vinetur

La levadura clave del vino revela intercambio genético entre continentes

El estudio identifica señales de adaptación local y genes ligados al estrés en cepas de China y Australia

martes 28 de julio de 2026



Un equipo de investigación ha trazado por primera vez con detalle la estructura genética de Hanseniaspora uvarum, una levadura muy presente en las primeras fases de la fermentación espontánea del vino, y ha encontrado intercambio de genes entre linajes de distintos continentes y señales de selección positiva ligadas al estrés y a la adaptación local.

El trabajo, publicado este lunes, 27 de julio, en la revista Stress Biology, analizó 151 cepas de H. uvarum y amplió el estudio con un pangenoma de 159 cepas. Los autores examinaron 45 cepas de Ningxia, en China; 21 de otras regiones chinas; 67 de Australia; y 18 de otros lugares o sin origen especificado. Además, secuenciaron 65 cepas asociadas al vino recogidas en grandes zonas productoras del noroeste de China e incorporaron otros 86 conjuntos de datos genómicos ya disponibles.

H. uvarum es una especie no-Saccharomyces que suele aislarse en uvas y en fermentaciones espontáneas. Su presencia es alta al inicio del proceso, aunque disminuye cuando sube la concentración de etanol. La literatura científica citada por los autores recoge que su inoculación puede aumentar el contenido de ésteres y fenoles volátiles, reducir la acidez volátil y mejorar rasgos sensoriales del vino. También aparece en fermentaciones de frutas como naranja, manzana o piña, así como en cacao y café, y se ha usado como agente de biocontrol.

La investigación parte de una carencia clara: frente al amplio conocimiento acumulado sobre Saccharomyces cerevisiae, la base genómica poblacional de H. uvarum seguía siendo limitada. Los autores plantearon el estudio para conocer mejor cómo se distribuye su diversidad genética y qué señales evolutivas aparecen en cepas vinculadas al vino.

En el análisis del genoma completo, el equipo identificó 575.222 variantes de alta calidad entre las 151 cepas. De ellas, 512.977 eran SNP, 16.207 inserciones, 17.070 deleciones, 14.439 inserciones y deleciones complejas y 14.529 loci mixtos no clasificables como SNP o InDel. Para los análisis posteriores trabajaron con 483.564 SNP bialélicos.

Las nuevas 65 cepas secuenciadas en China presentaron profundidades de secuenciación del ADN nuclear entre 725,56× y 1.543,38×, con una mediana de 1.197,04×. En las 86 cepas incorporadas desde bases públicas, la profundidad osciló entre 53,95× y 267,91×, con una mediana de 121,51×. En el genoma de referencia se localizaron además 145.357 pares de bases repetitivas o de baja complejidad, cerca del 1,64% del total.

Los árboles filogenéticos y el análisis por componentes principales separaron en líneas generales las cepas chinas de las recogidas en otros continentes. En el árbol principal, 129 de las 151 cepas, el 85,4%, quedaron asignadas a 21 clados. Varios clados chinos estaban formados sobre todo por cepas muestreadas en Ningxia, mientras que otros dos correspondían solo a muestras del condado de Jingyang, en la provincia china de Shaanxi.

Pese a esa separación general por origen geográfico, el estudio detectó un intercambio genético amplio tras la divergencia entre linajes emparejados de distintos continentes. El modelo TreeMix situó el número óptimo de eventos migratorios en ocho y explicó el 95,7% de la varianza en parentesco entre clados. Con ese ajuste, los autores infirieron flujo génico desde el clado CHN-IV al clado australiano AUS-VIII, desde CHN-II al clado europeo y desde el clado europeo a CHN-III.

Cuando probaron modelos con más eventos migratorios también aparecieron señales adicionales entre clados australianos y chinos, así como intercambios con linajes de Estados Unidos. Para reforzar esa lectura aplicaron la estadística f-branch, que mide exceso de alelos derivados compartidos como señal de introgresión.

Ese análisis mostró valores altos entre varios pares intercontinentales. El mayor valor observado fue del 49,84% entre los clados CHN-II y AUS-IX. También aparecieron valores del 41,20% entre CHN-II y el clado europeo; del 26,87% entre CHN-III y Europa; del 28,28% entre CHN-III y AUS-IX; del 32,33% entre CHN-I y Europa; y del 23,24% entre Europa y AUS-IX. Para los autores, estos resultados apuntan a una dispersión compleja entre continentes.

La diferenciación genética media entre las poblaciones asociadas al vino estudiadas en China y Australia fue baja. La diversidad nucleotídica media fue de 0,00780 en las cepas chinas y de 0,00784 en las australianas. La divergencia nucleotídica media entre ambas poblaciones alcanzó 0,00832 y el índice FST de Hudson fue de 0,03376.

El trabajo también buscó genes bajo selección positiva en un subconjunto de cepas de Ningxia y otro subconjunto australiano. Para evitar sesgos se excluyeron cepas clonales y también muestras chinas fuera de Ningxia por su distribución desigual dentro del país. Con la herramienta RAiSD se tomaron como candidatos los loci situados en el 0,5% superior de puntuación.

En ese cribado aparecieron 117 genes candidatos bajo selección positiva en Ningxia y 141 en Australia. Solo 23 estaban compartidos por ambos grupos. Los autores comprobaron además que las ventanas genómicas que contenían esos genes tenían valores FST más altos que el fondo general del genoma codificante y niveles más bajos de diversidad nucleotídica.

Las señales funcionales no fueron iguales en ambos territorios. En Ningxia se enriquecieron 44 términos GO y tres rutas KEGG con $p \leq 0,05$ en los análisis aplicados por los investigadores. Muchas funciones estaban ligadas a respuesta al estrés, metabolismo, procesamiento de ARN, traducción, remodelación de cromatina e histona acetilación.

Dentro del grupo chino apareció con fuerza la regulación positiva del crecimiento filamentoso ante estímulos externos. Los autores identificaron términos ligados a crecimiento filamentoso bajo inanición, estrés por pH o estímulo biótico, además del crecimiento como hilo de células adheridas. Esos cuatro términos reunían seis genes asociados y dos de ellos también estaban anotados en “cambio fenotípico”. También surgieron funciones relacionadas con respuesta inmune del hospedador y con “gránulo citoplasmático de estrés”.

En Australia se enriquecieron 33 términos GO y dos rutas KEGG. Allí volvieron a aparecer los gránulos citoplasmáticos de estrés, aunque con conjuntos génicos distintos a los observados en Ningxia salvo dos genes compartidos entre ambos grupos regionales dentro de ese término concreto. También se localizaron funciones ligadas a

maduración de rRNA, ensamblaje ribosomal, vigilancia y degradación de ARN, desenrollamiento del ADN, elongación transcripcional y traduccional, ubiquitinación de histonas y proteínas, metabolismo redox, biosíntesis de ácidos grasos y transporte celular.

Otro punto relevante afecta a la reparación del ADN. Entre los genes candidatos bajo selección positiva había siete genes anotados con esa función en Ningxia y cuatro en Australia; solo uno coincidía entre ambos grupos. En Ningxia esa categoría quedó cerca del umbral estadístico en uno de los análisis aplicados por el equipo.

El pangenoma construido con 159 cepas fue clasificado por los autores como abierto. Esa conclusión sugiere una capacidad amplia para incorporar variación genética útil ante presiones ambientales diversas. En una levadura asociada a fermentaciones espontáneas y usada cada vez más en investigación alimentaria e industrial, ese dato puede tener recorrido práctico.

Para el sector de bebidas, estos resultados pueden ayudar a afinar la selección futura de cultivos no-Saccharomyces y las estrategias de fermentación mixta o espontánea. Conocer mejor qué linajes están más adaptados a ciertos ambientes o qué genes se asocian a tolerancia al estrés puede facilitar un mayor control sobre aromas, acidez volátil o comportamiento fermentativo tanto en vino como en otras elaboraciones donde H. uvarum participa.

Los autores sostienen que el estudio aporta una base genómica para futuras investigaciones ecológicas e industriales sobre esta levadura y amplía el conocimiento sobre su dinámica evolutiva a escala poblacional e intercontinental.