

Análisis geográfico y ambiental del estudio de la diversidad microbiana del suelo en la Argentina

MARTÍN N. RIBERO[✉] & JULIETA FILLOY

Laboratorio de Ecología de Comunidades y Macroecología, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires – IEGEBA. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

RESUMEN

1. Los microorganismos del suelo (bacterias, hongos y protistas) constituyen la mayor biomasa y diversidad del ecosistema edáfico. En las últimas décadas, la producción científica sobre ecología microbiana del suelo aumentó. Identificar los vacíos de información en el conocimiento generado hasta la fecha permitirá enriquecer futuras investigaciones.
2. En este trabajo se realizó una búsqueda bibliográfica para recopilar estudios sobre comunidades microbianas en suelos de la Argentina. Se analizó estadísticamente la cobertura geográfica y ambiental, y las diferencias entre taxones.
3. Encontramos 133 trabajos con 347 puntos de muestreo distribuidos a lo largo del país. Al evaluar la cantidad de puntos de estudio por ecorregión, 14 de un total de 16 ecorregiones resultaron representadas en la bibliografía. Sin embargo, algunas, como la Pampa o los Bosques Patagónicos, estuvieron sobrerrepresentadas con relación a su área.
4. Al evaluar las diferencias entre taxones, los hongos presentaron cerca del doble de puntos de muestreo que las bacterias; pero fue la misma la diversidad de ambientes estudiados en términos climáticos y edáficos. Solo encontramos 2 trabajos enfocados en protistas.
5. Al analizar el grado de disturbio antrópico de los ambientes muestreados y los principales usos de los suelos estudiados, encontramos que la mayoría de los puntos se concentran en regiones productivas muy disturbadas y, sobre todo, agrícolas.
6. Implicancias. En este trabajo se identifican vacíos, geográficos y ambientales, en el estudio de los principales taxones microbianos, los cuales representan futuros objetivos de estudio relevantes para extender el conocimiento sobre la diversidad microbiana del suelo en Argentina. Además, se presenta una base de datos públicamente accesible que podría ser usada en futuros trabajos de revisión y síntesis científica.

[Palabras clave: agricultura, biogeografía, ecorregiones, hongos, bacterias]

ABSTRACT. Geographical and environmental analysis of soil microbial diversity studies in Argentina.

1. Soil microorganisms (bacteria, fungi, and protists) constitute the largest biomass and diversity in edaphic ecosystems. In recent decades, scientific production on soil microbial ecology has increased. Identifying gaps in the knowledge generated to date will enrich future research.
2. In this study, a literature search was conducted to compile studies on microbial communities in Argentine soils, statistically analyzing geographical and environmental coverage, as well as differences between taxa.
3. We found 133 studies comprising 347 sampling points distributed throughout the country. When evaluating the number of study points per ecoregion, 14 of a total of 16 ecoregions were represented in the literature; however, some —such as the Pampas or the Patagonian Forests— were overrepresented in relation to their area.
4. When evaluating the differences between taxa, fungi had approximately twice as many sampling points as bacteria. However, the diversity of environments studied in terms of climate and soil was the same. We only found two studies focused on protists.
5. When analyzing the degree of anthropogenic disturbance in the sampled environments and the main land uses studied, we found that most of the points are concentrated in productive, highly disturbed regions that are mainly focused on agriculture.
6. Implications. This study identifies geographical and environmental gaps in the study of the main microbial taxa, which represent future research objectives relevant to expanding knowledge about soil microbial diversity in Argentina. In addition, it presents a publicly accessible database that could be used in future studies of scientific review and synthesis.

[Keywords: agriculture, biogeography, ecoregions, fungi, bacteria]

INTRODUCCIÓN

La ecología de comunidades y ecosistemas, y la microbiología han encontrado un marco común en la ecología microbiana del suelo, abriendo así un vasto campo de estudio para el desarrollo de teoría ecológica (Balser et al. 2006; Prosser et al. 2007). En las últimas décadas, los estudios combinando estas disciplinas desarrollaron un marco teórico en el que se explican los mecanismos y se describe la diversidad de 'la caja negra' (Tiedje et al. 1999) que fue el suelo durante mucho tiempo (Fierer et al. 2012; Martiny and Walters 2018; Thakur et al. 2019). El estudio del microbioma del suelo y su ecología han crecido en relevancia en los últimos años, lo que se tradujo en un número creciente de publicaciones en la comunidad científica internacional (Eisenhauer et al. 2017). Trabajos previos recopilaron el estado de conocimiento en busca de comprender la biogeografía de las comunidades microbianas en ambientes terrestres y acuáticos, tanto a escala global como regional (Tedersoo et al. 2014; Metz et al. 2022; Jurburg et al. 2024). Sin embargo, hasta donde sabemos, todavía no existen trabajos de recopilación de bases de datos correspondientes a comunidades microbianas del suelo a lo largo del neotrópico en general, y en la Argentina en particular. Esta revisión busca identificar vacíos de investigación locales que, además, contribuyan a integrar datos a las iniciativas globales de estudio de la diversidad microbiana, aportando la perspectiva de regiones biogeográficas poco representadas en los análisis internacionales (Nuñez et al. 2021).

La importancia de estudiar la ecología del suelo radica en que la diversidad de sus comunidades microbianas representa la mayor biomasa y diversidad de los ecosistemas (Guerra et al. 2022). Además, la diversidad microbiana del suelo está relacionada con la multifuncionalidad de los ecosistemas; diferentes estudios mostraron relaciones positivas entre su diversidad y la productividad de los ecosistemas, la resiliencia ante el disturbio o la intensidad de los ciclos biogeoquímicos (e.g., Delgado-Baquerizo et al. 2016). A pesar de esto, su distribución geográfica y su respuesta a distintos factores se encuentra bastante menos estudiada que aquella de las comunidades de macroorganismos (Shade et al. 2018). Durante mucho tiempo se pensó que los microorganismos no presentaban una biogeografía. Se postulaba que "todo en

todas partes, pero el ambiente selecciona" (Baas Becking 1934). Sin embargo, estudios recientes demostraron que la diversidad de microorganismos presenta patrones espaciales análogos a los de macroorganismos (Martiny et al. 2006; Shade et al. 2018) o, incluso, desacoplados entre ellos en algunos casos (Wang et al. 2011; Shen et al. 2020). La diversidad de las comunidades microbianas varía en el espacio tanto a gran escala (biomas) (Decaëns 2010; Xu et al. 2020) como a escala local (cambios de uso del suelo) (Montecchia et al. 2015; Goss-Souza et al. 2017). Por ende, el relevamiento geográfico de su estudio permitirá avanzar en el conocimiento de las diferencias entre ecosistemas. En este trabajo evaluamos las diferencias entre las coberturas geográficas de los estudios entre distintas comunidades microbianas del suelo, contemplando a los hongos, los protistas y las bacterias.

En la Argentina hay 18 ecorregiones (Brown et al. 2005; Morello et al. 2012). En ellas existen áreas de endemismo de alta diversidad (i.e., hotspots o puntos calientes) — como el bosque atlántico paranaense o las Yungas (Szumik et al. 2011; Gallo et al. 2015) — y de baja diversidad (coldspots o puntos fríos), como la Estepa Patagónica (Rosas et al. 2021). Los patrones de diversidad y las ecorregiones fueron, en su mayoría, descritas según la distribución de macroorganismos (i.e., animales y plantas) (Cabrera 1971; Matteucci and Rodriguez 2018); se ha detectado que no siempre coinciden con aquellos de la diversidad bajo el nivel del suelo, dado que los factores ecológicos que explican las comunidades microbianas son distintos a los de plantas y animales (De Deyn and Van Der Putten 2005; Tedersoo et al. 2014). Para proponer delimitaciones contemplando la distribución geográfica de los microorganismos del suelo es crucial recopilar las bases de datos obtenidas por la comunidad científica en el territorio de interés. Este trabajo propone relevar la cobertura de los estudios en distintas ecorregiones de la Argentina acerca de la diversidad de las comunidades microbianas del suelo.

En la actualidad, la diversidad de las ecorregiones de nuestro país está amenazada por la actividad humana (e.g., agricultura, ganadería, producción forestal, etc.) (Paruelo et al. 2005; Torres et al. 2014). Las actividades antrópicas se desarrollan en distintas ecorregiones según los requerimientos climáticos de cada actividad, aunque los avances tecnológicos han permitido el avance

de la frontera de muchas de ellas (Paruelo et al. 2005; Baeza and Paruelo 2020). A la par de los macroorganismos, los microorganismos del suelo mostraron que responden a las actividades antrópicas con cambios en su riqueza y composición (Figuerola et al. 2015; Montecchia et al. 2015; D'Acunto et al. 2016; Ribero and Filloy 2023). Ante un escenario de cambio antrópico global, es necesario conocer el grado de antropización de los sitios estudiados y la representación de los ambientes naturales (Martin et al. 2014). Aquí identificamos los principales usos del suelo estudiados y el grado de antropización de los ambientes relevados.

El objetivo de este trabajo fue relevar la cobertura geográfica y ambiental de los estudios existentes sobre las comunidades microbianas del suelo en la Argentina. A través de una búsqueda bibliográfica, estudiamos la cobertura de muestreo entre distintas ecorregiones y la existencia de sesgos de estudio entre distintas comunidades microbianas. Además, ahondamos en el grado de antropización de los sitios estudiados, en qué usos del suelo fueron considerados y en la proporción que representan los sitios bajo uso antrópico con respecto a los naturales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Realizamos una búsqueda bibliográfica por medio de la plataforma abierta OpenAlex (Priem et al. 2022). El 25 de junio de 2025 ingresamos una cadena de búsqueda conteniendo términos relacionados con ecología, el suelo, los microorganismos y todas las ecorregiones argentinas. La cadena de búsqueda se diseñó basándose en el protocolo PICO (ver Material Suplementario 1). Una vez realizada la búsqueda, tuvimos aquellos trabajos con al menos una filiación argentina. La búsqueda entregó una lista de 5620 trabajos, de los cuales se filtraron 1) los basados en muestras de suelo ambiental; 2) los no manipulativos; 3) los que presentaban información sobre la composición taxonómica de comunidades edáficas de hongos, bacterias o protistas, y 4) los que realizaron al menos un muestreo en territorio argentino continental. Se consideraron trabajos en español, portugués e inglés, publicados en revistas indexadas con revisión por pares y sin un filtro temporal. Excluimos trabajos que eran revisiones y no aportaban puntos de muestreo nuevos. Una vez filtrada la totalidad de los trabajos, realizamos una búsqueda manual basada en

la bibliografía citada en ellos, con los mismos criterios, y se sumaron aquellos que no fueron repetidos en el cuerpo de estudio anterior. El diagrama de selección de trabajos acorde al postulado PRISMA se reporta en el Material Suplementario 1 (Moher et al. 2015).

De cada trabajo extrajimos las coordenadas geográficas de cada punto de muestreo reportado, el grupo taxonómico de estudio (i.e., bacterias, hongos y protistas) y el tipo de ambiente estudiado. En el caso de que presentase la información de varios muestreos condensados en un único punto de estudio con una sola coordenada, se cargó el dato como un solo muestreo. Para evaluar el grado de cobertura a nivel de ecorregión, utilizamos el mapa de ecorregiones de la Argentina (Matteucci and Rodriguez 2018) y calculamos el área relativa de cada ecorregión en territorio continental (excluyendo Islas del Atlántico Sur, Antártida y el Mar Argentino). Luego, asociamos el área relativa con la proporción de puntos de muestreo que se encontraron dentro de cada ecorregión a través del coeficiente de correlación de Spearman. Para estudiar la diversidad de ambientes abordada por taxón, recuperamos datos ambientales según las coordenadas del muestreo utilizando capas de información ráster y polígonos disponibles en repositorios públicos. Para obtener las ecorregiones y los órdenes de suelo estudiados, utilizamos los mapas de ecorregiones argentinas disponibles en la Administración de Parques Nacionales, Argentina (sib.gob.ar/ecorregiones) y el de la clasificación edáfica USDA (Creutzberg 1982) del INTA (geo.inta.gob.ar), respectivamente. Las variables cuantitativas de altitud, de pH del suelo según SOILGRIDS (Hengl et al. 2017) y de temperatura media anual y precipitación anual acumulada según CHELSA (BIO1 y BIO12) (Karger et al. 2016) se obtuvieron de capas ráster alineadas a la proyección EPSG4326-WGS 84, con una resolución de 0.01 grados. Luego, para comparar la diversidad de ambientes estudiados para cada grupo microbiano, estimamos la distancia de Gower entre puntos de muestreo de cada taxón considerando sus características ambientales con las variables cuantitativas normalizadas (Laliberte and Legendre 2010). Sobre la base de esta información, calculamos la media de la distancia de cada punto al centroide para cada grupo utilizando el comando `betadisper()` y evaluamos qué taxón presentaba mayor dispersión a través de una prueba permutacional con `permutest()` utilizando

el paquete vegan (Oksanen et al. 2007). La cobertura ambiental se visualizó mediante un ordenamiento no métrico multidimensional (NMDS).

Para evaluar el grado de antropización de los puntos de muestreo, utilizamos el índice de modificación humana global, determinado por Kennedy et al. (2019). El índice pondera con valores de cero a cien la influencia de estresores humanos en el espacio; los valores mínimos representan ambientes no modificados, y los máximos, altamente modificados. Extrajimos el valor correspondiente para cada punto estudiado según sus coordenadas. Para evaluar si existe un sesgo hacia el estudio de ambientes más o menos antropizados, comparamos los valores de antropización de los puntos muestreados con los observados en el territorio argentino. Para ello, comparamos la distribución de la densidad de los valores de antropización a lo largo del territorio argentino tomando una muestra al azar de diez mil valores con aquella de los puntos de muestreo, a través de una prueba de Kolmogorov-Smirnov.

Finalmente, de cada estudio registramos si cada punto correspondía a un ambiente natural o antropizado y, en este último caso, se especificó el tipo de uso del suelo. Según lo informado en los trabajos, podría existir el caso de que sitios considerados naturales poseyeran un alto grado de antropización, ya que podrían haber estado inmersos en una matriz muy disturbada. Los análisis estadísticos se realizaron en el entorno de Rstudio versión 4.2.1 (R CoreTeam 2018), y los relativos a información geográfica, con el programa QGIS 3.6 (qgis.org).

RESULTADOS

Encontramos 133 artículos publicados entre el 2001 y el 2025 (Material Suplementario 1-Figura S1), de los cuales extrajimos 347 puntos de muestreo en todo el país (Figura 1, Material Suplementario 1-Figura S2, Material Suplementario 2). Se encontró una tendencia creciente de publicaciones en los años abarcados, encontrándose el máximo entre los años 2015 y 2019 (Material Suplementario 1-Figura S3). Del total, 108 puntos evaluaron

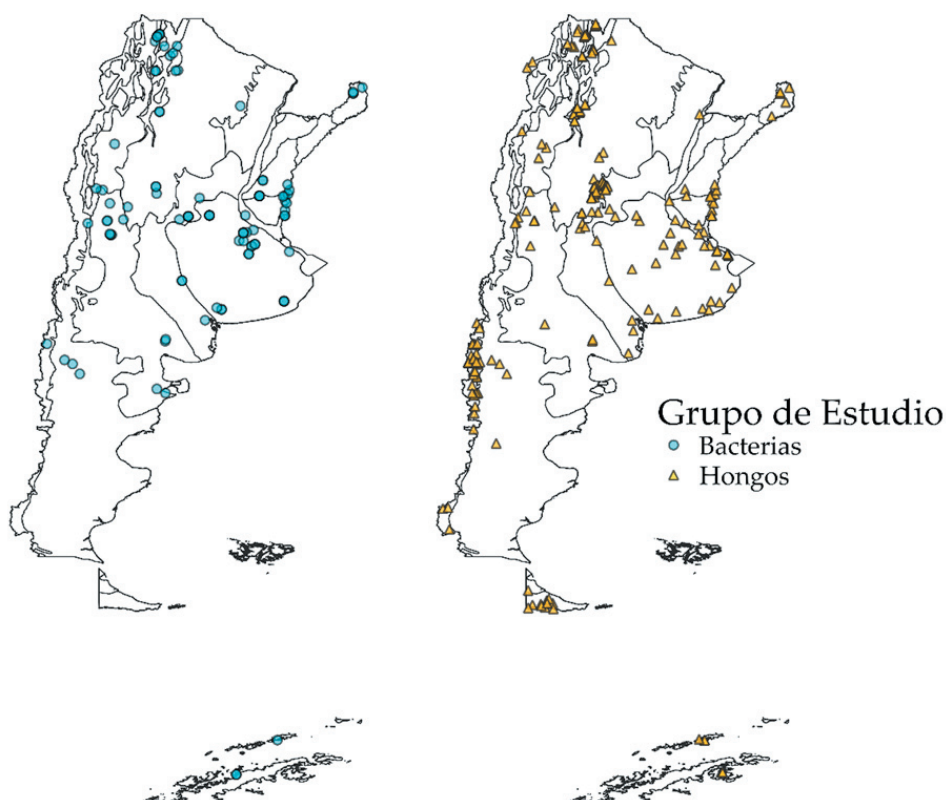


Figura 1. Distribución de los puntos de muestreo para bacterias (azul) y hongos (naranja) en el territorio argentino demarcado con las ecorregiones. Ver referencias bibliográficas de cada punto en la Figura S2.

Figure 1. Distribution of the sampling points of bacteria (blue) and fungi (orange) in the Argentinian territory, delimited by ecoregion. For bibliographic references for each point, see Figure S2.

comunidades bacterianas y 236 comunidades fúngicas; de estos últimos, 91 se enfocaron en comunidades de hongos micorrízicos arbusculares. Encontramos solo 2 trabajos de comunidades edáficas de protistas, por lo que no se incluyeron en el resto de los análisis estadísticos. El 84% de los trabajos presentó información sobre la composición de las comunidades. De ellos, el 66% del total realizó técnicas de secuenciación para la descripción taxonómica de las mismas y el resto técnicas de identificación ópticas.

Al superponer las coordenadas de cada punto de muestreo con las ecorregiones continentales de la Argentina, la ecorregión más estudiada fue la Pampeana (22%). A su vez, las ecorregiones de Pampa, Chaco Seco y los Bosques Patagónicos abarcaron 51% de los puntos de estudio. En las ecorregiones de los Esteros del Iberá y Campos y malezales no encontramos muestreos (Figura 2). Recuperamos 11 estudios en la ecorregión de la Antártida, correspondientes a comunidades bacterianas (3), fúngicas (7) y de protistas (1). La asociación entre la cantidad de puntos de muestreo por ecorregión y la extensión de estas resultó significativa ($r_{\text{Spearman}}=0.59$, $P=0.02$).

Los puntos muestreados presentaron una elevación en un rango de 0 a 6634 m s. n. m. y un pH del suelo con valores desde 5.1 hasta 8.0. En su mayoría, los suelos muestreados fueron molisoles (38%), inceptisoles (17%) y entisoles (16%). Climáticamente, los puntos abarcaron regiones con temperaturas medias anuales entre -10 °C y 23 °C, y precipitaciones anuales acumuladas entre 100 mm y 3538 mm (Tabla 1).

El ordenamiento ambiental indicó que existe superposición en los ambientes muestreados para bacterias y hongos (Figura 3). No se encontraron diferencias entre las dispersiones ambientales de los muestreos de bacterias (media de la distancia al centroide=0.23, DS=0.09) y hongos (media=0.22, DS=0.07) según la prueba permutacional ($P=0.2$). En 14 ecorregiones, los estudios relevados presentaron muestreos estudiando comunidades fúngicas (la totalidad menos Esteros del Iberá y Campos y Malezales), y en 13, estudiando bacterianas (ídem para hongos, menos en el Chaco húmedo). Con respecto a la variabilidad ambiental abarcada, mientras que los muestreos de comunidades fúngicas se realizaron en 12 órdenes de suelo distintos, para las bacterianas sucedieron en 9. Además, los muestreos orientados a hongos presentaron una mayor amplitud en las variables altitud, pH del suelo, temperatura y precipitación que aquellos a bacterias (Tabla 1).

De los muestreos relevados, 270 correspondieron a trabajos que muestrearon en ambientes naturales y 190 a aquellos que estudiaron algún uso del suelo. En particular, 119 sitios pertenecieron a estudios comparativos entre ambientes naturales y antropogénicos. Al analizar la representación de ambientes considerados naturales en los distintos grupos, observamos que 83% de los puntos de muestreo de comunidades fúngicas correspondió a estudios realizados en dichos ambientes, mientras que en el caso de las comunidades bacterianas, esta proporción fue 65%. De las comunidades estudiadas en ambientes antropogénicos, 49% (94 muestreos) perteneció a usos agrícolas, seguido por 24% (47) a plantaciones forestales, 11% (22) a

Tabla 1. Variables ambientales analizadas y sus valores mínimos y máximos para muestreos de bacterias y hongos a lo largo de la Argentina.

Table 1. Analyzed environmental variables and their maximums and minimums for bacterial and fungal samplings throughout Argentina.

| Característica ambiental | Bacterias | Hongos |
|---|---|---------------------------------------|
| Cantidad de ecorregiones | 13 | 14 |
| Ecorregiones faltantes | Campos y Malezales, Chaco Húmedo, Esteros del Iberá | Campos y Malezales, Esteros del Iberá |
| Cantidad órdenes de suelos | 9 | 12 |
| Altitud máxima (m s. n. m.) | 4143 | 6634 |
| Altitud mínima (m s. n. m.) | 0 | 0 |
| Temperatura media anual máxima (°C) | 22.7 | 23.5 |
| Temperatura media anual mínima (°C) | -3.6 | -10.2 |
| Precipitación acumulada anual máxima (mm) | 2609.0 | 3538.2 |
| Precipitación media anual mínima (mm) | 100.6 | 102.3 |
| pH máximo | 8.5 | 8.3 |
| pH mínimo | 5.4 | 5.1 |

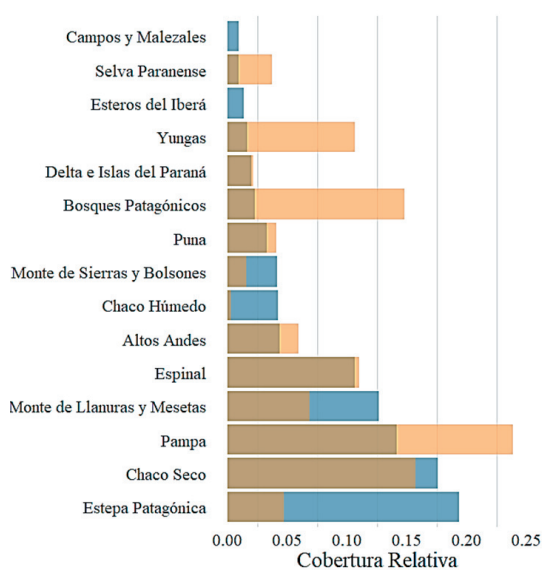


Figura 2. Comparación entre la cobertura geográfica de cada ecorregión argentina y la cantidad de estudios en cada una de ellas. En azul, cobertura por ecorregión dada por la superficie en m², relativizada a la extensión geográfica total de la Argentina. En naranja, la cantidad de puntos de muestreo por ecorregión relativizada a la cantidad total.

Figure 2. Comparison between geographic cover of each Argentinian ecoregion and the amount of studies on each of them. In blue, coverage per ecoregion given by the area in m², relative to the total geographic extension of Argentina. In orange, the number of sampling points per ecoregion relative to the total number.

ganadería y 10% (20) a viñedos. En otro orden de magnitud quedaron las pertenecientes a ambientes invadidos por especies de pino (3) y urbanos (3). La prueba de Kolmogorov-Smirnov para comparar entre las distribuciones del grado de antropización entre los puntos muestreados y el observado a escala nacional (Figura 4) determinó que difieren entre sí ($D=0.24$, $P<0.05$). La media nacional fue 23.5% (SD=23.1), y la correspondiente a los muestreos, 33.5% (SD=24.1). Al analizar el grado de antropización de los puntos muestreados según el grupo taxonómico estudiado, no encontramos diferencias significativas entre ellos. Los puntos en los que se estudiaron comunidades bacterianas presentaron un grado de antropización media de 38% (SD=25.3), y aquellos donde se estudiaron comunidades fúngicas, un valor medio de 31% (SD=23.7) ($W=13192$, $P=0.06$).

DISCUSIÓN

Prevalencia de estudios según grupo microbiano

En este trabajo relevamos la cobertura geográfica de los estudios de comunidades microbianas del suelo de la Argentina, discriminando entre hongos, bacterias y protistas, y evaluando su distribución por ecorregión y tipo de ambiente (natural o antrópico). La mayor prevalencia de estudios

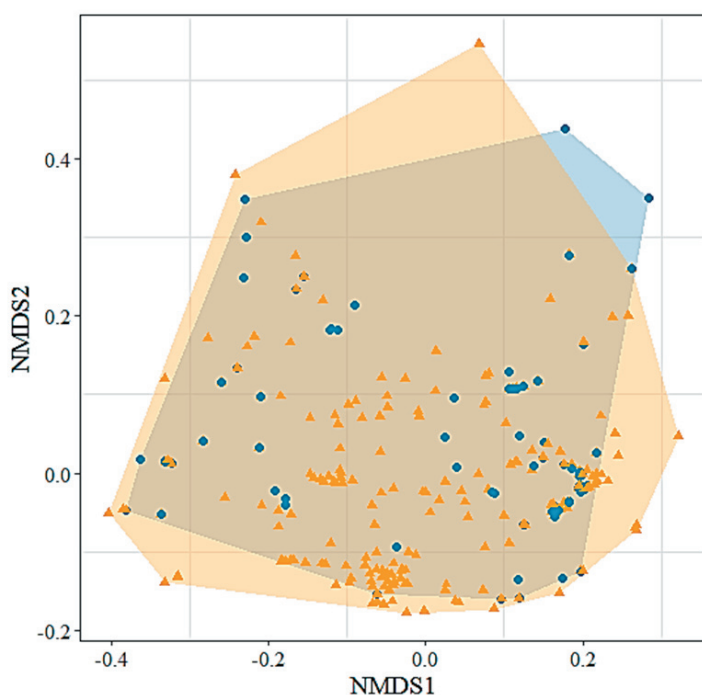


Figura 3. Ordenamiento multidimensional no métrico (NMDS) de los sitios muestreados en la Argentina, en base a características ambientales para bacterias (azul) y hongos (naranja). Stress=0.15.

Figure 3. Non-metric multidimensional ordination of the sampling points, based in their environmental characteristics for bacteria (blue) and fungi (orange). Stress=0.15.

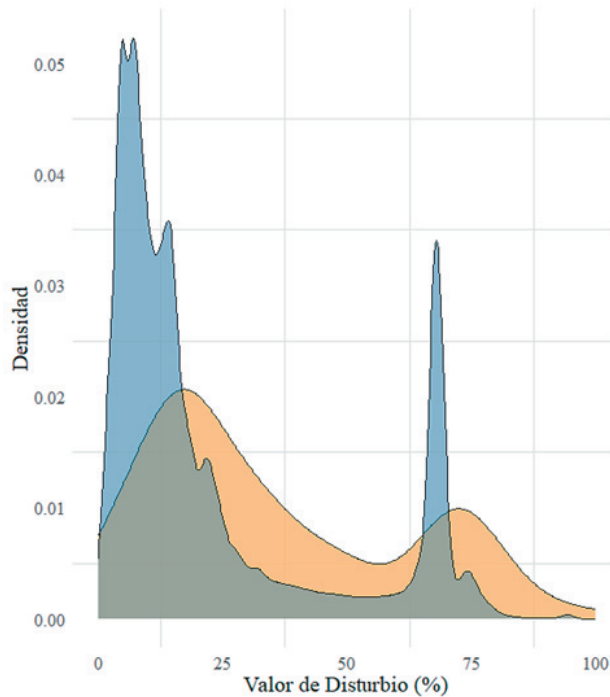


Figura 4. Comparación de distribuciones de densidad del grado de antropización. En azul, densidad del grado de antropización dado por cobertura agrícola y presencia humana observada a escala nacional de la Argentina. En naranja, densidad del grado de antropización de los sitios de muestreo basado en las coordenadas de cada estudio.

Figure 4. Comparison of density distributions of the levels of anthropization. In blue, density of the levels of anthropization given by the agricultural cover and human presence observed at national scale of Argentina. In orange, density of the levels of anthropization of the sampling sites based on the coordinates of each study.

en hongos —en particular, de micorrizas arbusculares— coincide con revisiones a escala global sobre diversidad fúngica, en los que también se encontró una gran proporción de estudios enfocados en micorrizas arbusculares (Kivlin et al. 2017; Bennett and Classen 2020). Esta tendencia puede deberse a que el interés en su diversidad se encuentra relacionado con la relevancia ecológica de este grupo, dado que son simbiotes esenciales de múltiples especies vegetales y centrales en el funcionamiento ecosistémico (Powell and Rillig 2018). Además, la metodología para su identificación taxonómica es más accesible y directa que la secuenciación o el cultivo, ya que la comunidad se puede describir con técnicas ópticas (microscópicas) identificando la morfología de sus esporas y esporocarpos (Crous et al. 2004). Encontramos aportes valiosos al conocimiento de la distribución, la biogeografía y la diversidad de los hongos del suelo, tanto a nivel nacional como internacional, por parte de investigadores e investigadoras argentinas (Colombo et al. 2014; Geml et al. 2014; Tedersoo et al. 2014; Silvani et al. 2017; Cofré et al. 2019). Se encontraron solo dos trabajos orientados a describir comunidades de protistas del suelo: uno en el Parque Nacional Iguazú (Pascualat et al. 2024) y otro de microalgas en la Antártida argentina (Mataloni and Tell 2002). Por un lado, el estudio molecular de las comunidades de protistas se desarrolló más tardíamente que

la de hongos y bacterias (Burki et al. 2021). Por el otro, la escasa representación de trabajos orientados a comunidades de protistas en suelos de nuestro país fue previamente descrita (Ritter et al. 2021), y si bien existen trabajos extranjeros que sumaron información sobre estas comunidades en el territorio argentino (Bates et al. 2012; Bruni et al. 2024), aún parece persistir un vacío de información en el conocimiento de estas comunidades. Por lo tanto, existieron limitantes metodológicas que pueden haber generado un sesgo de representatividad entre los grupos a lo largo del período de tiempo de estudiado. Sin embargo, el acceso creciente a las herramientas actuales anticipa que el estado del conocimiento entre las distintas comunidades microbianas podrá ser equiparado en un futuro cercano.

El uso de la base de datos abierta OpenAlex resultó muy útil para realizar el trabajo. Esta base posee una cobertura comparable con SCOPUS y Web Of Science (Culbert et al. 2025). Sin embargo, reconocemos que la búsqueda en una única base de datos podría haber limitado su representatividad. Si bien los vacíos y los sesgos identificados podrían estar influenciados de manera parcial por la metodología de búsqueda, las tendencias encontradas en las diferencias en cantidad de estudios por taxon fueron observadas en trabajos previos (Kivlin et al. 2017; Ritter et al. 2021). De manera similar, la tendencia

temporal de publicaciones que se encontró en este trabajo coincide con la reportada para estudios a escala global (Vieira et al. 2021). Diversos trabajos previos a los relevados describieron la micoflora en suelo argentino (e.g., las colecciones de Spegazzini de comienzos del siglo XX o algunos de los primeros trabajos micológicos [Godeas 1977]). No obstante, este tipo de contribuciones no cumplía con los criterios de selección y no fueron incorporados en el estudio. Aun así, la presente revisión incluye una cantidad representativa de los estudios para la región, aunque se reconoce que recopilar trabajos usando múltiples bases de datos y diversas metodologías es esencial para robustecer la representatividad de los estudios (O’Dea et al. 2021).

Cobertura geográfica y ambiental de los trabajos

Los estudios relevados abordan la mayoría de las ecorregiones del país, pero no su totalidad. Si bien la distribución de puntos de muestreo por ecorregión se asoció a sus extensiones, ciertas ecorregiones se encontraron más representadas que otras. Esto puede deberse a que las regiones más reconocidas por su biodiversidad en la Argentina —como las Yungas o los bosques patagónicos— presentan un gran interés para estudiar la diversidad del suelo (Guerra et al. 2021). De manera contraria, entre las regiones subrepresentadas se encuentran sitios de endemismos como el Chaco Húmedo, los esteros del Iberá y la Estepa Patagónica, que incluyen áreas hotspots y coldspots para la biodiversidad de la región (Szumik et al. 2011; Rosas et al. 2021). La biodiversidad microbiana del suelo se encuentra asociada parcialmente a los patrones de diversidad de plantas (Tedersoo et al. 2016) y a la productividad primaria (Nottingham et al. 2018). Si bien estudiar zonas de alta riqueza o endemismos de plantas permitiría estudiar comunidades microbianas candidatas a presentar una alta diversidad, los ecosistemas secos, como la Estepa Patagónica o el Monte de Llanuras y Mesetas tendrían el potencial de ser reservorios de biodiversidad xerófila de gran relevancia taxonómica y funcional asociada a otras variables ambientales (Maestre et al. 2012). En paralelo, el sobremuestreo de ciertas ecorregiones se podría también explicar a que muchos puntos de muestreo se encuentran en áreas productivas de la Región Pampeana o cercanos a grandes centros urbanos (e.g., Buenos Aires, Santa Fe, Tucumán o Córdoba).

A escala global, se ha observado que la descripción de la diversidad presenta un sesgo asociado a la accesibilidad de los sitios (Oliveira et al. 2016; Hughes et al. 2021). Así, el sobremuestreo podría explicarse debido a la facilidad de acceso o al interés relacionado con la actividad económica y el estudio de la diversidad bajo presiones antrópicas. Por lo tanto, identificamos un vacío de información relativo a ciertas ecorregiones que aparecen submuestreadas, presentándose el potencial de enriquecer la literatura aportando información sobre endemismos microbianos y novedades funcionales en ellas.

La diversidad de ambientes donde se estudiaron comunidades fúngicas y bacterianas fue equivalente. Si bien se encontraron casi el doble de muestreos para comunidades fúngicas que para bacterianas, la diversidad ambiental abarcada en los muestreos fue similar en ellos. Esto puede deberse a que la mayoría de los muestreos de comunidades fúngicas parecen estar anidados en ciertos ambientes (como los bosques patagónicos o la pampa), mientras que —aunque sean menos los muestreos de bacterias— estos se encuentran más dispersos geográficamente y ambientalmente. Sin embargo, la mayor proporción de la variabilidad ambiental muestreada se encuentra abarcada por muestreos en ambos grupos. Más allá de la cobertura geográfica del conjunto, los estudios individuales que abarcan grandes extensiones son de gran importancia para generar un conocimiento comprensivo de la diversidad microbiana a grandes escalas (Martiny et al. 2006; Barberán et al. 2014). Geml et al. (2014) y Rascovan et al. (2013); entre otros, describen patrones de diversidad microbiana estudiando las asociaciones ecológicas a lo largo de gradientes latitudinales y altitudinales. Por otro lado, los trabajos enfocados en describir comunidades microbianas en ambientes extremos —donde se presentan novedades taxonómicas y funcionales— aportan información expandiendo la amplitud ambiental abarcada (Shu and Huang 2022). En esta categoría encontramos los trabajos en salares de altura (Silvani et al. 2017) o en ambientes glaciares y antárticos tanto para bacterias (Mataloni and Tell 2002; Vázquez et al. 2017) como para hongos (Duo Saito et al. 2018; Gonçalves et al. 2023; Martínez et al. 2016), que corresponden a las primeras caracterizaciones de comunidades fúngicas y bacterianas en tales ambientes de la Argentina. En síntesis, las comunidades fúngicas y bacterianas fueron estudiadas en una gran diversidad de ambientes, existiendo

superposición espacial y ambiental en su muestreo. Así, con el objetivo de conocer la biogeografía de las comunidades microbianas del suelo en nuestro país, la compilación de información taxonómica y funcional de comunidades microbianas sería posible para una gran extensión geográfica.

Estudios de ambientes antropizados

El predominio de los muestreos en ambientes antropizados podría estar reflejando un sesgo de estudio en relación con el muestreo de sitios naturales de referencia. Entre los usos del suelo abarcados, el más estudiado fue la agricultura, mientras que las actividades forestales, la ganadería y la vitivinicultura se encontraron, en relación, poco abarcados. La diferencia en el estudio de los distintos usos del suelo puede deberse al interés productivo o a diferencias en las respectivas coberturas a nivel nacional. En los últimos años, la actividad agrícola ha expandido sus fronteras, abarcando zonas donde antes no era posible desarrollarla o reemplazando otros usos del suelo (Paruelo et al. 2005). En este trabajo encontramos un sesgo de estudio en la literatura hacia comunidades en ambientes agrícolas, el uso del suelo predominante en la Argentina. Sin embargo, la distribución de la agricultura no es homogénea a lo largo del país (Aizen et al. 2009). Múltiples estudios identificaron cambios significativos de riqueza taxonómica y heterogeneidad asociados a la agricultura y su intensidad a múltiples escalas en distintas regiones (Carbonetto et al. 2014; Figuerola et al. 2015; Montecchia et al. 2015; Tosi et al. 2016). La concentración de estudios en ambientes agrícolas podría generar un sesgo en el conocimiento sobre la respuesta ecológica de comunidades microbianas del suelo al cambio del uso del suelo que no es representativo del fenómeno en otras actividades antrópicas. Por lo tanto, ampliar los estudios hacia comunidades microbianas presentes en otros usos o, incluso, bajo distintas prácticas productivas permitiría comprender más ampliamente las dinámicas ecológicas asociadas a los cambios antropogénicos a lo largo de los ambientes del país.

El mayor grado de antropización en los puntos de muestreo de comunidades fúngicas y bacterianas en relación con el observado a escala nacional podría evidenciar

un desbalance entre el conocimiento de comunidades microbianas de ambientes naturales y disturbados. Las comunidades microbianas de ambientes antropizados sufren cambios progresivos y significativos en su composición y estructura con respecto a los ambientes naturales de referencia (Louisson et al. 2023; Mo et al. 2024). El disturbio antrópico se asocia a un recambio de especies endémicas por ubicuas, reemplazando ensamblajes formados bajo procesos determinísticos por otros bajo influencia de procesos estocásticos (Chen et al. 2023; Ribero et al. 2025). Recopilar el conocimiento sobre la composición de especies en distintos biomas y regiones productivas (antromas) representa un avance en la comprensión la distribución de la diversidad microbiana del suelo ante el cambio global, y sus implicancias en términos de conservación biológica y funcionamiento de los ecosistemas.

CONCLUSIONES

En conclusión, si bien se registró una amplia cobertura geográfica de estudios sobre comunidades microbianas del suelo en la Argentina, se identificaron sesgos asociados a su distribución espacial y a la representatividad de los distintos grupos microbianos. Abordar los vacíos identificados mediante investigaciones en ecorregiones y usos del suelo submuestreados permitirá ampliar el conocimiento de la diversidad microbiana en el país y sus posibles procesos determinantes. En este marco, la conformación de consorcios científicos (e.g., Metz et al. 2022; Jurburg et al. 2024) constituye una estrategia promisoriosa para compilar y armonizar bases de datos, promoviendo avances sustanciales en la comprensión de las comunidades microbianas del suelo. Finalmente, a partir de la presente recopilación alentamos la realización de futuros trabajos de síntesis sobre patrones de riqueza y composición microbiana. Esto fortalecerá no solo el conocimiento a escala nacional, sino que también contribuirá a mejorar la representación regional en las iniciativas internacionales de biogeografía microbiana.

AGRADECIMIENTOS. Agradecemos a los revisores anónimos y al editor por sus comentarios. El trabajo fue financiado por el CONICET y la Universidad de Buenos Aires.

REFERENCIAS

- Aizen, M. A., L. A. Garibaldi, and M. Dondo. 2009. Expansión de la soja y diversidad de la agricultura argentina. *Ecología Austral* 19:45-54. <https://doi.org/10.1002/ejsp.2420020305>.
- Baas Beeking, L. 1934. *Geobiologie of Inleiding tot de Milieukunde*.
- Baeza, S., and J. M. Paruelo. 2020. Land use/land cover change (2000-2014) in the Río de la Plata grasslands: An analysis based on MODIS NDVI time series. *Remote Sensing* 12(3):1-22. <https://doi.org/10.3390/rs12030381>.
- Balser, T. C., K. D. McMahon, D. Bart, D. Bronson, D. R. Coyle, et al. 2006. Bridging the gap between micro—And macro-scale perspectives on the role of microbial communities in global change ecology. *Plant and Soil* 289(1-2):59-70. <https://doi.org/10.1007/s11104-006-9104-5>.
- Barberán, A., E. O. Casamayor, and N. Fierer. 2014. The microbial contribution to macroecology. *Frontiers in Microbiology* 5(MAY):1-8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00203>.
- Bates, S. T., J. C. Clemente, G. E. Flores, W. A. Walters, L. W. Parfrey, et al. 2012. Global biogeography of highly diverse protistan communities in soil. *The ISME Journal* 7(3):1-8. <https://doi.org/10.1038/ismej.2012.147>.
- Bennett, A. E., and A. T. Classen. 2020. Climate change influences mycorrhizal fungal–plant interactions, but conclusions are limited by geographical study bias. *Ecology* 101(4):e02978. <https://doi.org/10.1002/ecy.2978>.
- Brown, A., U. Martinez Ortiz, and M. Acerbi. 2005. *La Situación Ambiental Argentina 2005*. A. Brown, U. Martinez Ortiz, M. Acerbi and J. Corcuera (eds.). Fundación Vida Silvestre Argentina. Buenos Aires, Argentina. Pp. 12.
- Bruni, E. P., O. Rusconi, O. Broennimann, A. Adde, R. Jauslin, et al. 2024. Global distribution modelling of a conspicuous Gondwanian soil protist reveals latitudinal dispersal limitation and range contraction in response to climate warming. *Diversity and Distributions* 30(2):e13779. <https://doi.org/10.1111/ddi.13779>.
- Burki, F., M. M. Sandin, and M. Jamy. 2021. Diversity and ecology of protists revealed by metabarcoding. *Current Biology* 31(19):R1267-R1280. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.07.066>.
- Cabrera, A. L. 1971. Fitogeografía de la república Argentina. *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 14:1-42.
- Carbonetto, B., N. Rascovan, R. Álvarez, A. Mentaberry, and M. P. Vázquez. 2014. Structure, composition and metagenomic profile of soil microbiomes associated to agricultural land use and tillage systems in Argentine Pampas. *PLoS ONE* 9(6). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099949>.
- Chen, X., H. Li, L. M. Condrón, K. E. Dunfield, S. A. Wakelin, et al. 2023. Long-term afforestation enhances stochastic processes of bacterial community assembly in a temperate grassland. *Geoderma* 430(February 2022):116317. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2022.116317>.
- Cofré, M. N., F. Soteras, M. del Rosario Iglesias, S. Velázquez, C. Abarca, et al. 2019. Biodiversity of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in South America: A Review. Pp. 49-72 en M. C. Pagano and M. A. Lugo (eds.). *Mycorrhizal Fungi in South America*. Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-15228-4_3.
- Colombo, R. P., L. Fernández Bidondo, V. A. Silvani, M. B. Carbonetto, N. Rascovan, et al. 2014. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in soil from the pampa ondulada, Argentina, Assessed by pyrosequencing and morphological techniques. *Canadian Journal of Microbiology* 60(12):819-827. <https://doi.org/10.1139/cjm-2014-0364>.
- Creutzberg, D. 1982. Field extract of soil taxonomy: The 1975 system of soil classification of the USDA/SCS. International Soil Museum (ed.). United States. Soil Conservation Service. 2nd edition. Pp. 95.
- Crous, P. W., W. Gams, J. A. Stalpers, V. Robert, and G. Stegehuis. 2004. MycoBank: An online initiative to launch mycology into the 21st century. *Studies in Mycology* 50(1):19-22.
- Culbert, J. H., A. Hobert, N. Jahn, N. Haupka, M. Schmidt, P. Donner, and P. Mayr. 2025. Reference coverage analysis of OpenAlex compared to Web of Science and Scopus. *Scientometrics* 130(4):2475-2492. <https://doi.org/10.1007/s11192-025-05293-3>.
- D'Acunto, L., M. Semmartin, and C. M. Ghersa. 2016. Uncultivated margins are source of soil microbial diversity in an agricultural landscape. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 220:1-7. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2015.12.032>.
- De Deyn, G. B., and W. H. Van Der Putten. 2005. Linking aboveground and belowground diversity. *Trends in Ecology and Evolution* 20(11):625-633. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.08.009>.
- Decaens, T. 2010. Macroecological patterns in soil communities. *Global Ecology and Biogeography* 19(3):287-302. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2009.00517.x>.
- Delgado-Baquerizo, M., F. T. Maestre, P. B. Reich, T. C. Jeffries, J. J. Gaitan, et al. 2016. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems. *Nature Communications* 7:1-8. <https://doi.org/10.1038/ncomms10541>.
- Duo Saito, R. A., L. Connell, R. Rodriguez, R. Redman, D. Libkind, and V. de García. 2018. Metabarcoding analysis of the fungal biodiversity associated with Castaño Overa Glacier - Mount Tronador, Patagonia, Argentina. *Fungal Ecology* 36:8-16. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2018.07.006>.
- Eisenhauer, N., P. M. Antunes, A. E. Bennett, K. Birkhofer, A. Bissett, et al. 2017. Priorities for research in soil ecology. *Pedobiologia* 63(May):1-7. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2017.05.003>.
- Fierer, N., J. W. Leff, B. J. Adams, U. N. Nielsen, S. T. Bates, et al. 2012. Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109(52): 21390-21395. <https://doi.org/10.1073/pnas.1215210110>.
- Figuerola, E. L. M., L. D. Guerrero, D. Türkowsky, L. G. Wall, and L. Erijman. 2015. Crop monoculture rather than agriculture reduces the spatial turnover of soil bacterial communities at a regional scale. *Environmental Microbiology* 17(3):678-688. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12497>.

- Gallo, A. L., G. Robledo, M. Landi, and C. Urcelay. 2015. Evaluación de la restauración de la diversidad fúngica en un área reforestada con *Polylepis australis* (Rosaceae): Un estudio de caso. *Ecología Austral* 25(3):192-203. <https://doi.org/10.25260/EA.16.25.3.0.73>.
- Geml, J., N. Pastor, L. Fernandez, S. Pacheco, T. A. Semenova, et al. 2014. Large-scale fungal diversity assessment in the Andean Yungas forests reveals strong community turnover among forest types along an altitudinal gradient. *Molecular Ecology* 23(10):2452-2472. <https://doi.org/10.1111/mec.12765>.
- Godeas, A. M. 1977. Estudio cuali y cuantitativo de los hongos del suelo del bosque de *Nothofagus dombeyi*. Universidad de Buenos Aires.
- Gonçalves, V. N., J. M. Lirio, S. H. Coria, F. A. C. Lopes, P. Convey, et al. 2023. Soil Fungal Diversity and Ecology Assessed Using DNA Metabarcoding along a Deglaciated Chronosequence at Clearwater Mesa, James Ross Island, Antarctic Peninsula. *Biology* 12(2):275. <https://doi.org/10.3390/biology12020275>.
- Goss-Souza, D., L. W. Mendes, C. D. Borges, D. Baretta, S. M. Tsai, and J. L. M. Rodrigues. 2017. Soil microbial community dynamics and assembly under long-term land use change. *FEMS Microbiology Ecology* 93(10). <https://doi.org/10.1093/femsec/fix109>.
- Guerra, C. A., M. Berdugo, D. J. Eldridge, N. Eisenhauer, B. K. Singh, et al. 2022. Global hotspots for soil nature conservation. *Nature* 2022, August, Pp. 1-6. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05292-x>.
- Guerra, C. A., M. Delgado, B. E. Duarte, O. Marigliano, C. Görgen, F. T. Maestre, et al. 2021. Global projections of the soil microbiome in the Anthropocene. *Global Ecology and Biogeography* 30(5):987-999. <https://doi.org/10.1111/geb.13273>.
- Hengl, T., J. Mendes de Jesus, G. B. M. Heuvelink, M. Ruiperez González, et al. 2017. SoilGrids250m: Global gridded soil information based on machine learning. *PLoS ONE* 12(2):e0169748. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169748>.
- Hughes, A. C., M. C. Orr, K. Ma, M. J. Costello, J. Waller, et al. 2021. Sampling biases shape our view of the natural world. *Ecography* 44(9):1259-1269. <https://doi.org/10.1111/ecog.05926>.
- Jurburg, S. D., M. J. Álvarez Blanco, A. Chatzinotas, A. Kazem, B. König-Ries, et al. 2024. Datathons: Fostering equitability in data reuse in ecology. *Trends in Microbiology* 32(5):415-418. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2024.02.010>.
- Karger, D. N., O. Conrad, J. Böhner, T. Kawohl, H. Kreft, R. W. Soria-Auza, et al. 2016. CHELSA climatologies at high resolution for the earth's land surface areas (version 1.0). <https://doi.org/10.1038/sdata.2017.122>.
- Kennedy, C. M., J. R. Oakleaf, D. M. Theobald, S. Baruch-Mordo, and J. Kiesecker. 2019. Managing the middle: A shift in conservation priorities based on the global human modification gradient. *Global Change Biology* 25(3):811-826. <https://doi.org/10.1111/gcb.14549>.
- Kivlin, S. N., J. S. Lynn, M. R. Kazenel, K. K. Beals, and J. A. Rudgers. 2017. Biogeography of plant-associated fungal symbionts in mountain ecosystems: A meta-analysis. *Diversity and Distributions* 23(9):1067-1077. <https://doi.org/10.1111/ddi.12595>.
- Laliberte, E., and P. Legendre. 2010. A distance-based framework for measuring functional diversity from multiple traits. *Ecology* 91(1):299-305. <https://doi.org/10.1890/08-2244.1>.
- Louissou, Z., S. M. Hermans, H. L. Buckley, B. S. Case, M. Taylor, F. Curran-Cournane, and G. Lear. 2023. Land use modification causes slow, but predictable, change in soil microbial community composition and functional potential. *Environmental Microbiome* 18(1):30. <https://doi.org/10.1186/s40793-023-00485-x>.
- Maestre, F. T., J. L. Quero, N. J. Gotelli, A. Escudero, V. Ochoa, M. Delgado-Baquerizo, et al. 2012. Plant species richness and ecosystem multifunctionality in global drylands. *Science* 335(6065):214-218. <https://doi.org/10.1126/science.1215442>.
- Martin, L. J., J. E. Quinn, E. C. Ellis, M. R. Shaw, M. A. Dorning, L. M. Hallett, et al. 2014. Conservation opportunities across the world's anthromes. *Diversity and Distributions* 20(7):745-755. <https://doi.org/10.1111/ddi.12220>.
- Martinez, A., I. Cavello, G. Garmendia, C. Rufo, S. Cavalitto, and S. Vero. 2016. Yeasts from sub-Antarctic region: Biodiversity, enzymatic activities and their potential as oleaginous microorganisms. *Extremophiles* 20(5):759-769. <https://doi.org/10.1007/s00792-016-0865-3>.
- Martiny, J. B. H., B. J. M. Bohannan, J. H. Brown, R. K. Colwell, J. A. Fuhrman, et al. 2006. Microbial biogeography: Putting microorganisms on the map. *Nature Reviews Microbiology* 4(2):102-112. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1341>.
- Martiny, J. B. H., and K. E. Walters. 2018. Towards a Natural History of Soil Bacterial Communities. *Trends in Microbiology* 26(4):250-252. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.02.010>.
- Mataloni, G., and G. Tell. 2002. Microalgal communities from ornithogenic soils at Cierva Point, Antarctic Peninsula. *Polar Biology* 25(7):488-491. <https://doi.org/10.1007/s00300-002-0369-8>.
- Matteucci, S. D., and A. F. Rodriguez. 2018. *Ecorregiones y Complejos Ecosistémicos Argentinos*. 2nd ed. July 2018.
- Metz, S., P. Huber, E. Mateus-Barros, P. C. Junger, M. de Melo, I. L. Bagatini, I. Izaguirre, et al. 2022. A georeferenced rRNA amplicon database of aquatic microbiomes from South America. *Scientific Data* 9(1):565. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01665-z>.
- Mo, L., A. Zanella, A. Squartini, G. Ranzani, C. Bolzonella, G. Concheri, M. Pindo, F. Visentin, and G. Xu. 2024. Anthropogenic vs. natural habitats: Higher microbial biodiversity pays the trade-off of lower connectivity. *Microbiological Research* 282:127651. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127651>.
- Moher, D., L. Shamseer, M. Clarke, D. Ghersi, A. Liberati, M. Petticrew, P. Shekelle, and L. A. Stewart. 2015. Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (PRISMA-P) 2015 statement. *Systematic Reviews* 4(1):1. <https://doi.org/10.1186/2046-4053-4-1>.
- Montecchia, M. S., M. Tosi, M. A. Soria, J. A. Vogrig, O. Sydorenko, and O. S. Correa. 2015. Pyrosequencing reveals

- changes in soil bacterial communities after conversion of Yungas forests to agriculture. *PLoS ONE* 10(3):1-18. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0119426>.
- Morello, J., S. D. Matteucci, and A. F. Rodríguez. 2012. *Ecorregiones y complejos ecosistémicos de Argentina*. Orientación Gráfica Editora.
- Nottingham, A. T., N. Fierer, B. L. Turner, J. Whitaker, N. J. Ostle, N. P. McNamara, et al. 2018. Microbes follow Humboldt: Temperature drives plant and soil microbial diversity patterns from the Amazon to the Andes. *Ecology* 99(11):2455-2466. <https://doi.org/10.1002/ecy.2482>.
- Núñez, M. A., M. C. Chiuffo, A. Pauchard, and R. D. Zenni. 2021. Making ecology really global. *Trends in Ecology and Evolution* 36(9):766-769. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.06.004>.
- O'Dea, R. E., M. Lagisz, M. D. Jennions, J. Koricheva, D. W. A. Noble, T. H. Parker, J. Gurevitch, et al. 2021. Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses in ecology and evolutionary biology: A PRISMA extension. *Biological Reviews* 96(5):1695-1722. <https://doi.org/10.1111/brv.12721>
- Oksanen, J., R. Kindt, P. Legendre, B. O'Hara, M. H. H. Stevens, M. J. Oksanen, and M. Suggests. 2007. The vegan package. *Community Ecology Package* 10:631-637.
- Oliveira, U., A. P. Paglia, A. D. Brescovit, C. J. B. de Carvalho, D. P. Silva, D. T. Rezende, F. S. F. Leite, et al. 2016. The strong influence of collection bias on biodiversity knowledge shortfalls of Brazilian terrestrial biodiversity. *Diversity and Distributions* 22(12):1232-1244. <https://doi.org/10.1111/ddi.12489>.
- Paruelo, J. M., J. P. Guerschman, and S. Verón. 2005. Expansión agrícola y cambios en el uso del suelo. *Ciencia Hoy* 15(87):14-23.
- Pascualat, A., C. Siebert, G. C. Gonzalez Garraza, S. J. Nenda, and G. C. Küppers. 2024. Terrestrial ciliate assemblages from Iguazú National Park (Argentina) under contrasting environmental scenarios. *Acta Protozoologica* 63:9-24. <https://doi.org/10.4467/16890027AP.24.002.21164>.
- Powell, J. R., and M. C. Rillig. 2018. Biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi and ecosystem function. *New Phytologist* 220(4):1059-1075. <https://doi.org/10.1111/nph.15119>.
- Priem, J., H. Piwowar, and R. Orr. 2022. OpenAlex: A fully-open index of scholarly works, authors, venues, institutions, and concepts (No. arXiv:2205.01833). arXiv. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2205.01833>.
- Prosser, J. I., B. J. M. Bohannan, T. P. Curtis, R. J. Ellis, M. K. Firestone, R. P. Freckleton, J. L. Green, et al. 2007. The role of ecological theory in microbial ecology. *Nature Reviews Microbiology* 5(5):384-392. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1643>.
- R CoreTeam. (2018). R: A language and environment for statistical computing.
- Rascovan, N., B. Carbonetto, S. Revale, M. D. Reinert, R. Alvarez, A. M. Godeas, et al. 2013. The PAMPA datasets: A metagenomic survey of microbial communities in Argentinean pampean soils. *Microbiome* 1(1). <https://doi.org/10.1186/2049-2618-1-21>.
- Ribero, M. N., and J. Filloy. 2023. Geographical trends of soil-associated biodiversity changes due to tree plantations in South America: Biome and climate constraints revealed through meta-analysis. *Global Ecology and Biogeography* 32(11):1-14. <https://doi.org/10.1111/geb.13739>.
- Ribero, M. N., M. R. Schiaffino, and J. Filloy. 2025. Grassland Afforestation Drives Biotic Homogenisation of Soil Microbial Communities at a Regional Scale. *Molecular Ecology* 34(2):e17617. <https://doi.org/10.1111/mec.17617>.
- Ritter, C. D., A. F. Machado, K. F. Ribeiro, and M. Dunthorn. 2021. Metabarcoding advances for ecology and biogeography of Neotropical protists: What do we know, where do we go? *Biota Neotropica* 21:e20211214. <https://doi.org/10.1590/1676-0611-BN-2021-1214>.
- Rosas, Y. M., P. L. Peri, M. V. Lencinas, R. Lasagno, and G. J. Martínez Pastur. 2021. Improving the knowledge of plant potential biodiversity-ecosystem services links using maps at the regional level in Southern Patagonia. *Ecological Processes* 10(1). <https://doi.org/10.1186/s13717-021-00326-0>.
- Shade, A., R. R. Dunn, S. A. Blowes, P. Keil, B. J. M. Bohannan, M. Herrmann, K. Küsel, J. T. Lennon, et al. 2018. Macroecology to Unite All Life, Large and Small. *Trends in Ecology and Evolution* 33(10):731-744. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.08.005>.
- Shen, C., A. Gunina, Y. Luo, J. Wang, J.-Z. He, Y. Kuzyakov, A. Hemp, A. T. Classen, and Y. Ge. 2020. Contrasting patterns and drivers of soil bacterial and fungal diversity across a mountain gradient. *Environmental Microbiology*, 22(8), 3287-3301. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15090>
- Shu, W.-S., and L.-N. Huang. 2022. Microbial diversity in extreme environments. *Nature Reviews Microbiology* 20(4): 219-235. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00648-y>.
- Silvani, V. A., R. P. Colombo, M. V. Scorza, L. Fernández Bidondo, C. P. Rothen, A. Scotti, S. Fracchia, and A. Godeas. 2017. Arbuscular mycorrhizal fungal diversity in high-altitude hypersaline Andean wetlands studied by 454-sequencing and morphological approaches. *Symbiosis* 72(2):143-152. <https://doi.org/10.1007/s13199-016-0454-3>.
- Szumik, C., L. Aagesen, D. Casagrande, V. Arzamendia, D. Giacomo, A. Giraudo, P. Goloboff, C. Gramajo, et al. 2011. Detecting areas of endemism with a taxonomically diverse data set: Plants, mammals, reptiles, amphibians, birds, and insects from Argentina. *Cladistics* 1:1-13. <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2011.00385.x>.
- Tedersoo, L., M. Bahram, T. Cajthaml, S. Põlme, I. Hiiesalu, S. Anslan, H. Harend, F. Buegger, et al. 2016. Tree diversity and species identity effects on soil fungi, protists and animals are context dependent. *The ISME Journal* 10(2):346-362. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.116>.
- Tedersoo, L., M. Bahram, S. Põlme, U. Kõljalg, N. S. Yorou, R. Wijesundera, L. V. Ruiz, et al. 2014. Global diversity and geography of soil fungi. *Science* 346(6213):1256688. <https://doi.org/10.1126/science.1256688>.

- Thakur, M. P., H. R. P. Phillips, U. Brose, F. T. De Vries, P. Lavelle, M. Loreau, J. Mathieu, C. Mulder, et al. (2019). Towards an integrative understanding of soil biodiversity. *Biological Reviews* 31:brv.12567. <https://doi.org/10.1111/brv.12567>.
- Tiedje, J. M., S. Asuming-Brempong, and K. Nüsslein. 1999. Opening the black box of soil microbial diversity. *Applied Soil Ecology* 13(2):109-122. [https://doi.org/10.1016/S0929-1393\(99\)00026-8](https://doi.org/10.1016/S0929-1393(99)00026-8).
- Torres, R., N. I. Gasparri, P. G. Blendinger, and H. R. Grau. 2014. Land-use and land-cover effects on regional biodiversity distribution in a subtropical dry forest: A hierarchical integrative multi-taxa study. *Regional Environmental Change* 14(4):1549-1561. <https://doi.org/10.1007/s10113-014-0604-1>.
- Tosi, M., O. S. Correa, M. A. Soria, J. A. Vogrig, O. Sydorenko, and M. S. Montecchia. 2016. Land-use change affects the functionality of soil microbial communities: A chronosequence approach in the Argentinian Yungas. *Applied Soil Ecology* 108:118-127. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.08.012>.
- Vázquez, S., P. Monien, R. Pepino Minetti, J. Jürgens, A. Curtosi, J. Villalba Primitz, S. Frickenhaus, D. Abele, W. Mac Cormack, and E. Helmke. 2017. Bacterial communities and chemical parameters in soils and coastal sediments in response to diesel spills at Carlini Station, Antarctica. *Science of The Total Environment* 605-606:26-37. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.06.129>.
- Vieira, A. F., M. Moura, and L. Silva. 2021. Soil metagenomics in grasslands and forests – A review and bibliometric analysis. *Applied Soil Ecology* 167(December 2020):104047. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104047>.
- Wang, J., J. Soininen, Y. Zhang, B. Wang, X. Yang, and J. Shen. 2011. Contrasting patterns in elevational diversity between microorganisms and macroorganisms. *Journal of Biogeography* 38(3):595-603. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2010.02423.x>.
- Xu, X., N. Wang, D. Lipson, R. Sinsabaugh, J. Schimel, L. He, N. A. Soudzilovskaia, and L. Tedersoo. 2020. Microbial macroecology: In search of mechanisms governing microbial biogeographic patterns. *Global Ecology and Biogeography* 29(11):1-17. <https://doi.org/10.1111/geb.13162>.