gleiser, R. (2012). *Manual de Ecología: Evaluación de Diversidad*. Córdoba, Argentina: Reduca.
- Meissner, G., Athmann, M., Fritz, J., & Kauer, R. (2019). Conversion to organic and biodynamic viticultural practices. *OenoOne*, 21.
- Mercier, C. (2013). *SUMATRA and SUMACLUSt: fast and exact comparison and clustering of sequences*. Citeseer: Programs and Abstracts of the SeqBio 2013 Workshop.

- Metzker, M. (2010). Sequencing technologies-the next generation. *Natural Reviews Genetics*, 31-46.
- Nam, B., Jung Lee, H., & Young-Joon, C. (2023). Organic Farming Allows Balanced Fungal And Oomycetes Communities. *MDPI*, 1-14.
- Nanopore, T. O. (5 de 7 de 2023). *Oxford Nanopore Techonolgies*. Obtenido de <https://nanoporetech.com/platform/technology/basecalling>
- Nazir, A. (2016). Review on Metagenomics and its applications. *Imperial Journal of Interdisciplinary Research*, 277-286.
- Ochoa-Hueso, R. (2018). *Quantitative assessment of the microbiome associated with vineyards worldwide*. Cádiz, España: The Grapevine microbiome survey.
- OIV. (2012). *Principles of Organic Viticulture Resolution OIV-ECO 460-2012*. Obtenido de <https://www.oiv.int/node/3306>
- Oksanen, J., Simpson, G., Blanchet, G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin Peter, . . . Antoniazzi Evangelista, H. (2015). *Package "Vegan"*. R Manual.
- Organización Internacional de la Viña y el Vino. (2021). *Análisis Anual del Sector Vitivinícola Mundial*.
- Organización Mundial de la Salud. (2007). *Codex Alimentarius Alimentos Producidos Orgánicamente*. Roma: Subdivisión de Políticas y Apoyo en Materia de Publicación Electrónica, División de Comunicación FAO.
- Ortega, G. (2009). *Agroecología vs. Agricultura Convencional*. Asunción: Base de Investigaciones Sociales.
- Ortiz-Alvarez, R., Ortega-Arranz, H., Ontiveros, V. J., De Celis, M., Ravarani, C., Acedo, A., & Belda, I. (2021). *Network Properties of Local Fungal Communities Reveal the Anthropogenic Disturbance Consequences of Farming Practices in Vineyard Soils*. California, USA: American Society for Microbiology.
- PacBio. (30 de septiembre de 2015). *PacBio*. Obtenido de <https://www.pacb.com/blog/introducing-the-sequel-system-the-scalable-platform-for-smrt-sequencing/>
- PacBio. (2015). *PacBio*. Obtenido de <https://www.pacb.com/technology/hifi-sequencing/how-it-works/>
- Pacheco Flores de Valgaz, A., Naranjo-Morán, J., Reyes Román, G., Oviedo-Anchundia, J., Ratti Torres, M., & Barcos-Arias, M. (2020). Discovering the Diversity of Arbuscular Mycorrhizal Fungi Associated with two Cultivation Practices of Theobroma cacao. *Diversity*, 1-19.
- Padilla García, C. Y., Camacho Sánchez, F. Y., & Reyes Lopez, M. A. (2021). Metabarcoding de DNA ambiental: un enfoque para el seguimiento de la biodiversidad. *Ciencia UAT*.
- Paolinelli, M., Martínez, L., García-Lampasona, S., Díaz Quirós, C., Belmonte, M., Ahumada, G., . . . Mercado, L. (2022). Microbiome Soils in Mendoza: microbial resources for the development of agroecological management in viticulture. *Oeno One*, 15.

- Pellegrini, A., & Petrot, I. (2013). Survival of *Trichoderma atroviride* on grapevine pruning wounds and leaves. *Future IPM in Europe (book of abstracts)*, 174.
- Phalen, D. (2005). Diagnosis and management of *Macrorhabdus ornithogaster*. *Vet Clin North Am Exot Anim Pra*, 299-306.
- Pino Torres, C. (2013). *Manual de Viticultura Orgánica*. Curicó, Región del Maule, Chile: TRAMA IMPRESIONES S.A.
- Pinto, C., Pinho, D., Sousa, S., Pinheiro, M., Egas, & Gomes, A. (2014). Unravelling the Diversity of Grapevine Microbiome. *PLOS One*.
- Podolinsky, A. (1999). *Biodynamik-Landwirtschaft der Zukunft*. Arlesheim, Germany: Frumenta Verlag.
- Portela Fernandez, J. (2010). Las transformaciones del paisaje del viñedo en la Denominación de Origen de Cigales. *Actas del XV Coloquio de Geografía Rural: Territorio, paisaje y Patrimonio Rural*, 120-131.
- Pritchard, G. (2011). Soil Organisms and Global Climate Change. *BSPP Plant Pathology*, 82-99.
- Probst, B., Schüler, C., & Joergensen, R. (2007). *Vineyard soils under organic and conventional management—microbial biomass and activity indices and their relation to soil chemical properties*. Witzhausen, Germany: Researchgate.
- Pulleman, M., Creamer, R., Hamer, U., Helder, J., Pelosi, C., Pérès, G., & Rutgers, M. (2012). Soil biodiversity, biological indicators and soil ecosystem service- an overview of European approaches. *ELSEVIER*, 529-538.
- Purushothaman, S., Meola, M., & Egli, A. (2022). Combination of Whole Genome Sequencing and Metagenomics. *International Journal of Molecular Science*, 17.
- Rádic, T., Hancevic, K., Likar, M., Protega, I., Jug-Dujakovic, M., & Bogdanovic, I. (s.f.). *Neighbouring weeds influence the formation of arbuscular mycorrhiza in grapevine*. Split, Croacia: Springer.
- Ramírez Pérez, P., & Lasheras Ocaña, J. (2015). *Guía de Cubiertas Vegetales en Vid*. Sevilla: Junta de Andalucía. Consejería de Agricultura, Pesca y Desarrollo Rural Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera.
- Real Academia Española. (2023). *Real Academia Española*. Obtenido de <https://dle.rae.es/viticultura>
- Read, D. (1999). *Mycorrhiza - The State of the Art*. Berlin: Springer.
- Rivas, G., Semorile, L., & Delfederico, L. (2022). Microbial diversity of the soil, rhizosphere and wine from an emerging wine-producing region of Argentina. *Elsevier*, 9.
- Robino, P., Ferrocino, I., Rossi, G., Dogliero, A., Alessandria, V., Grosso, L., . . . Nebbia, P. (2019). Changes in gut bacterial communities in canaries infected by *Macrorhabdus ornithogaster*. *Taylor & Francis*, 10.
- Roy, M. (13 de 12 de 2021). Modo operativo de extracción de ADN extracelular de suelo con Kit Macherey Nagel. Mendoza, Mendoza, Argentina: EDB.

- Ruiz Lozano, J., Porcel, R., & Aroca, R. (2006). Does the enhanced tolerance of arbuscular mycorrhizal plants to water deficit involve modulation of drought-induced plant genes? *New Phytologist*, 693-698.
- Ruiz Herrera, J. (2001). El asombroso reino de los hongos. *Avance y Perspectiva vol. 20*, 7.
- Schindlbacher, A., Rodler, A., Kuffner, M., Kitzler, B., Sessitsch, A., & Zechmeister-Boltenstern, S. (2011). Experimental warming effects on the microbial community of a temperate mountain forest soil. *Soil Biology and Chemistry Elsevier*, 1417-1425.
- Schmid, F., Moser, G., Müller, H., & Berg, G. (2011). Functional and Structural Microbial Diversity in Organic and Conventional Viticulture: Organic Farming Benefits Natural Biocontrol Agents. *American Society of Microbiology*, 2188-2191.
- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., & Schindel, D. (2012). Nuclear Ribosomal Internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi. *PNAS*, 6214-6246.
- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 5463-5467.
- Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable. (2017). *Guía para una Producción Sustentable Sector Vitivinícola*. Buenos Aires: Presidencia de la Nación.
- Seneviratne, S., Corti, T., Davin, E., Hirschi, M., Jaeger, E., Lehner, I., . . . Teuling, A. (2010). Investigating soil moisture–climate interactions in a changing climate: A review. *Elsevier*, 125-161.
- Sergeeva, V., Priest, M., & Nair, N. (2005). Species of *Pestalotiopsis* and related genera occurring on grapevines in Australia. *ResearchGate*, 255-258.
- Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Alimentaria. (29 de octubre de 1991). *RESOLUCIÓN-423-1992-SENASA - SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA*. Obtenido de <https://www.senasa.gob.ar/normativas/resolucion-423-1992-senasa-servicio-nacional-de-sanidad-y-calidad-agroalimentaria>
- Simmard, S., Perry, D., Jones, M., Mylord, D., Durall, D., & Molina, R. (1997). Net transfer of carbon between ectomycorrhizal tree species in the field. *Nature*, 388:579-582.
- Smith, S., & Read, D. (2008). *Mycorrhizal Symbiosis*. London: Academic Press.
- Smith, S., Robson, A., & Abbott, L. (1992). The involvement of mycorrhizas in assessment of genetically dependent efficiency of nutrient uptake and use. *Springer Link*, 169-179.
- Stevens, R., & Willing, M. (2002). GEOGRAPHICAL ECOLOGY AT THE COMMUNITY LEVEL: PERSPECTIVES ON THE DIVERSITY OF NEW WORLD BATS. *Ecological Society of America*, 16.
- Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, E., Brochmann, C., & Willerslev, E. (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 162-171.
- Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L., & Coissac, E. (2018). *Environmental DNA*. Oxford, United Kingdom: Oxford University Press.

- Taktek, S., St-Arnaud, M., Piché, Y., Fortin, J., & Antoun, H. (2017). Igneous phosphate rock solubilization by biofilm-forming mycorrhizobacteria and hyphobacteria associated with *Rhizoglyphus irregularis* DAOM 197198. *Springer*, 10.
- Tamaki, H., Wrigth, C., Li, X., Lin, Q., Hwang, C., Wang, S., . . . Liu, W. (2011). Analysis of 16S rRNA amplicon sequencing options on the Analysis of 16S rRNA amplicon options on the Roche/454 next generation Titanium sequencing platform. *PLoS One* 6.
- Taylor, M., Tsai, P., Anfang, N., Ross, H., & Goddard, M. (2014). Pyrosequencing reveals regional differences in fruit-associated fungal communities. *Society Applied for Microbiology*, 2646-2858.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Zinger, L., Nilsson, H., Kennedy, P., Yang, T., . . . Mikryukov, V. (2022). Best practices in metabarcoding of fungi: From experimental design to Results. *Microbial ecology Wiley*, 2769-2795.
- Tomaszewski, E., Logan, K., Snowden, K., Kurtzman, C., & Phalen, D. (2003). Phylogenetic analysis identifies the 'megabacterium' of birds as a novel anamorphic ascomycetous yeast *Macrorhabdus ornithogaster* gen. nov., sp. nov. *J Syst Evol Microbiol*, 1201-1205.
- Trouvelot, S., Bonneau, L., Redecker, D., Van Tuinen, D., Adrian, M., & Wipf Daniel. (2015). Arbuscular mycorrhiza symbiosis in viticulture: a review. *Crossmark*, 20.
- Trouvelot, S., Bonneau, L., Redecker, D., Van Tuinen, D., & Adrian, M. (2015). Arbuscular mycorrhiza symbiosis in viticulture: a review. *Agronomy for Sustainable Development*, 1449-1467.
- Truong, C., Mujic, A., Healy, R., Kuhar, F., Furci, G., Torres, D., . . . Sweeney, R. (2017). How to know the fungi: combining field inventories and DNA-barcoding to document fungal diversity. *New Phytologist*, 7.
- Tsvetkov, I., Dzambazova, T., Kondakova, V., & Batchvarova, R. (2014). Mycorrhizal fungi *Glomus* spp. and *Trichoderma* spp. in viticulture. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 849-855.
- Uliarte, E. M., Martinez, L. E., Soloa, R., & Morichetti, S. (2015). A large-scale composting experimentation using grape marcs and lees residues from Mendoza wine Alcohol Industry. 1-5.
- Umbrin, I., J. du Toit, L., Hajibabaei, M., & McDonald, M. (2024). Influence of Plant Species Mycorrhizal inoculant, and soil phosphorus level on arbuscular mycorrhizal communities in onion and carrot roots. *Frontiers, Frontiers in Plant Science*, 14.
- Urbez Torres, J., Adams, P., Kamas, J., & Douglas Gubler, W. (2009). Identification, Incidence, and Pathogenicity of Fungal Species Associated with Grapevine Dieback in Texas. *American Journal of Enology and Viticulture*, 497-507.
- Vázquez Sánchez, X. (2016). *Análisis bioinformático de la secuencia de un plásmido de resistencia-virulencia de Salmonella enterica obtenida por técnicas de primera, segunda y tercera generación*. Oviedo: Máster en Biotecnología Alimentaria.
- Vacacela Quizhpe, V. (2022). *Tipos de Micorrizas*. Caracas, Venezuela: Universidad de Pinar del Río "Hnos Saiz Montes de Oca".

- Valderrama Miguel, J., Ortigosa, F., & Cañas, R. (2020). Métodos de Secuenciación de Ácidos Nucleicos. *Encuentros en la Biología*, 7.
- Vanga, B. R., Panda, P., Shah, A. S., Thompson, S., Woolley, R. H., Ridgway, H. J., . . . Bulman, S. (2022). DNA metabarcoding reveals high relative abundance of trunk disease fungi in grapevines from Marlborough, New Zealand. *BMC Microbiology*, 1-11.
- Viers, H., Williams, J., Nicholas, K., Barbosa, O., Kotze, I., Spence, L., . . . Reynolds, M. (2013). Vinecology: pairing wine with nature. *Wiley Periodicals Inc.*, 287-299.
- Whittaker, R. (1972). Evolution and Measurement of Species Diversity. *Taxon*, 39.
- Wold, B., & Myers, R. (2008). Sequence census methods for functional genomics. *Nature Methods*, 5.
- WorldClim. (26 de febrero de 2023). *Worldclim*. Obtenido de <https://www.worldclim.org/data/bioclim.html>
- Xu, J. (2016). Fungal DNA barcoding. *NRC Research Press*, 913-932.
- Yang, H., Zhang, Q., Koide, R. T., Hoeksema, J. D., Tang, J., Bian, X., . . . Chen, X. (2017). Taxonomic Resolution is a determinant of biodiversity effects in arbuscular mycorrhizal fungal community. *Journal of Ecology*, 219-228.
- Zaller, J. G., Cantelmo, C., Dos Santos, G., Muther, S., Gruber, E., Pallua, P., . . . Faber, F. (2018). *Herbicides in vineyards reduce grapevine root mycorrhization and alter soil microorganisms and the nutrient composition in grapevine roots, leaves, xylem sap and grape juice*. Vienna, Austria: Environmental Science and Pollution Research.
- Zarraonaindia, I., Owens, S., Weisenhorn, P., West, K., Marcell, J., Lax, S., . . . Gilbert, J. (2015). The Soil Microbiome Influences Grapevine-Associated Microbiota. *Cross Mark*, 10.
- Zinger, L., Taberlet, P., Schimann, H., Bonin, A., Boyer, F., De Barba, M., . . . Chave, J. (2019). Body size determines soil community assembly in a tropical forest. *Molecular Ecology*, 528-543.

9 Tabla de Figuras y Tablas

Figura 1 Relación simbiótica entre los hongos y las raíces de la vid y su aprovechamiento de nutrientes y agua del suelo. Fuente: https://biologicalslatam.com/el-potencial-de-las-micorrizas-para-ayudar-a-los-vinedos-a-enfrentar-el-cambio-climatico/	8
Figura 2 El Valle de Uco con los departamentos que la conforman y sus unidades geomorfológicas, rasgos edáficos y geológicos (2021) Fuente: Lic. Guillermo Corona.	11
Figura 3 izquierda: Mapa Satelital del área de estudio I.G. de Los Chacayes (2020)Fuente: Guillermo Corona derecha perfil de suelo típico de la I.G. de Los Chacayes con alta presencia de piedra y arena (2020): Fuente: Colección propia	12
Figura 4 I.G. de Los Chacayes con Escala Winkler (2018) Fuente: Guillermo Corona	13
Figura 5: Izquierda: Esquema de Muestreo para Proyecto SAELVA para la obtención de muestras de suelo en los viñedos de la I.G. de Los Chacayes. Derecha: Geolocalización GPS de los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes	18
Figura 6: Muestreo en IG de Los Chacayes (Izquierda: Herramienta de Muestreo Centro: Equipo muestreando suelo en viñedo. Derecha: Paisaje de la I.G. de Los Chacayes.) (2020) Fuente: Colección Propia.	18
Figura 7: Composición del suelo de los puntos de muestreo de la Indicación Geográfica de Los Chacayes.....	22
Figura 8 Resumen de la Descripción de los Grupos Funcinales Fúngicos identificados en las muestras de suelo obtenidas en la I.G. de Los Chacayes.....	26
Figura 9: Proporción de Especies Identificadas en las muestras de suelo obtenidas en la I.G. de Los Chacayes	28
Figura 10 Izquierda Arriba: Curva de Acumulación de Especies de los Sitios Muestreados en la I.G. de Los Chacayes obtenida con la función Speccacum. Derecha Arriba: Curva de diversidad de Especies para $q=0$ obtenida con la función iNext. Izquierda Abajo: Curva de diversidad de Especies para $q=1$ obtenida con la función iNext. Derecha Abajo: Curva de diversidad de Especies para $q=2$ obtenida con la función iNext.....	29
Figura 11 Influencia del Tipo de Manejo Agrícola en la Riqueza de Especies.....	30
Figura 12 Influencia del Año en la Riqueza de Especies.	30
Figura 13 Influencia del Tipo de Manejo Agrícola sobre la Diversidad de Especies....	31
Figura 14 Influencia del Año en la Diversidad de Especies	31
Figura 15 Izquierda: PCA para Factores Climáticos Derecha: PCA para Factores del Suelo en los puntos de muestreo durante el 2020 y 2021	33
Figura 16 Cos 2 Resultados para la Dim-1 del PCA de clima con la variable que contribuye mayormente en los Ejes (0.75 – 1.0).	33

Figura 17 Cajas y Bigotes (PERMANOVA) por tipo de agricultura para los muestreos realizados durante el 2021 y 2022 y su influencia en la Diversidad β	34
Figura 18 Izquierda: Estructuración de la comunidad microbiana y su relación con los factores ambientales analizados durante el 2021 Derecha: Estructuración de la comunidad microbiana y su relación con los factores p disp y año, analizados durante los muestreos del 2021 y 2022.....	35
Tabla 1 Resumen de los Puntos de Muestreos en la I.G. de Los Chacayes derivado del Proyecto SAELVA llevado a cabo por Melanie Roy.	15
Tabla 2 Variables Bioclimáticas Fuente: Base de Datos Worldclim 2023	17
Tabla 3 Variables fisicoquímicas del Suelo para los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes obtenidas durante los muestreos del 2021	23
Tabla 4 Variables Bioclimáticas (BIO1 - BIO19) para los puntos de muestreo en la I.G. de Los Chacayes Fuente: Worldclim	25
Tabla 5 Listado de los 10 Principales Ordenes encontradas en el Análisis de SNG de las muestras de suelo en la I.G. de Los Chacayes,	27
Tabla 6 Resultados del test Kruskal-Wallis aplicado sobre los residuos de una regresión lineal para ambos indicadores de diversidad, considerando como variable respuesta la Riqueza y diversidad de Especies según el tipo de manejo agrícola y año de muestreos (2021 y 2022)	32
Tabla 7 PERMANOVA resultados del Análisis de la Varianza entre grupos de Agricultura en la I.G de Los Chacayes para los muestreos del 2021 y 2022 Diversidad Beta.....	34
Tabla 8 Influencia del Pdisp en la composición de la comunidad de especies en los muestreos obtenidos en la I.G. de los Chacayes para el Año y el p disp.	36

10. Agradecimientos

A Thibault Lepoutre y Quentin Pommier por el apoyo y la oportunidad de desarrollar un proyecto de esta naturaleza en Bodega Piedra Negra, por su acompañamiento y enseñanzas.

A mis directoras de Tesis Melanie Roy y Maria Laura Sánchez, por sus invaluable enseñanzas, paciencia y guías durante este proyecto, sin ustedes no se hubiera logrado.

A Francois Lurton por su interés y motivación en hacer crecer la I.G. de Los Chacayes no solo como una región de vinos de excelencia sino también como meca para estudios científicos que impactan de manera positiva el ambiente y diferentes áreas de las ciencias.

A mi hermano y hermanas Agus, Conti, Regi y Beluria, por ser mi familia todos estos años, gracias por estar ahí cuando la cosa se puso ruda, por la motivación para ser una mejor persona y un mejor amigo, por no dejarme caer y estar ahí siempre.

A mis compañeros y amigos de Bodega Piedra Negra, por su apoyo y motivación durante este proceso, por hacer mi estadía más amena y por enseñarme a que el lugar de trabajo también es hogar. GRACIAS TOTALES Javi, Damián, Pacheco, Rubén, Luis y Gallego (el team bodega), los chicos de la Guarida, Adrián, Gastón y Hernán, José Pinto y Fernando Flores, Franklin, Patri, Martín, Vanoli y Ayma.

A mis amigos de La Consulta, Gordo Pe, Fede Testa, Rodrigo Lodi, Ema Tejada, Andrew, Niky Gil, Negro Espinoza, Elian Fernández y Agus Laudecina por llenarme el corazón con guitarreadas, asado y noches que ojalá nunca hubieran terminado.

A la familia Yllarreta Zotelo, por abrirme las puertas de su hogar y recibirme siempre como a un miembro más de su familia, por los almuerzos calientes, el apoyo y el cariño de una familia necesarias para finalizar esta carrera y ser una mejor persona.

A la familia Portabella, a Adri, Pablo, Luli, Juan, Nico, por ser los primeros en abrirme las puertas de su hogar y recibirme como a uno más. Por hacer mi estadía en Mendoza más divertida y amena, por motivarme a crecer y descubrir nuevas cosas y siempre ponerle buena cara a las adversidades.

A Freddy Mestre quien me dio la oportunidad en conocer esta bella profesión, en confiar en mí aún cuando era nula la experiencia con la que contaba, en darme la oportunidad de desarrollarme y crecer, en abrir mi mirada hacia nuevas experiencias y otras perspectivas, en motivarme a ser un mejor enólogo, en sembrar en mí la curiosidad del vino y su mundo. En ser un buen amigo.

A mis familia, Yael, Ian, Gordito, mamá y papá, por ser siempre el motor de mi vida, por animarme y tener las palabras justas para los momentos más complicados, por el amor, el aguante y el apoyo de estar siempre ahí a pesar de la distancia. Son mi vida.

A mis amigos, Poncho, Arturo y Danz, por estar siempre a mi regreso por estos 20 siempre años de amistad y hermandad.

A mi, por ser fiel a mis ideales, por levantarme siempre a dar lo mejor de mi, a automotivarme siempre, a no dejar de soñar con un futuro mejor, a llenarme de paciencia y de sabiduría cuando fue necesario, por ser puro corazón <3