vinetur

El genoma del lúpulo abre una nueva vía para mejorar la cerveza

Un estudio en Nature Communications identifica regiones clave para el amargor y acelera la selección de nuevas variedades

jueves 28 de mayo de 2026



Un equipo internacional ha publicado en Nature Communications un estudio sobre el genoma del lúpulo que aporta una base nueva para la mejora genética de esta planta, clave en la elaboración de cerveza. El trabajo analiza la variedad híbrida Apollo y compara cromosomas de origen europeo y norteamericano para ver cómo se reparten en el genoma y cómo influyen en el contenido de ácidos alfa, el rasgo más buscado por los programas de selección.

El lúpulo da a la cerveza parte de su amargor y de su aroma. También aporta compuestos que interesan a la industria cervecera por su papel en la conservación y en el perfil sensorial. Por eso, conocer mejor qué regiones del genoma controlan esas características puede ayudar a obtener variedades más estables y con rasgos más previsibles.

Los autores han construido ensamblajes del genoma a escala cromosómica y han separado las dos copias heredadas por Apollo. Con ese mapa han asignado el origen europeo o norteamericano de cada tramo y han visto que la recombinación entre ambos linajes varía mucho según el cromosoma. En algunos casos, esa mezcla genética es muy limitada.

El estudio también muestra que ciertos alelos favorables de origen europeo y norteamericano tienen efectos sumatorios sobre el contenido de ácidos alfa. Esa observación abre la puerta a usar herramientas genómicas para elegir mejor los cruces y acelerar la obtención de nuevas variedades.

La investigación parte de una necesidad práctica: los programas de mejora del lúpulo trabajan con materiales híbridos desde hace décadas, pero hasta ahora faltaba una referencia genómica fina que permitiera seguir con precisión qué aporta cada linaje. Los autores señalan que esa carencia dificultaba relacionar estructura cromosómica y rasgos útiles para el cultivo.

En el trabajo se analizan además poblaciones de cruce usadas en mejora vegetal. En algunas no se pudo construir un mapa genético normal porque la recombinación fue muy baja o casi nula. En otra población sí se obtuvo un mapa completo, lo que indica que el comportamiento meiótico cambia según los materiales empleados.

Los investigadores apuntan que esta información puede servir para seleccionar parentales con mayor eficacia y para diseñar marcadores moleculares ligados a amargor, aroma y resistencia a enfermedades. En un cultivo donde la calidad depende mucho del equilibrio entre genética y manejo agronómico, disponer de una referencia así puede facilitar nuevas líneas de trabajo para cerveceras y viveristas.