



Fecha del CVA	08/04/2026
---------------	------------

### Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre	Luis E.		
Apellidos	Sáenz de Miera y Carnicer		
Sexo (*)	hombre	Fecha de nacimiento	
DNI			
Dirección email		URL Web	
Open Researcher and Contributor ID (ORCID) (*)	0000-0003-1871-7379		

\* datos obligatorios

### A.1. Situación profesional actual

Puesto	Catedrático de Universidad		
Fecha inicio	14/02/2023		
Organismo/ Institución	Universidad de León		
Departamento/ Centro	Biología Molecular. Facultad de CC. Biológicas y Ambientales		
País	España	Teléfono	987291547
Palabras clave	Genética, Genética vegetal, Genética de Poblaciones, Evolución, eDNA, Metagenómica, 16S, Ecología Microbiana, Perturbaciones		

Seis tramos docentes y cinco de investigación

### A.2. Situación profesional anterior (incluye interrupciones en la carrera investigadora, de acuerdo con el Art. 14. 2.b) de la convocatoria, indicar meses totales)

Periodo	Puesto/ Institución/ País / Motivo interrupción
1989-1998	Becario, pre-, post- doctoral y de Investigación / Universidad de León
1998-1999	Profesor Asociado / Universidad de León
1999-2002	Profesor Ayudante de Escuela Universitaria / Universidad de León
2002-2023	Titular de Universidad /Universidad de León

### A.3. Formación Académica

Grado/Master/Tesis	Universidad/País	Año
Licenciado en Biología	Universidad de León	1988
Doctor en Biología	Universidad de León	1995

(Incorporar todas las filas que sean necesarias)

**Parte B. RESUMEN DEL CV** (máx. 5000 caracteres, incluyendo espacios): **MUY IMPORTANTE: se ha modificado el contenido de este apartado para progresar en la adecuación a los principios DORA. Lea atentamente las "Instrucciones para cumplimentar el CVA"**

Tras el doctorado en la Universidad de León, he completado mi formación investigadora con una estancia en la Universidad de California en Irvine en el laboratorio del profesor Ayala y otros estudios de postgrado como el de "Utilización de Redes y Bases de Datos en Biología Molecular", por la Universidad de Valencia (1992), "Métodos avanzados en Estadística Aplicada" por la UNED (2011) y "Data Analysis for Genomics" a través de los cursos online de la Universidad de Harvard (2015).

Mi investigación comenzó con estudios de Genética de Poblaciones de plantas, principalmente gramíneas y leguminosas, utilizando técnicas de Biología Molecular,

inicialmente isoenzimas, para pasar rápidamente a marcadores de DNA o directamente a la amplificación, secuenciación y análisis de fragmentos de DNA. De esta época cabe destacar trabajos en PNAS, Genetics y TAG entre otros.

Mi campo de investigación se amplió con estudios evolutivos, centrándome en el análisis filogenético de genes incluidos en familias génicas, principalmente proteínas de reserva de leguminosas. Este campo de conocimiento me llevó al Laboratorio del profesor Ayala donde incluí otras familias génicas como las decarboxilasas o las proteínas ribosomales de *Arabidopsis*.

Durante este tiempo colaboré con otros grupos de investigación, casi siempre en estudios de Genética de Poblaciones, así trabajé con variedades locales de melones y brásicas portuguesas, con pimientos, principalmente gallegos, o con cultivares locales de guisantes y lentejas de Oriente Próximo. En las colaboraciones con grupos externos también he participado en el estudio poblacional de cepas vinateras de *Saccharomyces*, o en el estudio de hongos patógenos de vides.

Aparte de estas colaboraciones más o menos puntuales con otros grupos de investigación, establecí una relación más duradera con dos grupos de la Universidad de León, uno dedicado al estudio de la relación de patologías humanas del aparato digestivo con el microbioma y otro dedicado al estudio ecológico de suelos sometidos a perturbaciones antrópicas y naturales, con un interés especial en la depuración de aguas residuales mediante sistemas de bajo coste y los efectos del fuego a través del estudio de DNA ambiental (eDNA). Con estos grupos mi investigación se ha centrado en la investigación de las comunidades bacterianas a través de la detección de OTUs (unidades taxonómicas operacionales, equivalentes a especies) a partir de las secuencias que codifican para el gen del RNA ribosomal 16S. Inicialmente a partir de librerías de clones y en la actualidad mediante secuenciación masiva de alto rendimiento para un posterior análisis metagenómico utilizando para ello herramientas bioinformáticas

En el grupo de investigación de Genética, mi investigación actual se centra principalmente en la elaboración de mapas de alta resolución en leguminosas y en la detección de QTLs utilizando estos mapas, así como en estudios de expresión génica (RNAseq) en condiciones de estreses bióticos

## **Parte C. LISTADO DE APORTACIONES MÁS RELEVANTES (últimos 10 años).**

### **C.1. Publicaciones más importantes en libros y revistas con “peer review”**

R. Pinto, J.M. Fernández-Guisuraga, G. Ansola, L. Calvo y **L.E. Sáenz de Miera**. 2026. Fire severity plays a crucial role in shaping microbial functional dynamics in fire-prone ecosystems. **Pedosphere**, doi: 10.1016/j.pedsph.2026.02.003. JCR: 7.3 (2024) D1.

R. Pinto, G. Ansola, L. Calvo y **L.E. Sáenz de Miera**. 2025. Medium-term response of soil bacterial communities to two post-fire management strategies after a large wildfire. **Journal of Environmental Management** 395:127714, doi: 10.1016/j.jenvman.2025.127714. JCR: 8.4 (2024) D1

Y. Carnicero-Mayo, **L.E. Sáenz de Miera**, M.A. Ferrero, N. Navasa y J. Casqueiro. 2024. Modeling Dynamics of Human Gut Microbiota Derived from Gluten Metabolism: Obtention, Maintenance and Characterization of Complex Microbial Communities. **International Journal of Molecular Sciences** 25:4013, doi: 10.3390/ijms25074013. JCR 4.9 Q1

J.M. Fernández-Guisuraga, G. Ansola, R. Pinto, E. Marcos, L. Calvo y **L.E. Sáenz de Miera**. 2024. Resistance of soil bacterial communities from montane heathland ecosystems in the

Cantabrian mountains (NW Spain) to a gradient of experimental nitrogen deposition. **Science of the Total Environment** 920:171079, doi: 10.1016/j.scitotenv.2024.171079. JCR 8.2 Q1.

R. Pinto, G. Ansola, L. Calvo y **L.E. Sáenz de Miera**. 2023. High resilience of soil bacterial communities to large wildfires with an important stochastic component. **Science of the Total Environment** 899:165719, doi: 10.1016/j.scitotenv.2023.165719. JCR 8.2 Q1.

J.M. Fernández-Guisuraga, E. Marcos. **L.E. Sáenz de Miera**, G. Ansola, R. Pinto y L. Calvo. 2023. Short-term responses of ecosystem multifunctionality to fire severity are modulated by fire-induced impacts on plant and soil microbial communities. **Science of the Total Environment** 898:165477, doi: 10.1016/j.scitotenv.2023.165477. JCR 8.2 Q1.

J.J. Gutiérrez-González, P. García, C. Polanco, A.I. González, F. Vaquero, F.J. Vences, M. Pérez de la Vega y **L.E. Sáenz de Miera**. 2022. Multi-species transcriptome assemblies of cultivated and wild lentils (*Lens* sp.) provide a first glimpse at the lentil pangenome. **Agronomy (Basel)** 12:1619, doi: 10.3390/agronomy12071619. JCR 3.7 Q1.

J.M. Fernández-Guisuraga, L. Calvo, G. Ansola, R. Pinto y **L.E. Sáenz de Miera**. 2022. Effects of sheep grazing abandonment on soil bacterial communities in productive mountain grasslands. **Science of the Total Environment**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.158398. JCR 9.8 Q1.

S. Gutiérrez, S.P. McCormick, R.E. Cardoza et al. (9/14). 2021. Distribution, function and evolution of a gene essential for trichothecene toxin biosynthesis in *Trichoderma*. **Frontiers in Microbiology**. doi: 10.3389/fmicb.2021.791641. JCR 5.640. Q1.

M. Pérez de la Vega, P. García, J.J. Gutiérrez-González, **L.E. Sáenz de Miera**. 2021. Tackling Lentil Biotic Stresses in the Genomic Era. En: *Genomic Designing for Biotic Stress Resistant Pulse Crops*. Kole, Chittaranjan (Ed.). Springer. pp. 413-428. ISBN: 978-3-030-91043-3 (2022), doi: 10.1007/978-3-030-91043-3

**L.E. Sáenz de Miera**, R. Pinto, L. Calvo, G. Ansola. 2021. A new index of resilience applicable to external pulse-disturbances that considers the recovery of communities in the short term. **Ecological Indicators**. 130:e108051. doi: 10.1016/j.ecolind.2021.108051. JCR: 4.958. Q2.

**L.E. Sáenz de Miera**, J.J. Gutiérrez-González, P. Arroyo, J. Falagán y G. Ansola. 2021. Prokaryotic community diversity in the sediments of saline lagoons and its resistance to seasonal disturbances by water level cycles. **Journal of Soils and Sediments**. 21:3169-3184. JCR: 3.308. Q2.

**L.E. Sáenz de Miera**, R. Pinto, J.J. Gutiérrez-González, L. Calvo y G. Ansola. 2020. Wildfire effects on diversity and composition in soil bacterial communities. **Science of the Total Environment** 726:e138636. doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.138636. JCR: 5.589, Q1.

C. Polanco, **L.E. Sáenz de Miera**, A.I. González, P. García, R. Fratini, F. Vaquero, F.J. Vences, M. Pérez de la Vega. 2019. Construction of a high-density interspecific (*Lens culinaris* x *L. Odemensis*) genetic map based on functional markers for mapping morphological and agronomical traits, and QTLs affecting resistance to *Ascochyta* in lentil. **PloS ONE** 14(3): e0214409. doi: 10.1371/journal.pone.0214409. JCR: 2.766. Q2.

P. Arroyo, **L.E. Sáenz de Miera**, J. Falagan y G. Ansola. 2018. Bacterial community composition and diversity uncovered in experimental sludge treatment reed bed systems with different swine slurry hydraulic loadings. **Ecological Engineering** 123:175-184. doi: 10.1016/j.ecoleng.2018.09.009 JCR: 3.406. Q2

C. Polanco, **L.E. Sáenz de Miera**, K. Bett, y M. Pérez de la Vega. 2018. A genome-wide identification and comparative analysis of the lentil MLO genes. **PLoS ONE** 13(3): e0194945. doi: 10.1371/journal.pone.0194945 JCR: 2.776. Q2

R. Rey-Baños, **L.E. Sáenz de Miera**, P. García, y M. Pérez de la Vega. 2017. Obtaining retrotransposon sequences, analysis of their genomic distribution and use of retrotransposon-derived genetic markers in lentil (*Lens culinaris* Medik.). **PloS ONE** 12(4): e0176728. doi: 10.1371/journal.pone.0167821. JCR: 2.766, Q1.

F.S. Baloch, A. Alsaleh, M.Q. Shahid, V. Çiftçi, **L.E. Sáenz de Miera**, M. Sameeullah, R. Hatipoglu y M.A. Nadeem. 2017. A whole genome DArTseq and SNP analysis for genetic diversity assessment in durum wheat from central Fertile Crescent. **PloS ONE** 12(1): e0167821. doi: 10.1371/journal.pone.0167821. JCR: 2.766, Q1.

**L.E. Sáenz de Miera**, P. Arroyo, E. de Luis Calabuig y G. Ansola. 2016. Effects of varying CO<sub>2</sub> flows on bacterial communities in mesocosms created from two soils. **International Journal of Greenhouse Gas Control** 46:205-214. doi: 10.1016/j.ijggc.2016.01.013. JCR: 3.741. Q2

E. Nistal, A. Caminero, A.R. Herrán, J. Pérez-Andrés, S. Vivas, J.M. Ruiz de Morales, **L.E. Sáenz de Miera** y J. Casqueiro. 2016. Study of duodenal bacterial communities by 16S rRNA gene analysis in adults with active celiac disease vs non celiac disease controls. **Journal of Applied Microbiology** 120: 1691-1700. doi: 10.1111/jam.13111. JCR: 2.099. Q2.

I. Blanco, P. Molleda, **L.E. Sáenz de Miera** y G. Ansola. 2016. Basic oxygen furnace steel slag aggregates for phosphorus treatment. Evaluation of its potential use as a substrate in constructed wetlands. **Water Research** 89: 355-365. doi: 10.1016/j.watres.2015.11.064. JCR: 6.942. Q1.

## C.2. Congresos

31 comunicaciones a congresos en los últimos 10 años

## C.3. Proyectos (convocatorias públicas) en los que ha participado

Ref: I485 Advancing the knowledge on the genetic control of agronomic, pest resistance, and quality traits for cowpea improvement. Kirkhouse Trust SCIOIP. IP: María Muñoz Amatriáin. 2025-2028.

Ref: BF273 Sistemas agroforestales multifuncionales como alternativa de gestión y conservación del paisaje. AGROFOres. Fundación Biodiversidad - Ministerio de Transición Ecológica y Reto Demográfico. IP: L. Calvo Galván y J.M. Fernández Guisuraga. 2024-2025.

Ref: PID2022-1391560 Susceptibilidad y vulnerabilidad del paisaje frente a megaincendios severos en el eje Atlántico-Mediterráneo: soluciones basadas en la naturaleza para una

- gestión proactiva. Ministerio de Ciencia e Innovación. IP: L. Calvo Galván y A. Fernández Manso. 2023-2027.
- Ref: TED2021-130925 B-I00 Tecnologías disruptivas para la toma de decisiones en la gestión post-incendio basadas en las soluciones de computación en la nube. Ministerio de Ciencia e Innovación, Transición Ecológica y Transición Digital. IP: L. Calvo Galván y A. Fernández Manso. 2022-2024.
- Ref: PID2021-128598OB-I00. Identificación de QTLs/genes implicados en la tolerancia a sequía y resistencia a Ascochyta en lenteja. Ministerio de Ciencia e Innovación. IP: Juan José Gutiérrez Gonzál ez y María Muñoz Amatriaín. 2022-2025.
- Ref: AGL2017-86075-C2-1R. Severidad de grandes incendios en sistemas forestales propensos al fuego: condicionantes, efectos en la provisión de servicios y soluciones de gestión pre- y post-incendio. Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. I.P.: Leonor Calvo Galván. 2018-2021.
- Ref: AGL2013-44714-R. Resistencia a estreses en lenteja, *Lens culinaris* Medik.: Detección, análisis genéticos-genómicos y mejora. Ministerio de Economía y Competitividad. (Plan Estatal de Investigación Científica y Técnica y de Innovación). I.P.: Marcelino Pérez de la Vega. 2014-2017.
- Ref: 613551. LEgumes for the Agriculture of TOMorrow, LEGATO. Unión Europea FP7. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). I.P.: Marcelino Pérez de la Vega (Partner 26 UNILEON). 2014-2016.
- Ref: 119279313. Using crop wild relatives for future lentil breeding evaluation of drought and disease resistance of interspecific hybrid lines. Unión Europea FP7. UNIVERSITY OF SASKATCHEWAN. I.P.: Marcelino Pérez de la Vega. 2013-2016.