

Convocatoria de ayuda a proyectos de investigación liderados por jóvenes investigadores (5ª ed., 2015)

1. Datos de identificación.

Título de la propuesta	Ruta hacia lo desconocido: ensamblaje de comunidades de costra biológica en el matorral mediterráneo desde una perspectiva filogenética
Categoría	Ganando independencia
Nombre y apellidos del Beneficiario	Laura Concostrina Zubiri
Datos de contacto: e-mail y teléfono	laura.concostrina@urjc.es
Departamento/Instituto/Grupo de Investigación/Otros	Departamento de Biología, Universidad Rey Juan Carlos
Dirección, código postal, provincia	C/ Tulipán s/n, 28933

2. Memoria Técnica. Actividades y resultados de investigación

2.1. Introducción (Planteamiento, objetivos y justificación)

La estructura filogenética de las comunidades es al mismo tiempo reflejo de mecanismos ecológicos, evolutivos y genéticos, y una forma de entender el futuro de las comunidades respecto a su composición y función en el ecosistema. Esta herramienta innovadora se ha aplicado en comunidades de plantas y microorganismos con éxito [1]. En cambio, no existe información para otros grupos clave del ecosistema, como es el caso de la costra biológica del suelo en las regiones áridas. La costra biológica del suelo ha sido identificada como uno de los componentes más abundantes, diversos y relevantes de los ecosistemas áridos. Esta consiste en la asociación de líquenes, musgos y cianobacterias de suelo, principalmente, viviendo en la capa superficial del suelo [2]. Destaca su papel en la protección del suelo frente a la erosión, en los ciclos biogeoquímicos y en las interacciones con otros componentes del ecosistema como plantas y microorganismos del suelo [3]. A pesar de los grandes avances en el conocimiento de la ecología de costra, no existe ningún estudio que evalúe su diversidad en sistemas complejos, a varias escalas simultáneamente y utilizando herramientas innovadoras, como la biología filogenética. El objetivo general del proyecto fue entender la relación entre la estructura filogenética de las comunidades de costra biológica del

matorral mediterráneo y los factores ambientales a diferentes escalas espacio-temporales. Los objetivos específicos del proyecto fueron O1) caracterizar la estructura filogenética de las comunidades de costra, y O2) identificar los factores ambientales e históricos que influyen en la estructura filogenética de las comunidades de costra. El proyecto se desarrolló en un ecosistema de matorral mediterráneo en suelos yesos y enfocándose en la costra líquénica ya que en estos sistemas este tipo de costra es la más conspicua, abundante y donde alcanza valores máximos de diversidad y cobertura (hasta 75-85%) [4].

2.2. Descripción de la ejecución- Metodología

Para la consecución del objetivo general de este proyecto, el estudio se desarrolló a cabo en un ecosistema de matorral mediterráneo (ca. 11 km x 6 km) situado en las proximidades de Belinchón, Cuenca. Este ecosistema reúne ciertas características que permiten recoger multitud de factores ambientales a varias escalas espacio-temporales. Primero, el sistema está formado por fragmentos de matorral mediterráneo entre los cuales se seleccionaron aquellos que formaban un amplio gradiente de conectividad y distancia a la carretera, y con diferente evolución histórica (aumento-disminución de área en los últimos 30 años). Segundo, los fragmentos presentan una variedad de comunidades vegetales y propiedades físico-químicas del suelo que permiten estudiar la influencia de factores ambientales a pequeña escala. La presencia y abundancia de las especies de costra presentes en el sitio de estudio fueron caracterizadas en un trabajo previo [5].

Para cumplir los objetivos específicos del proyecto actual se siguió la siguiente metodología:

O1) Para caracterizar la estructura filogenética de las comunidades de costra, primeramente se construyó la filogenia de la comunidad con las secuencias ya disponibles en GenBank y las generadas en este proyecto. Para ello se colectó material fresco de dichas especies en campo y se analizó en laboratorio posteriormente siguiendo una metodología ya establecida [6]. Después se utilizó el software MAFFT ver. 7 y MacClade ver. 4.01 para la alineación y ajuste de secuencias. Con esta información, se pudo calcular la distancia filogenética media (Mean Phylogenetic Distance, MPD), la distancia media al taxón más cercano (Mean Distance to the Nearest Taxon, MNTD) y la medida estandarizada de ambas

distancias (Nearest Taxon Index, NTI, and Net Relatedness Index, NRI) en las comunidades de costra biológica de estudio. Para ello se usaron los paquetes *picante* y *melodic* del software libre R (<https://cran.r-project.org>).

O2) Para identificar los factores ambientales e históricos que influyen en la estructura filogenética de las comunidades de costra, se utilizaron modelos generalizados mixtos, separadamente para i) las variables de paisaje espaciales; conectividad y distancia a la carretera, y ii) temporal; evolución histórica los fragmentos, iii) las variables a nivel local; composición y cobertura total de la comunidad vegetal, y iv) las propiedades físico-químicas del suelo. Se utilizó el software R para la evaluación de los modelos.

Debido a que los modelos utilizados para evaluar los efectos ambientales e históricos en los índices filogenéticos seleccionados inicialmente resultaron no significativos, se replanteó la metodología de estudio para el presente proyecto. De esta manera, se evaluó finalmente de forma conjunta la influencia de los factores ambientales sobre la diversidad funcional de la costra y sobre la diversidad filogenética y taxonómica de la misma. Para ello, se utilizó la herramienta de análisis estadístico basada en el “Structural Equation Modelling” (SEM). Esta herramienta permite analizar simultáneamente efectos y respuestas entre distintas variables de interés, evaluar efectos directos e indirectos e inferir la causa de cambios en las variables de interés [7, 8]. El primer paso en la aplicación de SEM es tener un esquema conceptual previo de las relaciones causales a evaluar. Para este estudio, el esquema conceptual (Fig. 1) se basó en los resultados de Concostrina-Zubiri et al. [5] y en los resultados preliminares del presente proyecto (i.e., evaluación de la influencia de los factores ambientales exclusivamente en la diversidad filogenética).

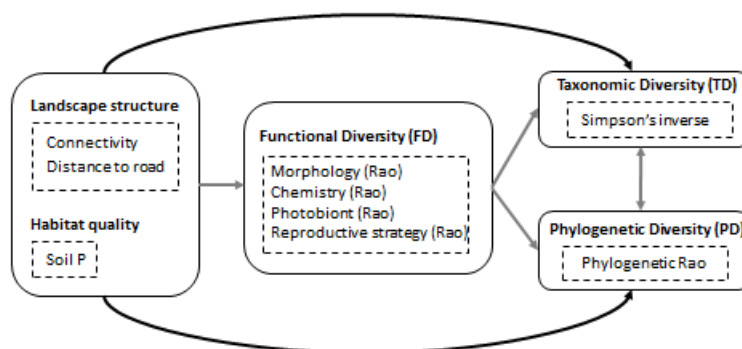


Fig. 1. Esquema conceptual *a priori* de las relaciones causales hipotéticas entre factores ambientales, diversidad funcional y diversidades filogenética y taxonómica.

Los factores ambientales a evaluar quedaron limitados a conectividad, distancia a la carretera y concentración de P en el suelo (Fig. 1) por ser factores de interés y por encontrarse el resto de factores medidos altamente correlacionados con el total de factores en la matriz de datos ambientales. Se decidió además incluir la diversidad funcional y la taxonómica en el presente estudio para poder explicar mejor las relaciones complejas entre los factores ambientales y la diversidad filogenética. La diversidad funcional para las categorías morfología, química, fotobionte y estrategia de reproducción de las especies presentes en las comunidades de costra se calculó mediante el índice de entropía cuadrática de Rao [9]. La diversidad taxonómica estaba representada por el índice recíproco de Simpson ($1/D$), donde D es $1/\sum p_i^2$ y p_i es la abundancia proporcional de especies en cada unidad de muestreo. Tanto en el caso de la diversidad funcional como en el de la diversidad taxonómica, a mayor valor del índice Rao y del $1/D$, mayor diversidad.

2.3. Resultados obtenidos (cumplimiento de objetivos)

El desarrollo de este proyecto ha permitido generar nuevo conocimiento de alta relevancia en los campos de la filogenética, el ensamblaje de comunidades y los efectos del cambio global en las comunidades de costra biológica del suelo. En particular, y haciendo relación a los objetivos específicos se obtuvo:

1.) El primer árbol filogenético conocido de comunidades de costra (Fig. 2).

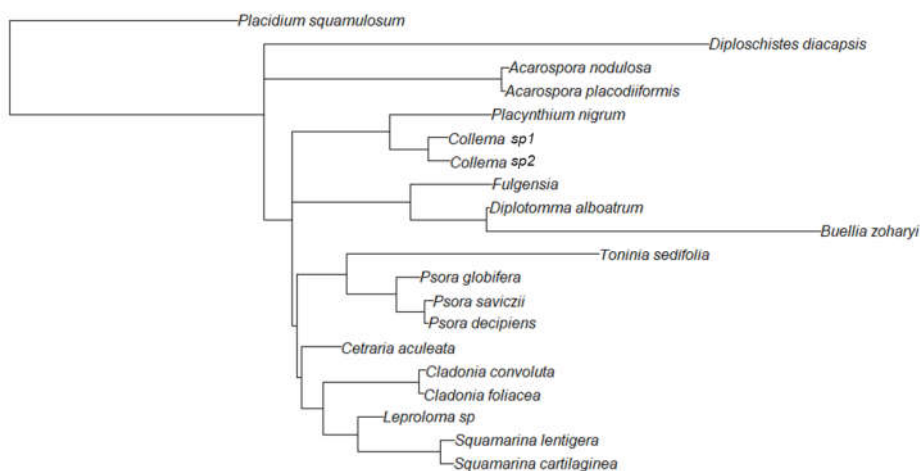


Fig. 2. Árbol filogenético de las especies presentes en el ecosistema de estudio.

2.) La primera evidencia conocida de las relaciones existentes entre factores ambientales asociados a un paisaje fragmentado y las diferentes componentes de la diversidad en comunidades de costra (i.e., taxonómica, funcional y filogenética) (Fig. 3). Gracias a este análisis, se detectaron relaciones significativas tanto positivas como negativas entre los factores ambientales (i.e., conectividad, distancia a la carretera y P en el suelo) y la diversidad funcional para las cuatro categorías estudiadas (i.e., morfología, química, fotobionte y estrategia de reproducción) y la diversidad filogenética. A su vez, la diversidad funcional para tres de las cuatro categorías mostró un importante efecto tanto en la diversidad taxonómica como en la filogenética. Cabe resaltar el efecto observado para la diversidad de compuestos químicos presentes en los líquenes de la costra y la diversidad filogenética ($r^2=0.62$) y la influencia que la diversidad filogenética tiene a su vez sobre la diversidad taxonómica ($r^2=0.39$, Fig. 3).

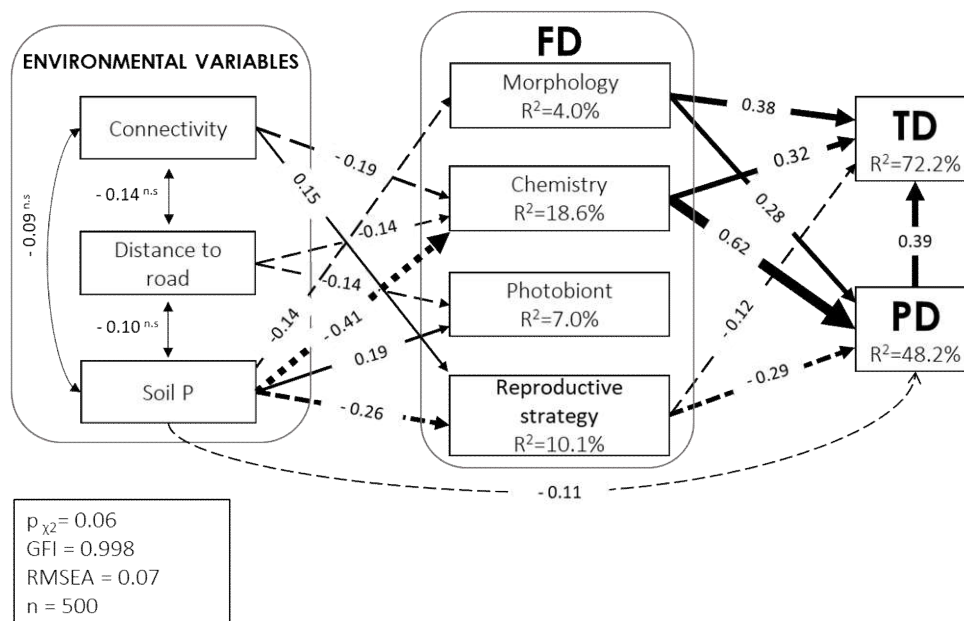


Fig. 3. Relaciones causales significativas resultantes del análisis mediante SEM.

2.4. Conclusiones y valoración de la ejecución

Las comunidades de costra biológica dominadas por líquenes en sustratos de yesos son unas de las más diversas que existen y la respuesta de esta diversidad a factores de cambio global como la fragmentación del hábitat está aún poco estudiada. En este

proyecto se ha demostrado la existencia de importantes relaciones causales significativas entre el estado de fragmentación -y la calidad de hábitat asociada al estado de fragmentación- y la diversidad filogenética de comunidades de costra biológica. En particular, destaca el hecho de que los factores ambientales asociados a la fragmentación no resultaron tener un efecto significativo sobre la diversidad filogenética de la costra al ser analizados de forma aislada, mientras que al evaluar el efecto de los mismos sobre la diversidad funcional sí se pudo observar un importante efecto indirecto significativo sobre la diversidad filogenética, mediado por cambios en la diversidad funcional. Específicamente, cambios en la diversidad de compuestos químicos implican cambios en la diversidad filogenética, posiblemente debido a la función de regulación biológica que estos pueden ejercer sobre otras especies de costra y otros organismos [10], y a su efecto sobre procesos relacionados con los ciclos de nutrientes, lo que puede afectar a su vez en modificación de procesos de reparto de nicho de las especies de costra.

Estos resultados ponen de manifiesto las complejas relaciones existentes entre la estructura y calidad del hábitat, diferentes componentes de la diversidad de las comunidades que lo habitan y las posibles consecuencias de un incremento de fenómenos como la fragmentación en el ensamblaje de comunidades y su papel funcional en el ecosistema. Estos hallazgos ayudarán además a entender mejor los mecanismos de ensamblaje de las comunidades de costra en un escenario de cambio global y los posibles feedbacks a nivel del ecosistema.

En lo referente a la ejecución del proyecto, fue necesario pedir una prórroga extensa para la finalización del proyecto debido a circunstancias personales y quiero agradecer la comprensión de la junta de la AEET al aprobarla. A pesar de este hecho, el proyecto se ha desarrollado exitosamente, cumpliendo los objetivos planteados e incluso ampliando el alcance de los resultados esperados inicialmente. Se ha generado conocimiento inédito en los campos de filogenia y ecología de la costra, con la publicación y divulgación del mismo, y se han creado de nuevas y fructíferas relaciones de investigación con las investigadoras María Prieto y Pilar Hurtado – Universidad Rey Juan Carlos– expertas ambas en comunidades líquénicas epífitas. La metodología empleada, los resultados obtenidos y la divulgación de los mismos no se habrían podido llevar a cabo sin la financiación otorgada por la AEET en la presente convocatoria.

2.5. Publicaciones resultantes

- 1.) Los resultados de este proyecto serán presentados en el XXII Congreso de Botánica Criptogámica a celebrarse en Lisboa el próximo 23 a 26 de julio de 2019. En dicho congreso expondré los principales resultados de este proyecto en forma de presentación oral en la sesión de Cambio Global (Anexo I).
- 2.) La totalidad de los resultados generados serán además enviados en forma de artículo de investigación a la revista científica internacional revisada por pares de alto impacto PLOS ONE. Actualmente me encuentro trabajando en el borrador de dicho artículo y espero poder enviarlo en el plazo máximo de dos meses.

2.6. Referencias

- [1] Webb et al. (2002). Phylogenies and community ecology. Annual review of ecology and systematics, 33(1), 475-505; [2] Belnap et al. (2003) Biological Soil Crusts: Structure, Function, and Management. Springer Verlag, Berlin, Germany; [3] Bowker et al. (2010) Biological crusts as model system for examining the biodiversity-ecosystem function relationship in soils. Soil Biology and Biochemistry 42: 405-417; [4] Concostrina-Zubiri et al. (2014). The influence of environmental factors on Biological soil crust: from a community perspective to a species level approach. Journal of Vegetation Science 25: 503-513; [5] Concostrina-Zubiri et al. (2018). Lichen-biocrust diversity in a fragmented dryland: Fine scale factors are better predictors than landscape structure. Science of the Total Environment 628: 882-892; [6] Prieto et al. (2013) Mazaedium evolution in the Ascomycota (Fungi) and the classification of mazaediate groups of unclear relationship. Cladistics 29: 296-308; [7] Grace (2006). Structural Equation Modeling and Natural Systems. Cambridge University Press, New York, NY; [8] Grace (2008). Structural Equation Modeling for Observational Studies. The Journal of Wildlife Management, 72: 14-22; [9] Rao (1982). Diversity and dissimilarity coefficients – A unified approach. Theoretical Population Biology 21: 24-43, [10] Molnár, K., & Farkas, E. (2010). Current results on biological activities of lichen secondary metabolites: a review. Zeitschrift für Naturforschung C 65: 157-173.

3. **Informe de gastos del proyecto.** Relación de partidas de gastos y sus importes. Se deberán aportar justificantes originales de los pagos realizados (tickets, recibos o facturas). A continuación se detallan las partidas de gastos y sus importes (Tabla 1). La totalidad de los gastos finales depende de la aceptación en la revista en la que se pretenden publicar los resultados. En caso de que los gastos finales totales supongan una cuantía inferior a la otorgada en la convocatoria se procederá a la devolución de la diferencia a la AEET.

Tabla 1. Relación de partidas de gastos y sus importes.

Trabajo de campo			
Concepto	Cantidad	Importe euros/unidad	Total
Media dieta (3 días)	3	18.70	56.10
Kilometraje vehículo propio (3 viajes i/v)	600	0.19	114.00
Análisis de genómica			
Empresa	Cantidad	Importe euros/unidad	Total
Macrogen	2	300	600
Divulgación de resultados			
Revista científica (por confirmar)	Cantidad	Importe euros/unidad	Total
PLOS ONE	1	1421	1421
TOTAL			
2227.1			