

Madrid, lunes 31 de marzo de 2025

La ‘domesticación’ de comunidades bacterianas naturales podría impulsar sus aplicaciones biotecnológicas

- Un estudio con participación del CSIC muestra la alta predictibilidad del comportamiento de los ecosistemas microbianos en condiciones controladas, lo que abre la puerta a su uso en aplicaciones industriales y ecológicas
- El trabajo supone un avance en el estudio de estas comunidades, que viven en la naturaleza sin intervención humana y cuya dinámica compleja dificulta la comprensión sobre su impacto en el ecosistema



En las raíces de la haya común se crean estanques donde habitan las comunidades bacterianas naturales.

Las comunidades bacterianas naturales son esenciales para la vida en la Tierra y tienen una enorme diversidad e influencia en el ecosistema que habitan. Hasta ahora, comprender sus cambios a lo largo del tiempo y su influencia en el ecosistema ha sido un reto debido a su complejidad y naturaleza dinámica.

Un nuevo estudio realizado por un equipo internacional liderado por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y el Imperial College de Londres ha aplicado un

original enfoque en el estudio de la dinámica de las comunidades bacterianas naturales, aquellas que existen en el medio ambiente o en otros organismos sin intervención humana. Las conclusiones del estudio abren la puerta a su posible utilización para fines biotecnológicos, ya que se ha podido demostrar la viabilidad de su *domesticación* en condiciones de laboratorio. Los resultados de esta colaboración con la ETH-Zürich, la Universidad Metropolitana de Manchester y la Universidad de Exeter se publican en la revista científica *Nature Communications*.

Los enfoques actuales de la ecología microbiana suelen centrarse en las condiciones ambientales que determinan las comunidades microbianas o en los papeles funcionales que desempeñan determinados microbios. Sin embargo, no se ha conseguido tender un puente entre la composición de la comunidad y la función del ecosistema. **Alberto Pascual-García**, investigador del CSIC en el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) y primer autor del trabajo afirma que “la complejidad inherente a los ecosistemas microbianos siempre ha supuesto un reto para la ciencia, ya que las comunidades microbianas no son estáticas; están en constante variación, influidas por diversos factores. En este sentido, nuestra investigación busca entender los límites de la predictibilidad y reproducibilidad en esta variación y desarrollar protocolos y teoría científica para manipular y controlar estos sistemas”.

Para ello, la investigación ha explorado cómo las comunidades bacterianas naturales que albergan cientos de especies -a pesar de su variabilidad inherente- pueden mostrar trayectorias reproducibles en condiciones estandarizadas, tanto en su composición como en su potencial funcional, en particular en su capacidad de degradación. Estas conclusiones sugieren que, en condiciones controladas, los ecosistemas microbianos complejos pueden mostrar un alto grado de predictibilidad, lo que abre posibilidades de manipulación en aplicaciones industriales y ecológicas.

Sin embargo, al mismo tiempo, el estudio pone de relieve que, incluso en un entorno controlado, pequeñas diferencias en la composición inicial de las comunidades microbianas pueden conducir a resultados diferentes. Estos *puntos de inflexión*, en los que pequeños cambios se amplifican con el tiempo, dan lugar a trayectorias divergentes tanto en la composición de la comunidad como en la función del ecosistema.

Thomas Bell, investigador del Imperial College de Londres destaca que “el fenómeno de los puntos de inflexión fue especialmente sorprendente” ya que, “nos recuerda que, aunque los ecosistemas microbianos pueden ser predecibles en algunas condiciones, están sujetos a dinámicas complejas y no lineales. Esta doble naturaleza es a la vez un reto y una oportunidad para quienes trabajan en el aprovechamiento de las comunidades microbianas para aplicaciones biotecnológicas”.

Un enfoque novedoso en el estudio de comunidades bacterianas

El equipo de investigación ha demostrado la viabilidad en la *domesticación* de estas comunidades a través de la congelación y resurrección de cientos de comunidades bacterianas naturales dando lugar a una librería o archivo de comunidades reutilizables en futuras aproximaciones experimentales.

Para elaborar el estudio, se utilizaron comunidades bacterianas heterótrofas - aquellas que se alimentan de otros organismos - implicadas en la degradación de la hojarasca de haya común (*Fagus sylvatica*). Dado que estas comunidades habitan en cavidades de las raíces superficiales de las hayas en las que se almacena el agua, creando estanques en miniatura, los investigadores replicaron este ecosistema preparando un medio de cultivo adaptado a las condiciones que se dan en la naturaleza; utilizando una infusión o té elaborado con hojas de haya. Este método estandarizado permitió observar cómo se comportaban las comunidades replicadas en condiciones idénticas a lo largo del tiempo. Al eliminar la variabilidad ambiental externa, se pudo estudiar únicamente sus propiedades intrínsecas.

Asimismo, la utilización de secuenciación masiva de ADN de última generación y mediciones funcionales para seguir los cambios en la composición y funcionamiento de la comunidad ha permitido un nivel de descripción sin precedentes para entender cómo se desarrollan, estabilizan y responden las comunidades microbianas complejas a las diferencias iniciales de composición.

Oportunidades y retos futuros

En cuanto a las oportunidades, **Damian Rivett**, investigador de la Universidad Metropolitana de Manchester subraya que “este estudio aporta los conocimientos básicos necesarios para pasar de la observación a la aplicación. Tanto si hablamos de reducir las emisiones de gases de efecto invernadero mediante la gestión microbiana como de mejorar la salud humana, ambos dependen del control de la dinámica y las funciones de las comunidades. Este estudio supone un paso decisivo para colmar esa laguna de conocimientos”.

Por otro lado, Alberto Pascual-García, investigador del CNB- CSIC, señala los desafíos que aún persisten. Explica que los hallazgos del estudio “ponen de relieve tanto la viabilidad como las limitaciones de la predicción de funciones en comunidades microbianas complejas” ya que “las comunidades más simples a menudo muestran una relación uno a uno entre composición y función, pero las comunidades más complejas exigen una exploración más exhaustiva para comprender y controlar estas dinámicas”.

La investigación, que representa una colaboración entre expertos en ecología microbiana y biología computacional, ha sido financiada por el Consejo Europeo de Investigación (ERC), el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y la Fundación Simons.

Pascual-García, A., Rivett, D., Jones, M. L., & Bell, T. (2025). **Replicating community dynamics reveals how initial composition shapes the functional outcomes of bacterial communities.** *Nature Communications*. DOI: 10.1038/s41467-025-57591-2

CNB - CSIC Comunicación

comunicacion@csic.es