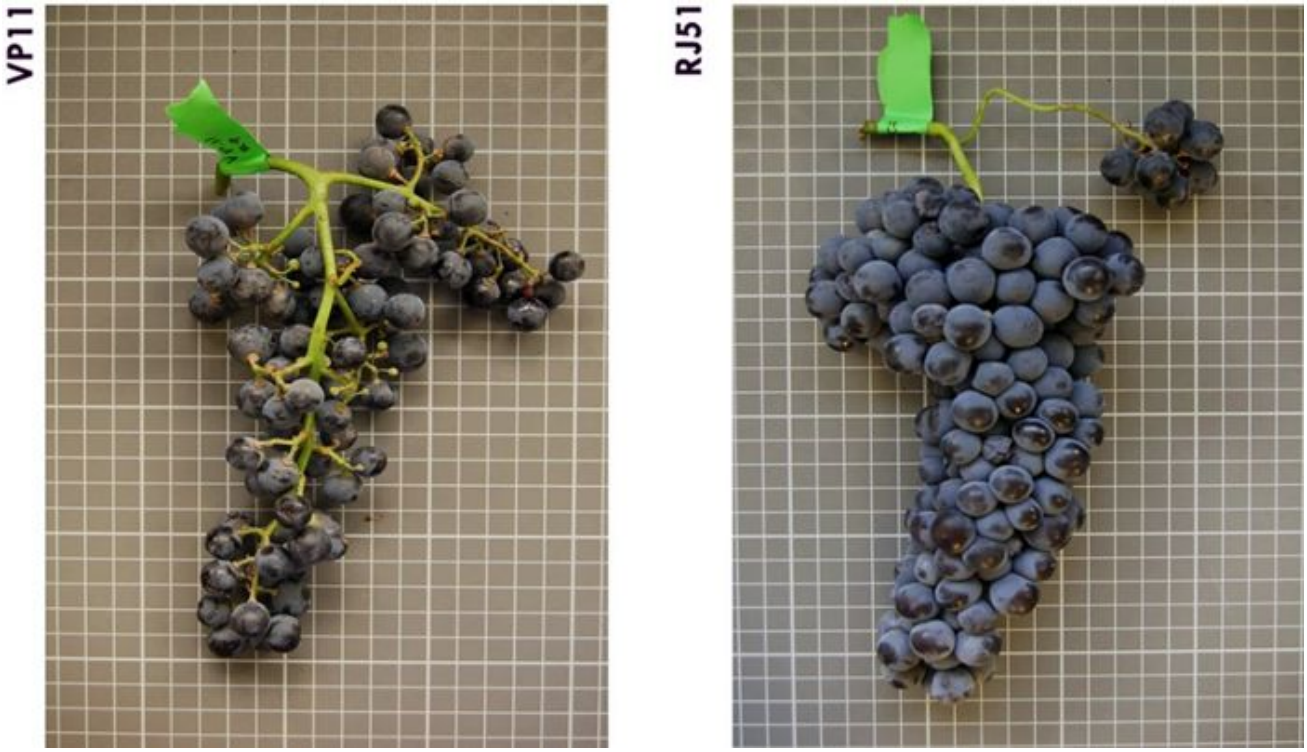
vinetur

Una mutación genética explica la fertilidad reducida y los racimos sueltos del clon VP11 de Tempranillo

La translocación cromosómica identificada permite seleccionar clones con ventajas agronómicas y mejorar la sostenibilidad en viñedos españoles

lunes 2 de marzo de 2026



Un equipo del Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV) ha identificado la causa genética que explica el desarrollo de racimos sueltos en el clon VP11 de la variedad Tempranillo. Este clon, utilizado en viticultura comercial, produce racimos menos compactos y con menor cuajado de frutos, lo que se asocia a una maduración más uniforme y a una menor incidencia de enfermedades como la podredumbre del racimo. Estas características permiten obtener uvas de calidad y facilitan el manejo sanitario en el viñedo.

El grupo de investigación Vitigen observó que VP11 genera un 50% menos de polen viable y semillas por baya en comparación con otros clones convencionales de Tempranillo. Esta reducción indica una menor fertilidad tanto masculina como femenina. Para conocer el origen de este comportamiento, los científicos realizaron una secuenciación completa del genoma de VP11 utilizando tecnología de lecturas largas. Los resultados se compararon con un genoma de referencia de Tempranillo elaborado previamente por el mismo grupo.

El análisis genético reveló once grandes alteraciones estructurales en el ADN de VP11. Entre ellas, se identificaron tres eventos inter-cromosómicos, incluyendo una translocación recíproca, es decir, un intercambio equilibrado de segmentos entre dos cromosomas diferentes. El estudio confirmó que esta translocación está directamente relacionada con la reducción en la viabilidad de los gametos.

En la descendencia obtenida por autofecundación de VP11, solo sobrevivían aquellos individuos que heredaban ambos cromosomas implicados en la translocación. Esto indica que los gametos con un contenido cromosómico desequilibrado, es decir, aquellos que solo heredan uno de los cromosomas translocados, no son viables. Así, la presencia simultánea de ambos cromosomas es necesaria para que las plantas resultantes sean fértiles y puedan desarrollarse correctamente.

Los investigadores señalan que este tipo de mutaciones pueden ser útiles en cultivos propagados vegetativamente como la vid. En estos casos, las mutaciones que reducen la fertilidad pueden ser seleccionadas si aportan ventajas agronómicas, como racimos más sueltos y sanos. La propagación clonal permite mantener estas características sin alterar otros atributos importantes para la producción y calidad del vino.

El clon VP11 fue seleccionado a partir de una planta antigua con racimos sueltos localizada en un viñedo en Elvillar (Álava) en el año 2000. Desde entonces, se ha propagado comercialmente debido a su interés para la producción vitivinícola. Los ensayos realizados durante varios años han confirmado que VP11 mantiene sus características diferenciadoras respecto a otros clones tradicionales.

La investigación también analizó otras alteraciones estructurales detectadas en el genoma de VP11, como duplicaciones e inserciones, pero ninguna mostró efectos claros sobre la viabilidad del polen o el número de semillas por baya. Solo la translocación recíproca se asoció con una reducción significativa en estos parámetros reproductivos.

El trabajo pone en valor el uso de tecnologías avanzadas de secuenciación para identificar variantes genéticas responsables de rasgos agronómicos relevantes en variedades cultivadas. Además, subraya cómo las mutaciones somáticas pueden contribuir a la mejora intra-varietal sin necesidad de recurrir a cruces convencionales, lo que resulta especialmente útil en especies altamente heterocigotas como la vid.

Los resultados obtenidos abren nuevas posibilidades para seleccionar clones con características adaptadas a las necesidades actuales del sector vitivinícola. La reducción del cuajado y la formación de racimos sueltos pueden ayudar a disminuir tratamientos fitosanitarios y mejorar la calidad final del producto. El estudio ha sido publicado en la revista BMC Plant Biology y los datos generados están disponibles para su consulta por parte de otros investigadores interesados en genética vegetal y mejora clonal.

La identificación precisa del mecanismo genético detrás del comportamiento reproductivo reducido en VP11 permite comprender mejor cómo surgen y se mantienen variantes útiles dentro de una misma variedad mediante propagación vegetativa. Este conocimiento puede aplicarse al desarrollo futuro de nuevos clones adaptados a diferentes condiciones agronómicas o demandas del mercado, contribuyendo así a la sostenibilidad y competitividad del sector vitivinícola español.