

Metagenómica para el estudio de la biodiversidad de microorganismos como base para la salud de los suelos y masas forestales

Jaime Olaizola



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

CONTENIDO

- ✓ Marco ecológico del microbioma y la salud forestal
- ✓ Técnicas para el estudio del microbioma forestal
- ✓ Análisis ecológico avanzado del microbioma
- ✓ Casos de estudio: regeneración del microbioma post-incendio.
- ✓ Conclusiones

Marco ecológico del microbioma y la salud forestal



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



**GOBIERNO
DE ESPAÑA**



**Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural**

Biodiversidad visible e invisible



Biodiversidad Visible

La biodiversidad visible incluye la estructura arbórea y la fauna que habita en los microhábitats del bosque.

Biodiversidad Invisible

La biodiversidad invisible consiste en microorganismos edáficos que forman la base funcional del ecosistema forestal.

Impacto en la Estructura Forestal

La biodiversidad estructural depende de la biodiversidad microbiana, clave para la salud y estabilidad del bosque.

Importancia de la biodiversidad microbiana y su papel en la resiliencia ecosistémica



El microbioma es fundamental para mantener la salud y funcionalidad de los ecosistemas forestales.

Resiliencia edáfica



Suelo como sistema biogeoquímico

El suelo funciona como un sistema dinámico con ciclos de carbono, nitrógeno y fósforo, mineralización y formación de agregados.

Regulación microbiana del suelo

Los microorganismos regulan dinámicamente la mineralización y movilización de nutrientes en el suelo, manteniendo su funcionalidad.

Concepto de resiliencia edáfica

La resiliencia edáfica implica resistencia al disturbio, recuperación rápida y reorganización funcional para mantener la salud del suelo

Impacto de los incendios y sucesión microbiana post-incendio

Impacto severo del incendio

El incendio causa mortalidad microbiana, pérdida de carbono orgánico, alteración del pH y ruptura de redes simbióticas.

Importancia trófica y funcional

El impacto del incendio afecta no solo a las plantas, sino también a las funciones tróficas y ecosistémicas.

Sucesión microbiana post-incendio

La fase saprótrofa domina inicialmente, seguida por colonizadores oportunistas y recuperación simbiótica progresiva.

Estabilidad ecosistémica futura

La trayectoria sucesional microbiana condiciona la estabilidad futura del ecosistema afectado.





Desfase en la recuperación

La regeneración aérea es rápida mientras que la recuperación microbiana ocurre lentamente, creando riesgos estructurales ocultos.



Restauración y función microbial

La restauración influye en la trayectoria microbiana, generando diferentes estados funcionales según las intervenciones aplicadas.



Recuperación visible versus funcional

Lo que se observa en la vegetación no siempre refleja la recuperación *funcional* del ecosistema microbiano.

Técnicas para el estudio del microbioma forestal



Enfoque general: qué queremos medir



- ✓ **Composición taxonómica:** **quién** está (hongos, bacterias, arqueas).
- ✓ **Potencial funcional:** qué **capacidades metabólicas** existen (ciclos C–N–P, degradación, simbiosis, patogenicidad).
- ✓ **Actividad real:** qué **procesos** están ocurriendo (expresión génica, enzimas, respiración).
- ✓ **Estructura espacial:** **dónde** están (rizosfera vs suelo a granel; horizontes; microagregados).
- ✓ **Dinámica temporal:** **cómo cambia** (estacionalidad, sucesión post-incendio, efecto de tratamientos).
- ✓ **Interacciones:** **redes** microbio–microbio y microbio–planta (co-ocurrencia, mutualismos, competencia).

Técnicas basadas en cultivo (microbiología clásica)



Qué aportan: aislamiento de cepas, ensayos funcionales reales, bioprospección.

Aislamiento en medios selectivos:

- ✓ Bacterias heterótrofas, actinobacterias, fijadoras de N, solubilizadoras de P.
- ✓ Hongos saprótrofos, Trichoderma, potenciales patógenos.

Cribados funcionales in vitro:

- ✓ Solubilización de fosfatos, sideróforos, producción de IAA, ACC deaminasa.
- ✓ Antagonismo frente a patógenos (dual culture).
- ✓ Enzimas (celulasas, ligninasas, quitinasas).

Identificación de aislados:

16S/ITS Sanger

Aplicación:

Selección de consorcios PGPR/biocontrol, validación en maceta o microcosmos.

Técnicas de microscopía y cuantificación estructural



Qué aportan: evidencia directa de colonización y estructura, especialmente en micorrizas.

Micorrizas arbusculares (AMF):

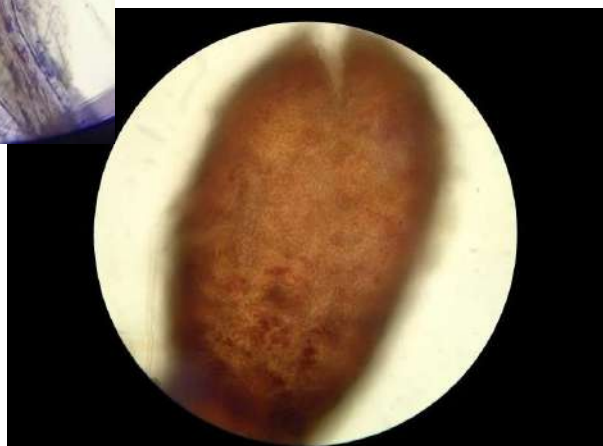
Tinción de raíces (p. ej., azul tripán o alternativas) y % colonización.
Cuantificación de arbusculos/vesículas/hifas.

Ectomicorrizas (ECM):

Tipificación morfológica de puntas micorrícicas.
Cuantificación de abundancia de puntas colonizadas.

Indicadores edáficos estructurales:

Estabilidad de agregados, porosidad, distribución de tamaños de agregados (relación con actividad microbiana).



Limitaciones de métodos clásicos

Limitaciones del cultivo

El cultivo tradicional permite estudiar menos del 5% de la diversidad microbiana presente en muestras ambientales.

Restricciones de microscopía

La microscopía convencional no logra capturar la complejidad y diversidad real de las comunidades microbianas.

Necesidad de herramientas moleculares

Las herramientas moleculares son esenciales para superar las limitaciones y estudiar la diversidad y estructura real de comunidades microbianas.



Técnicas moleculares dirigidas (alta sensibilidad): qPCR



Qué aportan: abundancia absoluta de grupos/genes, no solo proporciones.

Carga microbiana total (quién está)

Copias 16S (bacterias/arqueas), copias ITS (hongos).

Genes funcionales (ejemplos) (quién puede hacer qué)

Nitrificación: amoA (AOB/AOA).

Desnitrificación: nirK/nirS, nosZ.

Fijación N: nifH.

Metanogénesis/oxidación de metano: mcrA, pmoA (según ecosistema).

Ventajas:

Comparación robusta entre tratamientos y tiempos.

Metagenómica— estándar operativo

Definición de Metagenómica

La metagenómica permite secuenciar ADN ambiental para analizar comunidades microbianas completas con alta resolución taxonómica.

Tipos de Análisis Metagenómicos

Amplicon metabarcoding: es un método económico y dirigido. Aporta composición taxonómica detallada y análisis ecológico de comunidades.

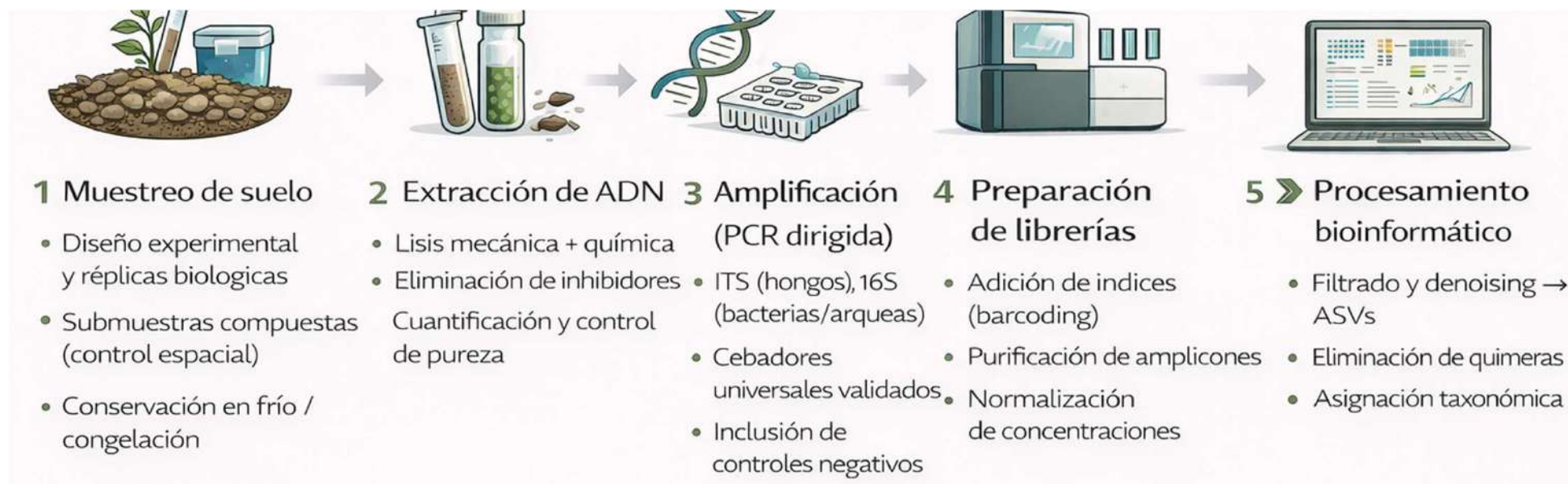
Shotgun: análisis funcional directo. Mayor coste y complejidad

Marcadores Moleculares Clave

ITS se usa para hongos y 16S para bacterias, basándose en regiones conservadas y variables del ADN.



Metagenómica- flujo de trabajo



Bases de datos y asignación taxonómica

¿Cómo sabemos qué microorganismo es cada secuencia?

- Tras obtener las **ASVs (variantes de secuencia)**, comparamos cada una con bases de datos de referencia para asignarles un nombre taxonómico.
- Es un proceso de **comparación y probabilidad**, no una identificación visual directa.

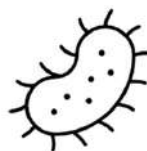


UNITE (hongos – marcador ITS)

- ✓ Base de datos especializada en hongos
- ✓ Curación específica para ecología fúngica
- ✓ Permite asignaciones hasta género o especie cuando la referencia existe

Aspectos a tener en cuenta

- No todas las especies están representadas en las bases de datos
- La resolución a nivel de especie puede ser limitada
- Muchas asignaciones son robustas a nivel de género o familia



RefSeq (bacterias y arqueas – marcador 16S)

- ✓ Base de datos curada del NCBI
- ✓ Secuencias validadas y organizadas taxonómicamente
- ✓ Buena resolución a nivel de género y niveles superiores



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

Procesamiento bioinformático, normalización y limitaciones técnicas

Pipeline Bioinformático

Incluye filtrado de calidad, eliminación de quimeras y asignación taxonómica para garantizar resultados fiables.

Normalización de Datos

Se usan rarefacción y transformaciones para asegurar la comparabilidad entre diferentes muestras.

Limitaciones Técnicas

Incluyen bias de PCR, bases incompletas y funciones inferidas que requieren transparencia metodológica.



Análisis ecológico avanzado del microbioma



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

De la secuencia a la función ecológica



Paso 1: Asignación taxonómica

ASVs → comparación con UNITE (hongos) y RefSeq (bacterias)

Clasificación a nivel de género/especie cuando es posible



Paso 2: Traducción a rasgos funcionales

Uso de **FungalTraits** (Pöhlme et al., 2020) para hongos (adaptado)

Revisión científica para clasificación bacteriana (PGPR y funciones edáficas)



Resultado

Cada taxón se transforma en **unidad funcional ecológica**



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

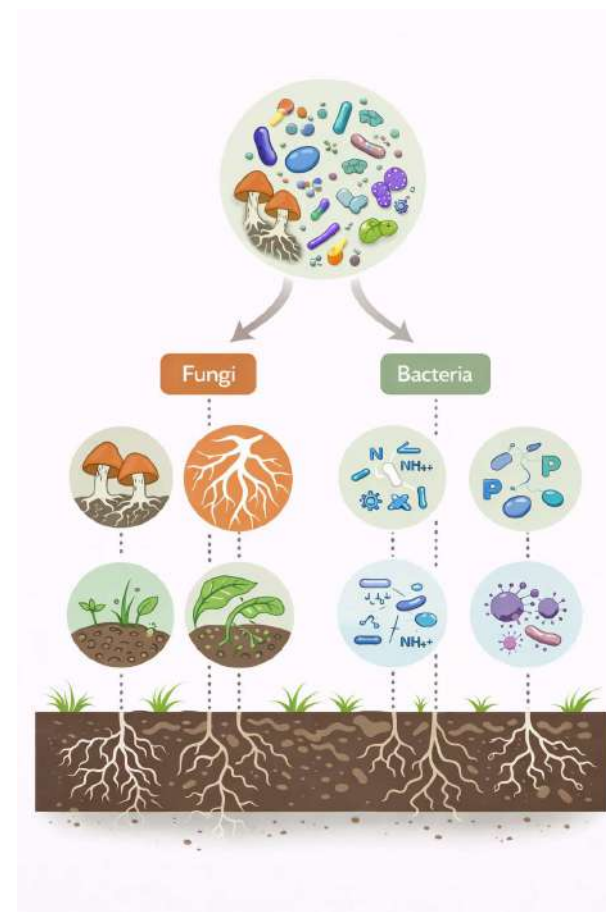
Construcción de perfiles funcionales del suelo

Hongos

- ✓ Ectomicorrícicos
- ✓ Endomicorrícicos (micorrícicos vesículo-arbusculares)
- ✓ Saprótrofos de suelo y madera
- ✓ Patógenos vegetales
- ✓ Endófitos y otros biotrofos

Bacterias

- ✓ Fijadoras de nitrógeno
- ✓ Solubilizadoras de fósforo
- ✓ Productoras de sideróforos
- ✓ Antagonistas de patógenos
- ✓ Otros grupos con potencial PGPR documentado



Diversidad Alfa y su interpretación



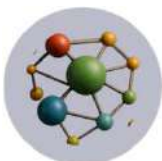
Riqueza

Número total de especies presentes en una comunidad, mide la variedad básica.



Shannon

Índice que combina riqueza y equitatividad, reflejando la incertidumbre al predecir la identidad de una especie al azar.



Simpson

Probabilidad de que dos individuos seleccionados al azar pertenezcan a la misma especie, sensible a especies dominantes.



Evenness

Grado de equidad en la abundancia de especies, indica cuán balanceada está la comunidad.



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA

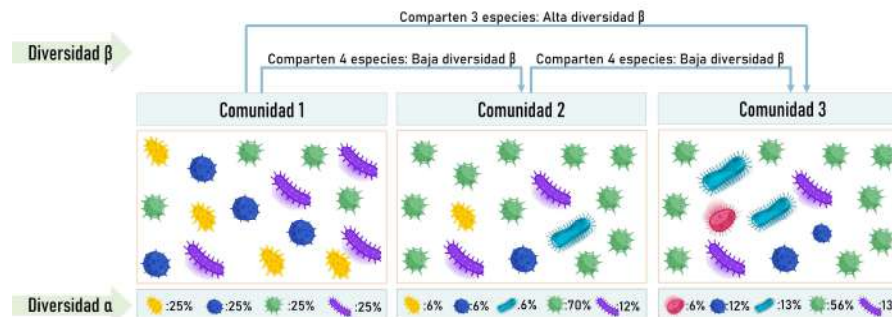


Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

Diversidad Beta: comparación entre comunidades

Índices:

- Bray-Curtis
- Jaccard
- Distancias filogenéticas



¿Qué nos dice un NMDS?

- ✓ Cada punto = una comunidad microbiana
- ✓ La distancia refleja diferencia estructural
- ✓ Agrupaciones indican estados ecológicos similares
- ✓ Separaciones significativas → efecto real del tratamiento

Interpretación ecológica avanzada y resiliencia

Diversidad estructural

- ✓ Riqueza y Shannon
- ✓ Beta-diversidad (Bray-Curtis, NMDS)
- ✓ PERMANOVA para diferencias significativas

Trayectoria funcional

- ✓ Recuperación ectomicorrícica post-disturbio
- ✓ Simplificación o complejización funcional
- ✓ Aparición de patógenos emergentes

Aplicación en gestión forestal

- ✓ Evaluación objetiva de tratamientos
- ✓ Detección de riesgos estructurales ocultos
- ✓ Monitorización de resiliencia edáfica

¿Qué permite este enfoque integrado?

Detectar simplificaciones funcionales ocultas

- ✓ Identifica desequilibrios entre simbioses, descomponedores y patógenos que no son visibles en la vegetación ni en los análisis físico-químicos tradicionales.

Identificar trayectorias sucesionales tras disturbios

- ✓ Permite discernir si el suelo evoluciona hacia una recuperación estructural estable o hacia estados funcionales simplificados y potencialmente inestables.

Evaluar estabilidad y resiliencia edáfica

- ✓ Integra diversidad, estructura funcional y reorganización comunitaria para estimar la capacidad del suelo de mantener procesos clave frente a nuevas perturbaciones.

Fundamentar decisiones de gestión forestal

- ✓ Proporciona indicadores objetivos y comparables que respaldan:
- ✓ Evaluación de tratamientos de restauración
- ✓ Priorización de intervenciones
- ✓ Monitorización adaptativa a medio y largo plazo



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

Grupo funcional	M1	M2	M3	M4	M5
Epífito/endófito	9	8	6	8	4
Endosimbionte animal	2	1	1	1	1
Epífito	3	1	0	2	1
Endófito foliar	2	3	2	3	1
Endófito radicular	2	3	3	2	1
Patógeno	149	182	163	152	120
Parásito de algas	2	3	2	2	1
Parásito animal	25	32	33	24	25
Parásito de líquenes	1	3	2	3	1
Micoparásito	14	7	5	10	7
Trichodermas	9	15	8	9	7
Patógeno vegetal	95	119	110	101	78
Fumaginas	3	3	3	3	1
Saprótrofo	345	384	348	384	285
Saprótrofo de estiércol	16	18	21	20	17
Saprótrofo de hojarasca	61	69	59	81	54
Saprófito de nectar/agua	11	4	8	7	7
Saprótrofo de pollen	7	12	12	13	6
Saprótrofo de suelo	97	108	88	102	70
Saprótrofo inespecífico	96	115	104	106	86
Saprótrofo forestal	57	58	56	55	45
Simbionte	27	38	42	32	31
Endomicorrícicos	9	14	18	10	17
Ectomicorrícicos	9	10	11	9	8
Líquenes	9	14	13	13	6
Sin clasificar	1	2	1	1	2
#N/D	1	2	1	1	2
Total general	531	614	560	577	442



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

HONGOS ENDOMICORRÍCOS

Endomicorrícos	M1	M2	M3	M4	M5
Acaulospora_kentinensis	0	0	0.00637592	0	0
Acaulospora_sp	0	0	0	0.00882379	0
Ambispora_fennica	0	0.10674257	0.01275185	0	0
Ambispora_gerdemannii	0	0	0	0	0.00896861
Archaeospora_schenckii	0	0	0.00956389	0	0
Archaeospora_sp	0.0497661	0	0.01275185	0	0.02690583
Archaeospora_trappei	0	0	0	0.00294126	0
Claroideoglomus_claroideum	0	0	0	0	0.01793722
Claroideoglomus_drummondii	0	0	0	0	0.00896861
Claroideoglomus_etunicatum	0	0.00254149	0	0	0
Claroideoglomus_sp	0	0.00508298	0.03825555	0.01176505	0.03587444
Claroideoglomus_walkerii	0	0.00254149	0.03825555	0	0.05381166
Dominikia_iranica	0	0	0	0.00294126	0
Funneliformis_coronatum	0	0	0.00637592	0	0
Funneliformis_geosporum	0.05474271	0	0.06375925	0.00588253	0
Funneliformis_sp	0	0	0	0	0.00896861
Glomus_aggregatum	0	0	0	0	0.13452915
Glomus_compressum	0	0	0	0	0.01793722
Glomus_indicum	0	0.05337129	0	0	0
Otospora_bareae	0.00497661	0	0.10520275	0.0235301	0.17040359
Pacispora_scintillans	0.01492983	0	0	0	0
Palaeospora_spainiae	0.13934508	0.00254149	0.03187962	0.00294126	0.00896861
Paraglomus_laccatum	0.04478949	0	0.06694721	0.03235389	0
Paraglomus_sp	0.06469593	0.0254149	0.09882683	0.31177388	0
Racocetra_sp	0	0.00762447	0	0	0
Rhizophagus_fasciculatus	0	0.04066384	0	0	0.01793722
Rhizophagus_intraradices	0	0	0	0	0.01793722
Rhizophagus_irregularis	0.05971932	0.2007777	0.00318796	0	0.00896861
Rhizophagus_sp	0.00995322	0	0.00637592	0	0.00896861
Septoglomus_jasnowskiae	0	0	0	0	0.00896861
Septoglomus_sp	0	0.01270745	0	0	0
Septoglomus_viscosum	0	0	0	0	0.04484305
Total general	0.44291828	0.75228099	0.61208875	0.40589429	0.60089686



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



**GOBIERNO
DE ESPAÑA**



**Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural**

TRICHODERMAS

Trichodermas	M1	M2	M3	M4	M5
Trichoderma_amazonicum	0	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_arundinaceum	0	0.00508298	0	0.00588253	0
Trichoderma_barbatum	0.02488305	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_chromospermum	0	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_citrinoviride	0	0	0.00956389	0	0
Trichoderma_crassum	0	0	0	0.00588253	0
Trichoderma_gelatinosum	0.01492983	0.0254149	0.02231574	0.02058884	0.08071749
Trichoderma_harzianum	0	0.07624469	0.05738332	0.00294126	0
Trichoderma_inhamatum	0.03981288	0.03812235	0.03825555	0.04117768	0.03587444
Trichoderma_martiale	0.02488305	0.02033192	0.02231574	0	0.14349776
Trichoderma_neokoningii	0.32347965	0.11436704	0.3889314	0.36471661	0.53811659
Trichoderma_parepimyces	0	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_petersenii	0	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_saturnisporum	0	0.00508298	0.00318796	0.055884	0.22421525
Trichoderma_sinuosum	0.02488305	0	0	0	0.01793722
Trichoderma_spirale	0.01492983	0.10420108	0.07013517	0.12353305	0
Trichoderma_stellatum	0	0	0	0	0.28699552
Trichoderma_stramineum	0.00995322	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_theobromicola	0	0.00254149	0	0	0
Trichoderma_velutinum	0.00497661	0	0	0	0
Trichoderma_virens	0	0	0	0.00294126	0
Total general	0.48273116	0.40663837	0.61208875	0.62354775	1.32735426



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

BACTERIAS PGPR

Géneros PGPR	M1	M2	M3	M4	M5
Achromobacter	0.03326326	0.00088585	0.01546199	0.00634035	0.00393988
Acinetobacter	0	0.00088585	0.00081379	0	0
Aeromonas	0.00266106	0	0	0	0
Arthrobacter	0.16897735	0.2453803	0.22786087	0.44110721	0.17532455
Azoarcus	0.00133053	0.00442925	0	0	0.00492485
Azorhizobium	0.00133053	0	0	0	0
Azospirillum	0.00665265	0.02303209	0.02604124	0.02626716	0.00984969
Azotobacter	0	0	0	0	0.00492485
Bacillus	2.13284015	2.58579452	1.36553767	2.61765878	2.46242342
Beijerinckia	0.00133053	0.00265755	0.00081379	0.02445564	0.00098497
Bradyrhizobium	0.00532212	0.00442925	0.00406894	0.00543459	0
Burkholderia	0.45371085	0.48278795	0.20832994	0.4057824	0.05417332
Caulobacter	0.02128849	0.01860284	0.00651031	0.01358646	0.00689479
Chromobacterium	0.00798318	0.0017717	0.0073241	0.00181153	0.00689479
Comamonas	0.02394955	0.0053151	0.01383441	0.00724611	0.00689479
Delftia	0	0	0	0.00090576	0
Flavobacterium	0.19691849	0.0770689	0.11148907	0.0634035	0.06303804
Mesorhizobium	0	0.0017717	0.00162758	0.00181153	0
Methylobacterium	0.24215652	0.18514253	0.10253739	0.20198544	0.03348896
Microbacterium	0.35126001	0.04783587	0.12613727	0.20017391	0.18418927
Paenibacillus	0.91673541	0.92394097	0.65998275	0.85141843	0.58901168
Pantoea	0.01463583	0.00265755	0.00081379	0.00090576	0.00098497
Pseudomonas	0.01064424	0.01683114	0.01139304	0.02898446	0.00098497
Rhizobium	0.08249288	0.07263965	0.04964112	0.06159197	0.12804602
Serratia	0	0	0	0.00181153	0
Streptomyces	0.3858538	0.76448807	0.68358262	0.66301946	0.64909481
Variovorax	0.1623247	0.11073118	0.09521329	0.17481251	0.14282056
Xanthomonas	0.00133053	0	0.00081379	0	0
Total general	5.22499268	5.57907978	3.71982878	5.80051447	4.52888915



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



**GOBIERNO
DE ESPAÑA**



**Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural**

Grupo funcional	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10
Epifito/endofito	5	3	1	2	2	4	6	5	9	8
endosimbionte_animal	3	2	0	0	2	2	4	3	5	4
endófito_foliar	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0
endófito_radicular	0	0	0	2	0	2	1	2	2	3
epífito	2	0	1	0	0	0	0	0	1	1
Patógeno	63	39	60	54	71	63	127	91	112	124
entomopatógeno	3	4	2	1	0	4	12	7	12	9
fumagina	1	0	0	2	2	2	3	2	4	4
micoparásito	2	1	4	1	5	5	5	5	6	3
parásito_algas	1	2	1	0	0	1	2	1	2	1
parásito_animal	3	3	4	1	5	5	12	4	6	10
parásito_protista	1	0	1	1	1	0	2	1	1	2
parásito_líquenes	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
patógeno_vegetal	51	28	45	46	57	45	89	69	86	93
trichodermas	1	1	3	2	1	1	1	2	1	2
Saprótrofo	137	114	110	102	131	130	257	159	242	213
saprótrofo_estiércol	7	7	12	6	9	6	17	10	17	15
saprótrofo_hojarasca	26	18	19	24	19	27	54	33	52	38
saprótrofo_inespecificado	45	30	31	32	48	42	67	44	70	57
saprótrofo_madera	12	11	11	13	16	22	45	26	43	43
saprótrofo_nectar/agua	7	2	3	3	6	5	5	4	7	4
saprótrofo_polen	4	5	6	3	3	5	7	6	7	5
saprótrofo_suelos	36	41	28	21	30	23	62	36	46	51
Simbionte	5	2	5	5	5	8	19	7	18	12
ectomicorrícico	1	0	1	1	1	0	4	1	2	3
endomicorrícico	1	0	2	2	4	3	6	2	11	4
liquenizado	3	2	2	2	0	5	9	4	5	5
TOTAL	210	158	176	163	209	205	409	262	387	357

Hongos endomicorrícicos	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10
Acaulospora_ignota	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,012
Claroideoglomus_sp	0	0	0	0	0	0	0,015	0	0	0
Dominikia_achra	0	0	0	0	0	0	0,008	0	0,043	0
Dominikia_bernensis	0	0	0	0	0	0	0,046	0	0,069	0
Dominikia_difficilevidera	0	0	0	0	0,092	0	0	0	0,009	0
Dominikia_disticha	0	0	0	0	0,031	0	0	0	0,034	0
Dominikia_duoreactiva	0	0	0	0	0	0	0,031	0,049	0,155	0
Funneliformis_coronatum	0	0	0	0	0	0	0,031	0	0	0
Glomus_aggregatum	0	0	0	0	0	0,180	0	0	0,155	0,012
Glomus_indicum	0	0	0	0	0	0	0	0	0,009	0
Glomus_sp	0	0	0	0	0,031	0	0,031	0	0,026	0,023
Rhizophagus_irregularis	0,034	0	0,036	0,098	0,062	0	0	0	0,017	0
Rhizophagus_sp	0	0	0,071	0,049	0	0	0	0	0	0,012
Septoglomus_constrictum	0	0	0	0	0	0,030	0	0	0,009	0
Septoglomus_sp	0	0	0	0	0	0,120	0	0	0	0
Septoglomus_viscosum	0	0	0	0	0	0	0	0,049	0,180	0
TOTAL	0,034	0	0,107	0,147	0,216	0,330	0,160	0,098	0,705	0,058



**Cofinanciado por
la Unión Europea**



GOBIERNO
DE ESPAÑA



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural

Casos de estudio: regeneración del microbioma post-incendio



Caso práctico 1 – Restauración post-incendio

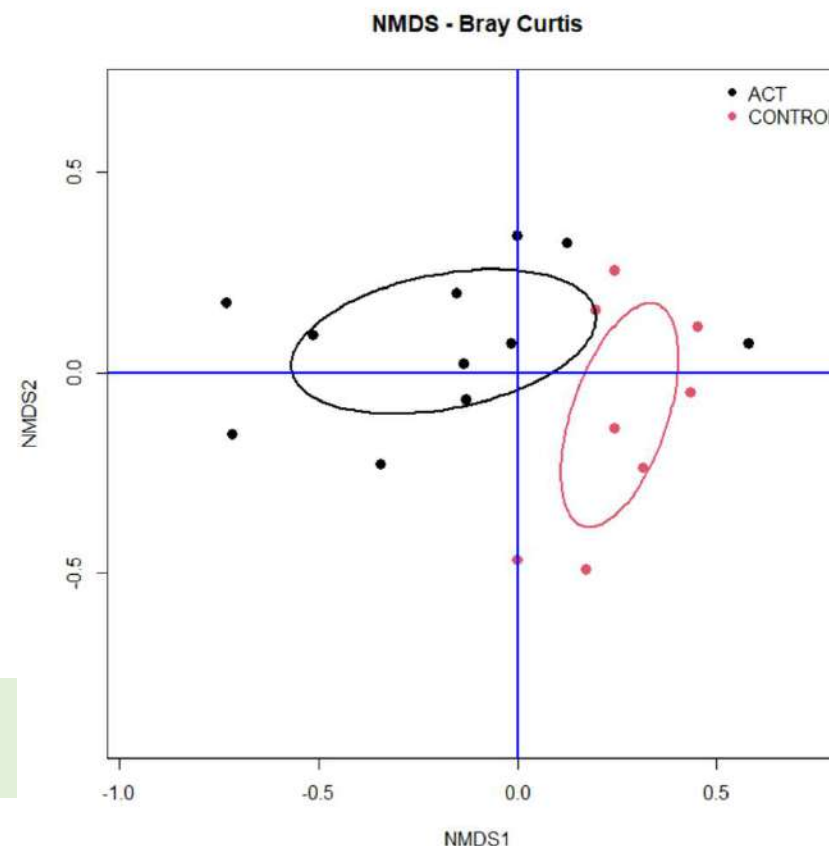
Diseño comparativo:

- ✓ Control con arbolado (CCAM)
- ✓ Control sin arbolado (CSAM)
- ✓ Repoblación *Pinus nigra* (RPM)
- ✓ Repoblación *Juniperus* (RJM)
- ✓ Albarradas (AM)

¿Qué permitió detectar el análisis ecológico avanzado?

- ✓ Diferencias significativas en riqueza y diversidad (ANOVA significativo)
- ✓ Mayor reconstrucción microbiana en repoblación de *Pinus nigra*
- ✓ Simplificación estructural en zonas sin arbolado
- ✓ Separación clara en NMDS entre zonas intervenidas (ACT) y controles

La restauración activa no solo incrementó la diversidad, sino que modificó la estructura funcional del microbioma.



Caso práctico 1 – Restauración post-incendio

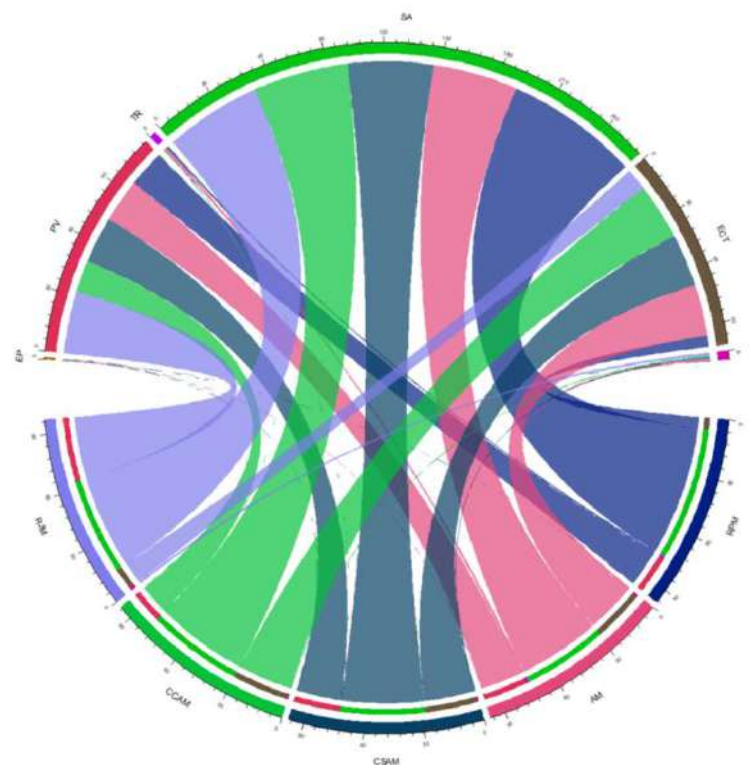
Interpretación ecológica

Hallazgos funcionales relevantes:

- ✓ Dominancia de saprótrofos en fases iniciales
- ✓ Recuperación ectomicorrícica asociada a presencia de arbolado
- ✓ Mayor complejidad funcional en zonas intervenidas
- ✓ Trayectorias sucesionales diferenciadas

Evidencia estadística:

- ✓ Riqueza y Shannon significativamente superiores en zonas con actuación
- ✓ Reorganización comunitaria detectable mediante NMDS



Caso práctico 2 – Técnicas de restauración post-incendio

Diseño comparativo:

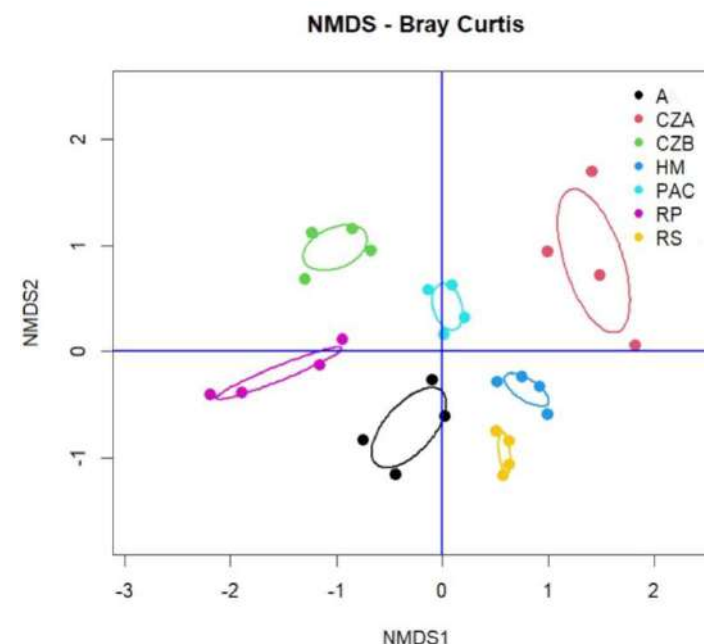
- ✓ Pinar adulto control (PAC)
- ✓ Helimulching (HM)
- ✓ Repoblación *P. sylvestris* (RS)
- ✓ Repoblación *P. pinea* (RP)
- ✓ Albarradas (A)
- ✓ Controles zona alta (CZA)
- ✓ Control zona baja (CZB)

Resultados clave:

- ✓ Pinar adulto mantiene máxima riqueza y diversidad
- ✓ Diferencias significativas entre tratamientos (ANOVA $p = 0.0028$)
- ✓ Efecto altitudinal claro en NMDS (gradiente estructural)
- ✓ Intervenciones post-incendio generan separación funcional detectable

Eje 2: Intervención

Gradiente de manejo humano: de natural a fuertemente gestionado.



Eje 1: Altitud

Altitud como principal componente del gradiente ambiental

¿Qué demuestran estos casos?

El análisis ecológico avanzado permite:

- Detectar simplificaciones funcionales invisibles
- Identificar trayectorias sucesionales reales
- Evaluar estabilidad edáfica post-incendio
- Comparar objetivamente tratamientos de restauración

Implicación para gestión forestal

- El microbioma del suelo puede utilizarse como:
- Indicador temprano de recuperación
- Herramienta comparativa entre estrategias
- Sistema de monitorización adaptativa
- Base científica para decisiones técnicas

CONCLUSIONES

El microbioma es un componente estructural del ecosistema forestal: No es un indicador accesorio, sino la base funcional de los ciclos biogeoquímicos y la resiliencia.

La diversidad taxonómica no es suficiente: La interpretación funcional permite detectar:

- ✓ Simplificaciones invisibles
- ✓ Desequilibrios simbióticos
- ✓ Trayectorias sucesionales divergentes

La restauración modifica la estructura microbiana: Los tratamientos no solo cambian la vegetación, reorganizan el microbioma y condicionan la estabilidad futura.

La metagenómica aplicada permite gestión basada en evidencia: El microbioma puede utilizarse como:

- ✓ Indicador temprano de recuperación
- ✓ Herramienta comparativa entre intervenciones
- ✓ Sistema de monitorización adaptativa

La gestión forestal del futuro deberá integrar la dimensión microbiana para garantizar estabilidad ecosistémica a largo plazo.

Muchas gracias

Contacto: jaime@idforest.es



Cofinanciado por
la Unión Europea



GOBIERNO
DE ESPAÑA



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Ilustre Colegio Oficial de Ingenieros
Técnicos Forestales y Graduados en
Ingeniería Forestal y del Medio Natural