vinetur

La ciencia rescata la selección masal para blindar la vid ante el cambio climático

La revisión propone combinarla con clones certificados para recuperar diversidad genética y reducir la vulnerabilidad del viñedo

jueves 16 de julio de 2026



Una revisión científica publicada este miércoles, 15 de julio, plantea recuperar la selección masal de la vid como herramienta complementaria a la selección clonal para mejorar la capacidad de adaptación de los viñedos al cambio climático. El trabajo

aparece en OENO One y está firmado por Sebastian Gomez Talquenca, Cornelis van Leeuwen, Silvina Van Houten, Roy Urvieta, Nicolas Torti, Carlos Marfil y Fernando Buscema.

Los autores sostienen que la expansión de un número reducido de clones certificados durante el siglo XX aportó uniformidad y mejoró el estado sanitario del material vegetal, sobre todo frente a enfermedades víricas, pero también redujo la diversidad genética dentro de cada variedad. A su juicio, esa simplificación limita la capacidad de los viñedos para amortiguar oscilaciones ambientales, adaptarse a episodios de calor y sequía y responder a enfermedades y plagas ya presentes o emergentes.

La selección masal consiste en identificar dentro de un viñedo individuos con rasgos agronómicos concretos y multiplicarlos por vía vegetativa. Según recoge la revisión, ese sistema fue durante siglos la base de la mejora de la vid y permitió formar poblaciones ajustadas a distintos objetivos productivos. Frente al modelo clonal, que busca propagar uno o muy pocos genotipos tras controles sanitarios y agronómicos, la selección masal mantiene varias plantas élite con un fenotipo común y conserva una mayor diversidad intravarietal.

El artículo repasa la historia de la domesticación de la vid y sitúa el origen de esa diversidad dentro de cada variedad en varios procesos: mutaciones somáticas, modificaciones epigenéticas y composición del viroma. Con apoyo en estudios paleogenómicos, fenotípicos y moleculares, los investigadores proponen que las poblaciones masales actúan como reservorios genéticos dinámicos capaces de conservar alelos raros, variantes estructurales y combinaciones adaptativas que pueden perderse en sistemas basados solo en clones.

La revisión recuerda que durante décadas dominó la idea de un único centro principal de domesticación en Transcaucasia hace unos 8.000 años. Sin embargo, cita análisis genómicos recientes que apoyan un modelo de doble domesticación, con dos procesos paralelos e independientes en Asia occidental y en la región del Cáucaso y Asia central. También menciona trabajos en viñedos antiguos de Montenegro con 419 muestras y 144 perfiles genéticos únicos, más de 100 de ellos cultivados, como ejemplo de una red histórica compleja de parentescos e introducciones.

En Europa occidental, añaden los autores, las variedades actuales no pueden explicarse solo por una expansión desde el este. A medida que la viticultura avanzó por el Mediterráneo, las vides domesticadas entraron en contacto con poblaciones silvestres locales. Esa mezcla genética habría dado lugar a centros secundarios de domesticación, sobre todo en Italia y en la península ibérica.

El estudio sitúa un cambio técnico decisivo en torno al 200 a. C., cuando se consolidó el uso de poda, injerto y propagación por esquejes. Ese paso permitió estabilizar fenotipos concretos y favoreció el modelo vitícola romano. Los autores señalan que ya entonces se multiplicaban varias plantas seleccionadas dentro de una misma variedad, no un único genotipo. Un trabajo paleogenómico reciente citado en la revisión analizó 49 pepitas arqueológicas halladas en Francia a lo largo de unos 4.000 años y concluyó que la propagación vegetativa ya estaba extendida entre aproximadamente 625 y 500 a. C., antes de convertirse en una práctica central durante el periodo romano.

La continuidad histórica de algunas variedades modernas aparece también en varios ejemplos recogidos por los investigadores. Uno de ellos vincula semillas medievales con variedades actuales como Savagnin o Chenin blanc mediante relaciones directas de parentesco. Otro caso se refiere al Tempranillo: una resecuenciación genómica identificó tres linajes clonales distintos dentro de esta variedad, organizados geográficamente entre las cuencas del Ebro y del Duero. Para los autores, ese patrón confirma que una variedad reconocida con un solo nombre puede estar formada por subpoblaciones divergentes moldeadas por siglos de selección local.

La revisión subraya además que algunas líneas clonales han persistido durante siglos. Entre los ejemplos citados figura una pepita del periodo romano hallada en Limoges, fechada entre los años 170 y 240 d. C., genéticamente idéntica a una muestra medieval encontrada en Valenciennes entre 1100 y 1200 d. C., a casi 530 kilómetros. Otra pepita hallada en Valenciennes y datada entre 1400 y 1500 d. C. resultó genéticamente idéntica al Pinot noir moderno.

En el plano agronómico, los autores recuerdan que la selección clonal se impuso tras la filoxera y después de la Segunda Guerra Mundial por la necesidad de disponer de material sano y uniforme para viveros y nuevas plantaciones. Ese proceso redujo el

impacto de virus importantes como el del entrenudo corto infeccioso o los asociados al enrollado foliar, pero generó un cuello de botella genético al concentrar miles de hectáreas en muy pocos clones dentro de una misma variedad.

A partir de ahí, el trabajo advierte del riesgo que supone esa uniformidad. Los viñedos monoclonales u oligoclonales tienden a responder de forma parecida ante el estrés ambiental, lo que puede aumentar su vulnerabilidad frente a anomalías climáticas o amenazas bióticas nuevas. La revisión cita teoría genética de poblaciones y resultados observados en otros cultivos para apoyar esa idea, además de un ejemplo concreto en vid sobre diferencias entre clones en resistencia al mildiu vinculadas a la producción de estilbenos.

Los investigadores matizan que siguen faltando ensayos comparativos bien diseñados entre viñedos clonales y masales sometidos a situaciones concretas de estrés en campo. Aun así, sostienen que ya existe evidencia suficiente para reconsiderar las estrategias de conservación y selección del material vegetal.

El artículo también señala que incluso dentro de colecciones clonales certificadas persiste una variación aprovechable. Esa diversidad residual presenta heredabilidad moderada o alta en algunos caracteres adaptativos e interacciones intensas entre genotipo y ambiente, lo que abre margen para ajustar mejor las plantas a cada zona vitícola sin cambiar la identidad varietal.

Para ello, los autores proponen una revalorización estratégica de la selección masal apoyada en herramientas actuales como genotipado de alto rendimiento, metagenómica y sistemas de precisión. Su planteamiento no pasa por sustituir por completo la selección clonal, sino por hacer convivir ambos modelos para combinar sanidad vegetal con diversidad biológica dentro de cada variedad.

Esa propuesta tiene implicaciones directas para el sector del vino y para el conjunto del negocio ligado a las bebidas elaboradas con uva. Si se confirma su utilidad en campo, disponer de poblaciones más diversas podría ayudar a repartir mejor el riesgo climático entre distintos genotipos, epigenotipos y viromas, estabilizar rendimientos y preservar perfiles ligados al origen del vino sin alterar la variedad comercial con la que trabaja cada bodega.

La revisión fue recibida el pasado 16 de abril y aceptada el pasado 6 de junio. Su publicación coincide con un momento en el que buena parte del viñedo internacional busca fórmulas para reducir pérdidas por calor extremo, sequía y presión sanitaria sin renunciar al material vegetal histórico sobre el que se apoya buena parte del vino premium.