

Temas de actualidad

Características de levaduras y hongos filamentosos de interés en agroalimentación. ¿Adaptación al ambiente?

Tahía Benítez*, Miguel Angel Moreno-Mateos, Ana M^a Rincón y Antonio C. Codón
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Sevilla.
Apartado 1095, E-41080 Sevilla.
*E-mail: thaia@us.es

Las levaduras y los hongos filamentosos

Las levaduras se definen como hongos unicelulares que crecen y se dividen asexualmente, la mayoría por gemación (Fig. 1A). A pesar de esta definición, las levaduras representan con frecuencia sólo la fase unicelular del ciclo de vida de los hongos filamentosos. Bajo el punto de vista taxonómico se agrupan en diferentes géneros de ascomicetos, basidiomicetos y deuteromicetos, y esta diversidad apunta a que las levaduras son estructuras morfológicas favorecidas por la selección y que han aparecido de forma recurrente a lo largo de la evolución. De hecho, existen levaduras con ciclo sexual o asexual, haplonte o diplonte, con características metabólicas muy diferentes o con un complemento cromosómico que varía desde 3 a más de 20 cromosomas. El proceso de selección ha sido tal que se pueden encontrar tantas diferencias a nivel molecular o metabólico entre cepas de la misma especie que entre especies distintas, lo cual resulta de enorme interés bajo el punto de vista de la aplicación industrial.

Es posible que tanto los estados levaduriformes como los miceliales respondan a un dimorfismo que originalmente formaba parte del ciclo de vida de todos los hongos, y que las especies que hoy definimos exclusivamente como levaduras o como hongos filamentosos sean simplemente mutantes que han perdido la capacidad dimórfica o que el dimorfismo ocurra bajo unas condiciones que aún no se han establecido. En cualquier caso, sorprenden las diferencias estructurales y metabólicas que separan a las levaduras de los hongos filamentosos, incluso para una misma especie, y que son fundamentalmente intrínsecas del propio carácter levaduriforme o micelial. Quizás, porque el dimorfismo consiste básicamente en adoptar una morfología y una pauta de comportamiento que encaje de forma óptima con unas condiciones precisas, diferentes para la forma levaduriforme y la micelial. Salvando las diferencias que puedan

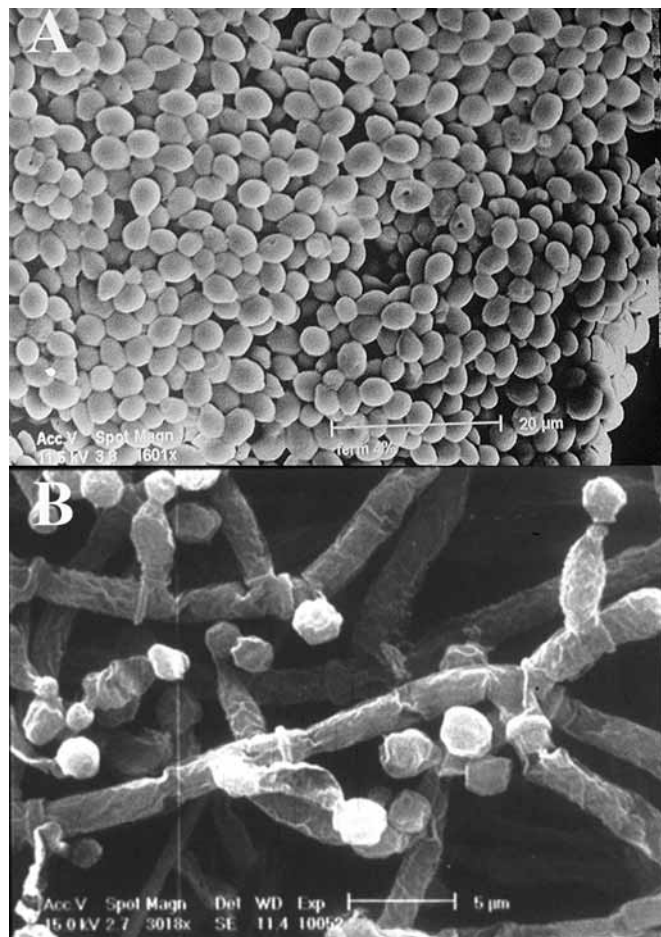


Figura 1. A. Células gemando, ovoides, casi redondas de una cepa de levadura de *S. cerevisiae* al microscopio electrónico. B. Micelio, conidióforos y conidios de la cepa *T. harzianum* CECT 2413 al microscopio electrónico. (Citado en Benitez *et al.*, 2004).

derivarse del hecho de ser especies distintas, aquí vamos a comparar el comportamiento de dos organismos de gran interés en agroalimentación. Por una parte *Saccharomyces cerevisiae* como modelo de hongo levaduriforme (Fig. 1A) y por otra *Trichoderma harzianum* como modelo de hongo filamentosos (Fig. 1B). Sus características morfológicas, genéticas y metabólicas parecen responder

en muchos casos a un proceso de adaptación óptimo a las condiciones ambientales en las que se encuentran habitualmente las cepas pertenecientes a estas especies, mientras que otras veces no existe una explicación clara que justifique dichas características.

Ecología de *S. cerevisiae* y *T. harzianum*

Los hongos filamentosos como *T. harzianum* son organismos del suelo donde los nutrientes de fácil asimilación son muy escasos, la competencia con otros organismos es feroz y los sustratos se encuentran en su mayoría formando polímeros de alto peso molecular. Estos hongos filamentosos poseen una gama extraordinaria de enzimas líticas que excretan al exterior por el ápice de las hifas y que les permite hidrolizar y asimilar sustratos tan diversos como la celulosa, hemicelulosa, quitina, glucano, pectina, proteínas y otros. Este metabolismo es oxidativo, con preferencia por la respiración y un crecimiento lento pero con un alto rendimiento en ATP. En estas condiciones

muchos de los transportadores presentes en la membrana plasmática son de alta afinidad, posiblemente por la baja concentración de sustrato transportable existente en el medio natural. En el caso específico de cepas de *T. harzianum*, muchas de ellas utilizadas como biofertilizantes y biopesticidas, éstas han desarrollado además una capacidad asombrosa de interaccionar de forma parasítica y simbiótica con microorganismos y plantas (Figs. 2A y 2B), y de utilizar y degradar polisacáridos, pesticidas xenobióticos, hidrocarburos, clorofenoles y derivados cianogénicos. De ahí que estas cepas se empleen en agricultura, en la producción de enzimas, en biocontrol como biopesticidas, bio-protectores, bioestimulantes de plantas y biofertilizantes, y se comercialicen más de 50 productos diferentes basados en ellas (Kubicek y Harman, 1998; Harman *et al.*, 2004).

Por su parte, las levaduras como las pertenecientes al género *Saccharomyces* son fundamentalmente fermentativas, utilizan sobre todo monómeros como glucosa, fructosa o galactosa, prácticamente no secretan hidrolasas ni ninguna otra enzima o metabolito y por lo tanto son incapaces de utilizar polímeros o compuestos de alto peso

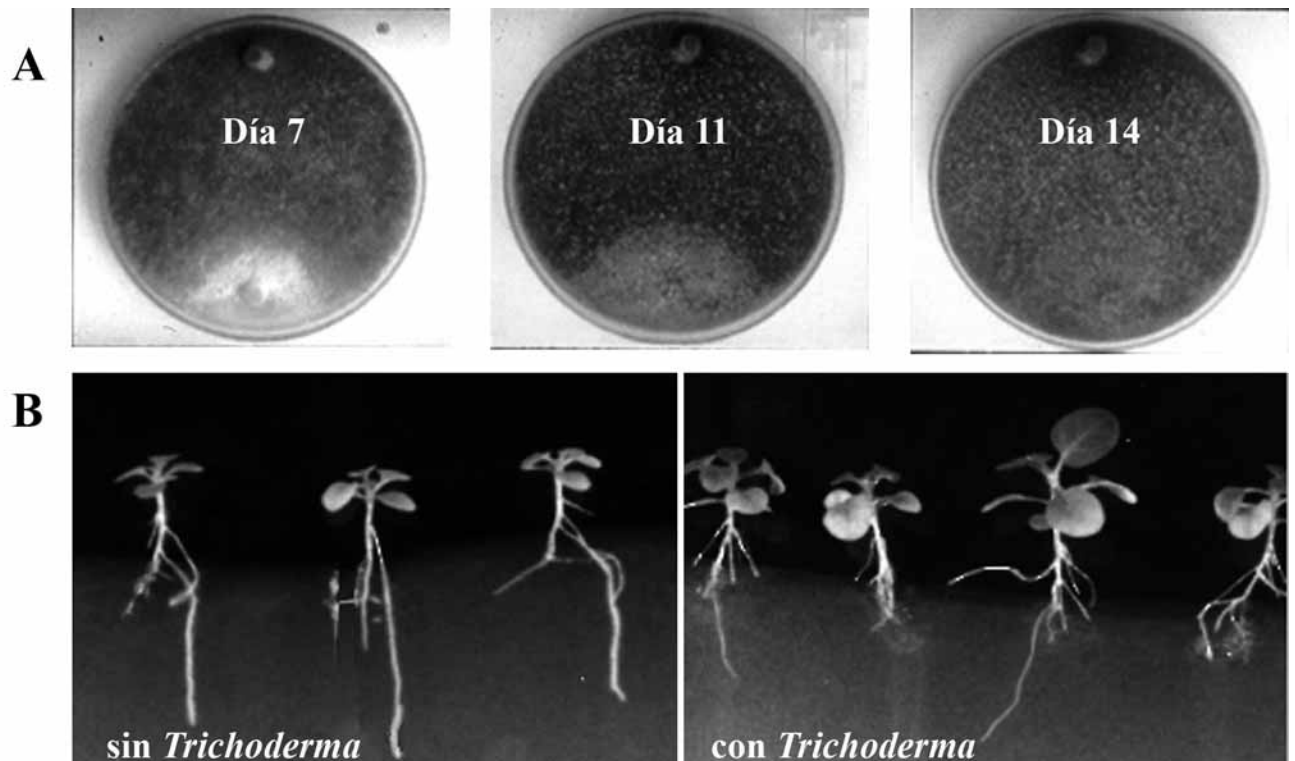


Figura 2. *T. harzianum* CECT 2413 es capaz de micoparasitar otros hongos, actuando como biofungicida. Sobrecrecimiento de una cepa del hongo fitopatógeno *Phytophthora cactorum* (parte inferior) por *T. harzianum* CECT 2413 (parte superior) a lo largo del tiempo. Fig. 2B. *T. harzianum* CECT 2413 estimula el crecimiento de las plantas, actuando como biofertilizante. Aspectos de plántulas de tabaco germinadas en agar-agua (sin *Trichoderma*) o en estas condiciones y un inóculo de esporas de *T. harzianum* CECT 2413 (con *Trichoderma*). (Citado en Benítez *et al.*, 2004).

molecular. Como resultado de su metabolismo acumulan las fuentes de carbono como glucosa o fructosa en forma de intermediarios energéticos como etanol, consiguiendo con ello convertir un sustrato fácilmente asimilable por la mayoría de la flora con la que compite, en otro sustrato que pocas especies pueden utilizar. Además el etanol es altamente tóxico a concentraciones a las que *Saccharomyces* es muy tolerante. El metabolismo fermentativo y la producción de etanol correlacionan perfectamente con la disponibilidad de altas concentraciones de glucosa o fructosa presentes en las uvas y otros frutos en cuya piel se encuentra *Saccharomyces*. El género *Saccharomyces* (*sensu stricto*) incluye las cepas de levadura más utilizadas en agroalimentación, responsables de la producción de vino, cerveza, sidra, sake o pan. Comprende especies adaptadas durante milenios a ambientes creados por el hombre, especies de ambientes naturales, de las que *S. paradoxus* parece ser el ancestro de la especie doméstica *S. cerevisiae*, e híbridos de las anteriores encontrados sobre todo en cerveza y sidra. De ahí que las cepas de *S. cerevisiae* sean altamente fermentativas y se encuentren exclusivamente en ambientes antrópicos (viñedos, bodegas). Reordenaciones cromosómicas y la acumulación de mutaciones han propiciado el aislamiento reproductivo entre el ancestro *S. paradoxus* y la especie doméstica *S. cerevisiae* (Benítez y Codón, 2002, 2005).

Características genéticas de *S. cerevisiae* y *T. harzianum*

Las cepas haploides de *S. cerevisiae* vienen definidas por un patrón de 16 cromosomas de entre 0,25 a 2,5 megabases. Las cepas de laboratorio son heterotálicas, con fases haploide o diploide estables y con una alta frecuencia de recombinación entre secuencias homólogas tanto en meiosis como en mitosis.

Se ha detectado un alto grado de polimorfismo cromosómico, tanto en número como en tamaño de los cromosomas, y este polimorfismo es mayor en cepas industriales que en cepas de laboratorio. Además, las cepas industriales son en su mayoría aneuploides, no conjugan, no esporulan o lo hacen pobremente y en estos casos la viabilidad de los productos meióticos es muy baja. Estas características se han asociado a un proceso de selección artificial que ha favorecido los genotipos estables que permiten producciones de compuestos de interés con las mismas propiedades deseables, y que resulta de la falta de recombinación y por lo tanto de meiosis y de manifestación de mutaciones recesivas en cepas poliploides. Es

decir, la estabilidad genética garantiza la reproducibilidad de las propiedades deseables de los productos finales (Benítez y Codón, 2002, 2005; Randez-Gil *et al.*, 2003). El hombre selecciona características deseables en las levaduras y las mantiene favoreciendo los genotipos deficientes en reproducción sexual como aneuploidías, homotalismo o apomixia. Las aneuploidías favorecen los problemas de no disyunción en meiosis y la letalidad de los productos meióticos; el homotalismo hace que sólo la fase diploide de las cepas sea estable y por lo tanto imposibilita los cruces con otras cepas; la apomixia hace que los cromosomas no se separen en la primera profase meiótica, de manera que los productos finales son dos esporas idénticas a la cepa parental. En este último caso, la esporulación permite a las células una mayor resistencia a condiciones hostiles, y la esporulación apomítica, menos dependiente de condiciones externas que la esporulación meiótica, puede tener lugar siempre que las condiciones no sean favorables. Al mismo tiempo, si se ha alcanzado un genotipo óptimo tras muchas reorganizaciones cromosómicas y aneuploidías, la esporulación apomítica impide la recombinación y la pérdida de ese genotipo óptimo (Castrejón *et al.*, 2004). De hecho, la frecuencia de apomixia en cepas industriales es relativamente alta; normalmente las cepas han acumulado varias mutaciones y todas se localizan en el cromosoma VIII, de forma que ninguna reversión puede conducir a la recuperación de la capacidad de hacer meiosis. Simultáneamente el hombre selecciona genomios mitocondriales que proporcionen una excelente capacidad respiratoria que aumenten los rendimientos –como ocurre con la producción de levadura panadera, lo que se traduce en un patrón de restricción del DNA mitocondrial idéntico en distintas cepas– y que aumenten la resistencia a condiciones hostiles como altas concentraciones de etanol o acetaldehído que tienen lugar en el medio donde se desenvuelven las levaduras vínicas. Al final y como consecuencia de esta adaptación a un ambiente doméstico, la levadura va desarrollando una serie de mecanismos que le permitan mantener el genotipo óptimo y necesario en las condiciones ambientales a las que normalmente está expuesta. Las translocaciones y reorganizaciones cromosómicas dan estabilidad a las duplicaciones génicas y las amplificaciones que, en tándem, no se mantendrían debido a la pérdida de material genético por recombinación entre secuencias repetidas. Los mecanismos responsables de las reorganizaciones génicas no se conocen, pero podrían estar mediados por recombinación homóloga entre regiones subteloméricas Y'

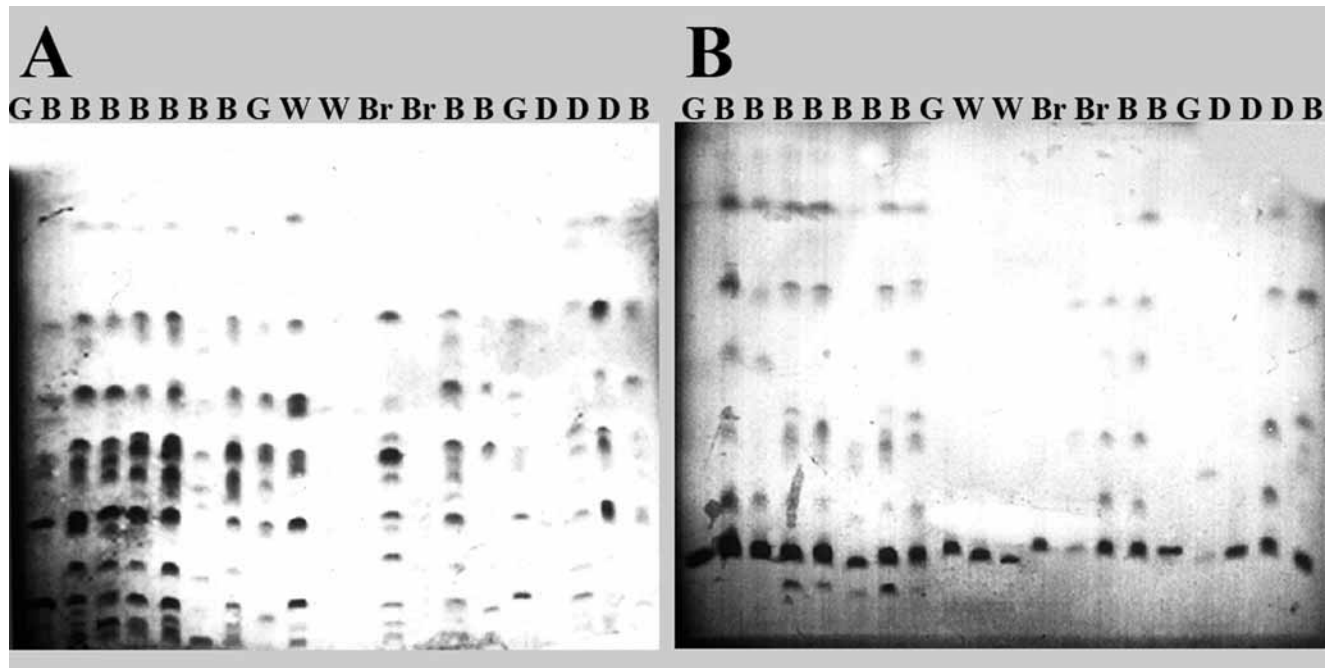


Figura 3. Presencia de elementos Ty1 (A) y del gen SUC que codifica la enzima invertasa (B) en los cromosomas de distintas cepas industriales (B, panaderas; W, vnicas; Br, cerveceras; D, de destilera) y de cepas de laboratorio (G) de *S. cerevisiae*. La invertasa hidroliza la sacarosa, y las cepas panaderas que se cultivan habitualmente en melazas donde la principal fuente de carbono es sacarosa, parecen poseer un alto nmero de copias de este gen (Citado en Bentez y Codn, 2002).

y/o transposicin de elementos Ty muy abundantes en cepas industriales (Figs. 3A y 3B), sobre todo Ty1 en cepas panaderas y Ty2 en cepas vnicas. El polimorfismo cromosmico por tanto introduce variabilidad y depende de, al menos, elementos Ty. Si tiene lugar la meiosis en alguna cepa, la frecuencia de translocaciones intercromosmicas, amplificaciones y recombinaciones homlogas, asimtricas y ectpicas es espectacularmente alta.

El polimorfismo cromosmico se ha asociado al hecho de que los genomios nuclear y mitocondrial de las levaduras codifican funciones gnicas requeridas para una adaptacin ptima a las condiciones industriales en las que se encuentran los distintos tipos de levaduras, lo que implica que obedezca a una fuerte presin selectiva. La amplifi- cacin de los genes SUC, responsables del metabolismo de la sacarosa, y su translocacin a otros cromosomas en levaduras panaderas y de destilera cultivadas en melazas (Fig. 3), sugieren un mecanismo de adaptacin que ha seleccionado las cepas que crecen mejor en medios donde la sacarosa es la principal fuente de carbono (Randez-Gil *et al.*, 2003). Es interesante el hecho de que la mayora de las cepas de *T. harzianum* no utilizan la sacarosa, posiblemente porque es un azcar que raramente se encuentra en su entorno natu-

ral. De hecho el gen SUC se ha utilizado como marcador de seleccin en algunos experimentos de transformacin con estas cepas. La seleccin de levaduras vnicas en bodegas con altas concentraciones de etanol y/o acetaldehido ha favorecido la seleccin de aneuploides con polisoma del cromosoma XIII donde se encuentra genes como ADH2 y ADH3 que codifican isoenzimas de la alcohol deshidrogenasa, implicadas en el metabolismo oxidativo del etanol durante las fases de maduracin de los vinos con crianza biolgica (Bentez y Codn, 2005).

Las cepas industriales comparten caractersticas tales como una utilizacin eficiente del azcar, alta tolerancia y produccin de etanol, buenas propiedades organolepticas, altas tasas de fermentacin, buen rendimiento y estabilidad gentica. Las pertenecientes a grupos especficos tienen a su vez caractersticas comunes como utilizacin de trisacridos, dextrinas o almidn, en el caso de las cepas panaderas, capacidad de flocular, baja produccin de compuestos sulfurados, alto potencial glicoltico o capacidad de fermentar maltosa en el caso de las cerveceras o resistencia a la congelacin, al almacenamiento o a la desecacin en el caso de inoculantes comerciales para panadera, vino, cerveza o destilados (Bentez y Codn, 2002, 2005; Randez-Gil *et al.*, 2003). Las levadu-

ras de flor son cepas vínicas que están presentes en los vinos de crianza biológica durante la maduración. Se dividen en razas con características metabólicas diferentes, un fuerte aislamiento sexual, a pesar de que son de la misma especie, y pérdida de capacidades metabólicas correlacionadas con una mayor capacidad de formar velo y una mayor tolerancia a etanol y acetaldehído. Por ejemplo, la raza *montuliensis*, algunas de cuyas cepas toleran 800 mg/l de acetaldehído, utilizan y fermentan glucosa pero han perdido la capacidad de utilizar galactosa, sacarosa, rafinosa, trehalosa o maltosa, mientras que la raza *cheresien-sis* sólo tolera unos 300 ó 400 mg/l de acetaldehído pero las cepas pueden utilizar glucosa, sacarosa, maltosa y rafinosa (Martínez *et al.*, 1998; Benítez y Codón, 2002, 2005). No sabemos si estas pérdidas obedecen a mutaciones puntuales o deleciones, pero en levaduras panaderas la incapacidad de utilizar melibiosa se debe a la ausencia del gen MEL, presente en otras cepas industriales (Randez-Gil *et al.*, 2003)

Aunque las cepas industriales de *S. cerevisiae* han perdido en gran medida la capacidad de esporular y hacer meiosis, el alto polimorfismo en tamaño y número de cromosomas y las amplificaciones, translocaciones y deleciones de genes indican reorganizaciones génicas durante los ciclos mitóticos que introducen variabilidad. Las reorganizaciones cromosómicas durante las mitosis son frecuentes entre organismos en los que no se conoce una fase sexual, probablemente como una alternativa para introducir variación a pesar de la ausencia de meiosis. Y esto podría estar ocurriendo en las cepas de *T. harzianum*, pero con una diferencia fundamental, y es la existencia de sistemas de recombinación homóloga poco eficientes. En *S. cerevisiae* aunque no haya meiosis, las recombinaciones siempre tienen lugar entre secuencias repetidas homólogas, incluso en cepas haploides, ya sea entre elementos Ty o entre regio-

nes subteloméricas Y'. En *T. harzianum* el número de cromosomas varía de 4 a 7, y el tamaño de 3 a 7 megabases, con enormes diferencias entre cepas tanto en tamaño, número y localización de genes, por ejemplo los correspondientes al ARN ribosómico (Kubicek y Harman, 1998). Parece que las reorganizaciones cromosómicas son tan abundantes que han favorecido el aislamiento sexual y la reproducción asexual de las cepas. No parece que haya secuencias repetidas. Todos los genes descritos hasta ahora están en copia única. Por ejemplo, se han encontrado hasta 50 quitinasas distintas y todas están codificadas por genes con un grado de similitud relativamente bajo, no se trata por lo tanto de familias génicas. Lo mismo ocurre con otras hidrolasas (Benítez *et al.*, 2004; Kubicek y Harman, 1998). Curiosamente *S. cerevisiae* posee un solo gen que codifica una quitinasa implicada en morfogénesis. Cuando se transforma una cepa de *T. harzianum* con copias de genes de la propia cepa, intactas o con inserciones para interrumpir la copia endógena, prácticamente todas las integraciones son ectópicas, la frecuencia de recombinación homóloga está por debajo de 1%, y se dan reorganizaciones durante varios ciclos de crecimiento/esporulación hasta que se estabilizan algunos transformantes que mantienen una o varias de las copias del gen de interés (Benítez *et al.*, 2004; Kubicek y Harman, 1998). Probablemente el propio proceso de transformación sea mutagénico y active mecanismos de reparación por recombinación, pero no cabe duda de la poca eficiencia del sistema de recombinación homóloga –dada la escasez de transformantes con integraciones en la copia endógena– y el rechazo a la presencia de copias repetidas de genes –dada la inestabilidad y pérdida de muchas de estas copias durante sucesivas generaciones–. Además, la entrada de ADN exógeno parece activar mecanismos de protección de la integridad genómica que incluye la degradación masiva del ADN exógeno

Tabla 1. Características fisiológicas de la cepa vínica IFI256.

Características	Medio de cultivo	Valor	Referencia ¹
Tasa máxima de crecimiento (μ)	YPD	0,42	1
Tasa máxima de crecimiento (μ)	YPF	0,41	1
Producción de etanol a 22 °C (%)	YPD + 50% sacarosa	13,6–14	2
Producción de etanol a 37 °C (%)	YPD + 50% sacarosa	11,8	2
Mutantes "petite" (%)	YPD	0,5	3
Mutantes "petite" (%)	YPDE8	2,9	3
T ^a máxima de crecimiento (°C)	YPD	40,5	1
T ^a máxima de crecimiento (°C)	YPDE10	27,7	1

¹Citado en: (1) Benítez y Codón, 2002; (2) Benítez y Codón, 2005; (3) Castrejón *et al.*, 2004.

introducido, de manera que las integraciones de copias completas de genes son bajísimas y casi inexistentes si se transforma con un plásmido lineal. Esto marca una diferencia importante con *S. cerevisiae* donde, incluso en cepas industriales, la recombinación homóloga tiene lugar en la mayoría de los casos en los que el fragmento que se introduce va flanqueado por 50 pares de bases de homología.

El entorno en que se encuentran las cepas de *Trichoderma* y *Saccharomyces* es claramente hostil. En el caso de *Trichoderma*, el suelo posee pocos nutrientes, hay mucha competencia con otras especies y con frecuencia la concentración de compuestos tóxicos como pesticidas y herbicidas es alta. En el caso de *Saccharomyces*, durante la fermentación los mostos poseen altas concentraciones de azúcar -lo que crea un fuerte estrés osmótico- o de etanol -altamente tóxico- (Tabla 1) hay mucha competencia con otras especies y/o hay falta de nutrientes y bajas temperaturas, incluida la congelación, como ocurre durante el almacenamiento de cepas panaderas o de cepas inculantes.

Uno de los mecanismos que comparten las cepas de *Trichoderma* y *Saccharomyces* para contrarrestar y sobrevivir en condiciones hostiles consiste en la síntesis de proteínas estructurales localizadas en la superficie celular. Muchos de los genes de estas proteínas comparten elementos comunes como es la presencia de dominios altamente conservados entre sí y entre distintas especies, repetidos un número variable de veces, que se traducen en proteínas de alto peso molecular. Este es el caso de la proteína Qid74 y otras similares de distintas especies de *Trichoderma* localizadas en micelio o en conidios, o las floculinas de levaduras. Otras veces las proteínas se procesan en péptidos que se corresponden con los dominios repetidos, como los repelentes de *Ustilago*, que se insertan en la pared de manera estratégica. Otro grupo de genes codifica para proteínas de bajo peso molecular como las hidrofobinas de hongos filamentosos o las aglutininas y florinas de levaduras (Rey *et al.*, 1998; Benitez *et al.*, 2004).

Los genes de estas proteínas generalmente responden a hambre de carbono o nitrógeno (Fig. 4) o a distintos tipos de señales como presencia de hospedadores, de patógenos, de metales, de etanol, estrés oxidativo o estrés hídrico. El elemento común de todas estas proteínas es un incremento espectacular de la hidrofobicidad celular que confiere a las células una mayor capacidad de adhesión o de reconocimiento y/o una mayor resistencia a la sequedad, a la tracción mecánica, a la lisis enzimática o a agentes desnaturizantes como el

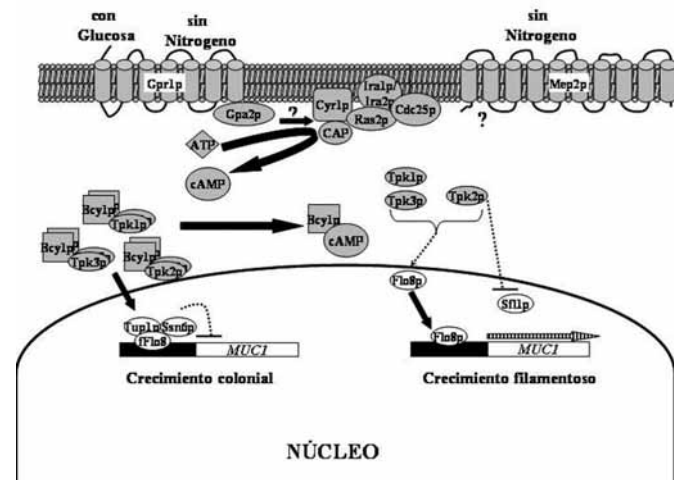


Figura 4. En condiciones de falta de nutrientes o -como ocurre en los vinos fortificados- la presencia de fuentes pobres de carbono y nitrógeno como el etanol y la prolina, *S. cerevisiae* aumenta la hidrofobicidad, se induce la filamentosidad y/o la formación de velo, y se desreprime la expresión de genes que codifican floculinas como MUC1 (FLO11) (Citado en Benítez y Codón, 2005).

pH extremo, el etanol o las altas temperaturas (Reynolds y Fink, 2001; Halme *et al.*, 2004).

Estas proteínas han sido esenciales para la colonización de la superficie terrestre por especies acuáticas y son determinantes en procesos específicos tan distintos como la capacidad de infección de hongos fitopatógenos (debido a su función en el proceso de adhesión o como fitotoxina) o de formación de velo en levaduras vínicas (Figs. 5A y 5B) (Martínez *et al.*, 1998; Benítez y Codón, 2002, 2005). La complementación de genes heterólogos que codifican este tipo de proteínas estructurales en organismos tan alejados taxonómicamente como hongos filamentosos y bacterias o levaduras y la enorme diversidad de condiciones estresantes contra las que protegen estas proteínas las convierten en un blanco interesante para estudiar mecanismos de protección y para el aislamiento de cepas altamente tolerantes a condiciones adversas.

En este sentido es fascinante el comportamiento de las levaduras vínicas de flor, que siendo cepas de la especie *S. cerevisiae*, marcan en los vinos finos un rasgo diferenciador debido a su metabolismo. Estas levaduras, como se ha indicado, crecen en la superficie de vinos fortificados que poseen 16% de etanol y carecen de fuente de carbono fermentable (Figs. 5A y 5B). La fuente de nitrógeno es prolina y el metabolismo en estas condiciones es oxidativo. La falta de amonio y glucosa activa en las células un mecanismo de

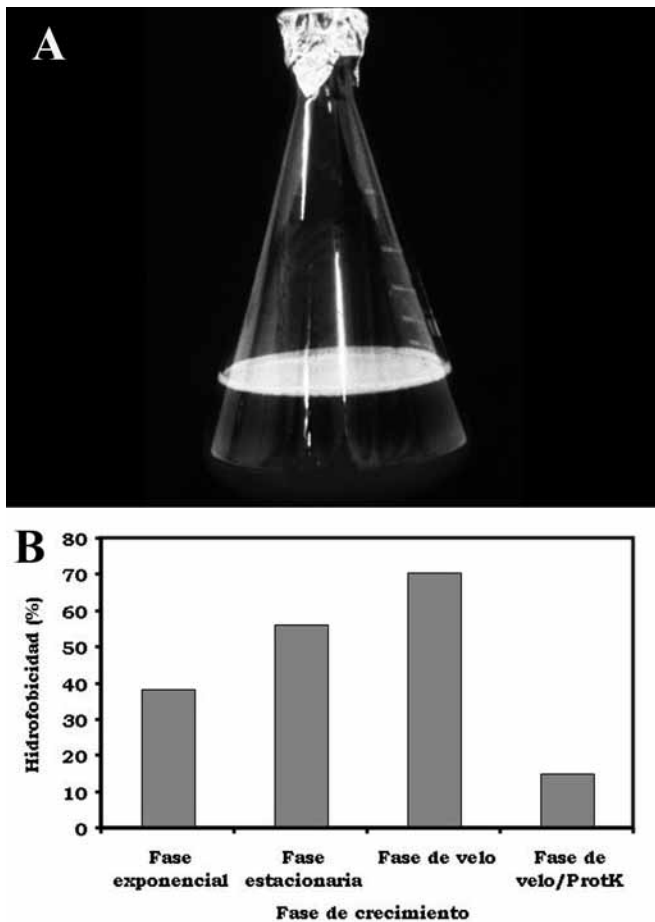


Figura 5. (A) Aspecto del velo de flor formado por la cepa de *S. cerevisiae* B16, en un matraz conteniendo mosto fermentado y fortificado. **(B)** La hidrofobicidad celular aumenta con la concentración de etanol, y parece venir determinada por la presencia de proteínas de superficie, puesto que el tratamiento con proteasas va acompañado de un descenso de la hidrofobicidad.

seudo-filamentación, con incremento de la hidrofobicidad, como ocurre en las formas miceliales (Fig. 4), un metabolismo exclusivamente respiratorio, un aumento de la resistencia a condiciones de estrés oxidativo, a desecación y a condiciones hostiles como altas concentraciones de acetaldehído y etanol y un aumento considerable de la adherencia célula-célula que concluye en la formación de un velo en la superficie del vino (Fig. 5). El aumento de la hidrofobicidad y la capacidad de adherencia se deben, entre otros factores, a la fuerte inducción del gen que codifica la proteína Muc1, también llamada Flo11, una floculina posiblemente responsable de la formación del velo y de filamentación (Fig. 4) (Martínez *et al.*, 1998; Benítez y Codón, 2002, 2005; Halme *et al.*, 2004; Reynolds y Fink, 2001). Se han descrito cepas de *Saccharomyces* que en condiciones de hambre

activan simultáneamente la filamentación y la expresión de genes que codifican amilasas, lo que refleja probablemente la situación en la naturaleza donde la falta de nutrientes conduce a un crecimiento invasivo y a la activación de genes que permitan la utilización de fuentes de carbono alternativas. En el caso de las levaduras de flor, la formación de pseudo-filamentos, el metabolismo oxidativo, la resistencia a condiciones hostiles y compuestos tóxicos, el aumento de la hidrofobicidad, el aislamiento sexual y la homogeneidad de los patrones cromosómicos de diferentes cepas, que indica pocas reorganizaciones cromosómicas, las aproxima a un tipo de comportamiento más parecido al de hongos filamentosos como *T. harzianum*. Sin embargo no hay que olvidar que el entorno de las levaduras de flor son las botas de vino fino, mientras que *T. harzianum* es un hongo del suelo, donde la mayoría de los nutrientes los obtiene por degradación de polímeros de alto peso molecular con hidrolasas extracelulares y donde la resistencia a herbicidas, fungicidas o sustancias tóxicas producidas por otros organismos va asociada a un alto número de transportadores ABC.

Asimilación de nutrientes en *S. cerevisiae* y *T. harzianum*

Frente a cepas de *S. cerevisiae*, sobre todo levaduras de flor que parecen haber sufrido pérdida de capacidades metabólicas relacionadas con una mayor tolerancia a etanol, una de las ventajas de la mayoría de las cepas de *T. harzianum* es su versatilidad metabólica, que las capacita para colonizar el entorno de forma eficaz evitando la proliferación de otros organismos. Esta capacidad de captar nutrientes a muy baja concentración o difícilmente asimilables ha resultado ser uno de los principales mecanismos de control biológico, por ejemplo, el hierro que se encuentra a concentraciones por debajo de 10^{-8} M y que algunas cepas capturan gracias a sideróforos de alta afinidad, inhibiendo el desarrollo de otros hongos, entre ellos cepas patógenas. El carbono y el nitrógeno lo obtienen las cepas tras la hidrólisis de polímeros de alto peso molecular –como celulosa, hemicelulosa o pectina– presentes en las paredes celulares de los restos vegetales, o quitina o glucano presentes en las paredes de los hongos a los que ataca. La expresión de los genes de enzimas hidrolíticas está controlada por la fuente de carbono, de modo que la transcripción se reprime en presencia de fuentes de carbono fácilmente asimilables como glucosa. A veces la ausencia de glucosa es suficiente para la expresión de muchos de

los genes, mientras que en otros casos es necesaria una inducción específica, generalmente por quitina (Benítez *et al.*, 2004). La molécula que específicamente induce la expresión no se conoce, pero se especula con oligosacáridos de bajo peso molecular como di o trisacáridos de quitina, posiblemente unidos a un aminoácido. En *T. harzianum* se ha identificado un gen que codifica un factor de transcripción, Cre1, que media la represión por glucosa. La proteína Cre1 posee dos dedos de zinc que se unen a secuencias específicas que, en los promotores en los que es funcional, se encuentran en pareja, separadas unos pares de bases. En muchos promotores de hidrolasas no existen secuencias conservadas de unión a Cre1, lo que apunta a la existencia de otros factores que controlen la represión por fuente de carbono (Kubicek y Harman, 1998; Harman *et al.*, 2004). Un factor de transcripción que media la represión por glucosa en *S. cerevisiae* es Mig1, que reprime simultáneamente la expresión de genes implicados en la utilización de fuentes alternativas de carbono –como ocurre en *T. harzianum*– en la acumulación de trehalosa, en gluconeogénesis y en respiración. Mientras que la represión de la gluconeogénesis, la síntesis de trehalosa o la utilización de otras fuentes de carbono en presencia de glucosa hace que dichos mecanismos se activen sólo cuando son necesarios, la represión del metabolismo respiratorio sólo puede tener una interpretación de competencia ecológica. La glucosa a través del factor de transcripción Mig1 impide su metabolismo hasta CO₂ y agua via respiración, con formación de biomasa y con la ganancia de 36 moles de ATP por mol de glucosa. Incluso en presencia de oxígeno el metabolismo es fermentativo, de forma que más del 95% de la glucosa se metaboliza hasta etanol como intermediario metabólico, que en ausencia de dicho azúcar puede ser utilizado como fuente de carbono en detrimento de otras especies que no pueden utilizarlo. El rendimiento es en este caso de 2 moles de ATP por mol de glucosa, respirándose sólo un 5% o menos del azúcar. Finalmente y como ocurre en los promotores de genes de hidrolasas de *T. harzianum*, algunos promotores de genes *S. cerevisiae* requieren sólo la falta de glucosa para su expresión, por ejemplo los genes SUC, mientras que otros precisan de inductores específicos como los genes MAL (Randez-Gil *et al.*, 2003; Benítez y Codón, 2002, 2005).

Como ocurre con la fuente de carbono, la transcripción de genes implicados en la utilización de fuentes de nitrógeno de difícil asimilación se reprime en presencia de otras fuentes fácilmente asimilables como el amonio o la glutamina tanto en *T. harzianum* como en *S. cerevisiae*. Este control

está mediado en *T. harzianum* posiblemente por un factor de transcripción ortólogo al de AreA en *Aspergillus*, que se une a secuencias específicas mediante un motivo de dedos de zinc, y un sistema específico de inducción mediado por sustratos concretos. Muchos genes de *T. harzianum* tienen secuencias de unión a AreA y se expresan específicamente en fuentes pobres de nitrógeno, por ejemplo los que codifican algunas proteasas y glucanasas, mientras que la presencia de quitina incrementa la expresión. La inducción generalizada de genes por quitina y la presencia de este polímero en la pared de la mayoría de los hongos filamentosos ha sugerido la existencia de una expresión coordinada de genes de antagonismo de *T. harzianum* desencadenada por oligómeros de quitina.

Además de la falta de carbono y nitrógeno, muchos genes de hidrolasas de *T. harzianum* parecen inducirse ante señales de estrés general. Se ha aislado en *T. harzianum* una proteína denominada Seb1, capaz de unirse a secuencias de promotores relacionadas con las que en *S. cerevisiae* responden a los factores de transcripción Msn2 y Msn4, que median la respuesta génica ante varios tipos de estrés.

Metabolismo del carbono y el nitrógeno en *S. cerevisiae* y *T. harzianum*

S. cerevisiae se encuentra habitualmente en las bodegas o sobre pieles de uvas y otros frutos que al romperse permiten el contacto de las levaduras con sustratos muy ricos en azúcar, del orden del 20 al 30% (p/v) (Tabla 1). La actividad fermentativa de las células convierte progresivamente el azúcar en etanol, hasta alcanzar concentraciones de entre 10 y 15% (v/v) dado que casi todo el azúcar se transforma en etanol (Tabla 1). Bajo un punto de vista aplicado, interesa que las cepas vínicas conviertan todo el azúcar en etanol y no dejen azúcar residual. Entre otras razones, el consumo total de azúcar evita posibles contaminaciones del vino con organismos no deseados. El papel determinante en el metabolismo de azúcares lo tienen los transportadores. Los transportadores de hexosa de *S. cerevisiae* pertenecen a una superfamilia de la que se han identificado 20 genes (HXT), todos de secuencia muy parecida, se han clonado y caracterizado y se sabe que están implicados en el transporte de glucosa, manosa y fructosa. De estos transportadores se generan básicamente dos sistemas de transporte, uno constitutivo de baja afinidad, con Km de 15 a 20 mM, y otro reprimible por glucosa de alta afinidad, con Km de 1 mM (Perez *et al.*, 2005). En hongos



Tahía Benítez Fernández (2ª por la derecha) es Licenciada en Ciencias Biológicas y Doctora en Ciencias por la Universidad de Salamanca. Realizó su tesis doctoral sobre morfogénesis de la pared celular de *Trichoderma viride* en el Dpto. de Microbiología de la Universidad de Salamanca bajo la dirección de los Profs. J.R. Villanueva e I. García Acha. Posteriormente estuvo en la Universidad de Edimburgo durante tres años trabajando en ciclo celular de levaduras bajo la dirección del Prof. J.M. Mitchison. Desde 1980 trabaja en el Departamento de Genética de la

Universidad de Sevilla donde ha colaborado con el Dr. J. Conde en heterocariontes de levaduras y en la genética de la producción y tolerancia a etanol. Ha sido *Visiting Scientist* en el *Solar Energy Research Institute* de Golden, Colorado. Actualmente es Catedrática de Genética en la Universidad de Sevilla. Sus líneas de investigación versan sobre caracterización y mejora de levaduras industriales, fundamentalmente panaderas y vnicas, y de cepas de *Trichoderma* para su empleo como biofungicidas.

Antonio C. Codón (2º por la izquierda) es Licenciado y Doctor en Biología por la Universidad de Sevilla. Realizó su tesis doctoral sobre caracterización y mejora de cepas panaderas de *Saccharomyces cerevisiae* bajo la dirección de la Dra. Tahía Benítez. Durante este periodo realizó una estancia corta en los laboratorios de ALKO Ltd en Helsinki (Finlandia) y posteriormente estancias posdoctorales en el *Max-Planck Institute* de Berlin (Alemania) y en la *Cornell University* de Nueva York (EEUU). Desde 2000 trabaja en el Dpto. de Genética de la Universidad de Sevilla y paralelamente ha colaborado como investigador con la empresa Agrométodos S.A. y como Profesor Asociado en la Universidad de Málaga durante los cursos 2002-2004.

Ana María Rincón Romero (1ª por la derecha) es licenciada y doctora en Biología por la Universidad de Sevilla. Realizó su tesis doctoral sobre hidrolasas del hongo filamentoso *Trichoderma* y su aplicación en distintas estrategias de mejora del control biológico, en el grupo que dirige la profesora T. Benítez. Paralelamente ha trabajado en la mejora de levaduras de interés industrial, concretamente en las panaderas. Ha realizado una estancia posdoctoral en el laboratorio del Prof. C. Scazzocchio, Universidad *Paris-Sud*, para estudiar genes implicados en el desarrollo de *Aspergillus nidulans*. Actualmente es Ayudante de Universidad y trabaja en el grupo dirigido por la Profesora T. Benítez.

Miguel Angel Moreno Mateos (1º por la izquierda) es Licenciado y Doctor en Biología por la Universidad de Sevilla. Ha realizado su Tesis Doctoral sobre la regulación por pH ambiental en el agente de biocontrol *Trichoderma harzianum*, caracterizando el factor de transcripción responsable. Ha realizado una estancia corta en el laboratorio del Dr. M. A. Peñalva, trabajando sobre la ruta endocítica del hongo *Aspergillus nidulans*.

filamentosos del suelo los transportadores de glucosa de baja afinidad tienen K_m de 1 a 5 mM y los de alta afinidad de 1 a 15 μ M, lo que refleja la diferente disponibilidad de glucosa en el medio. Además el transporte de glucosa en *S. cerevisiae* es por difusión facilitada, mientras que en hongos filamentosos el proceso requiere gasto de ATP. Concretamente en *T. harzianum* se ha aislado un gen que codifica un transportador de glucosa de alta afinidad, *gtt1*, con K_m de 10 a 15 μ M y que aparece en el genoma en copia única (Delgado-Jarana *et al.*, 2003). El incremento del transporte de glucosa en un transformante que expresa una segunda copia del gen apoyan que *gtt1* sea el único gen que codifica un transportador de glucosa de alta afinidad y le confiere un papel importante o esencial en el metabolismo del carbono en *T. harzianum*, puesto que la celulosa, los glucanos y la mayoría de los polímeros que hidroliza dan

glucosa como producto final de hidrólisis. El promotor de este gen tiene varias secuencias de unión a Cre1 y el patrón de expresión sugiere que estas secuencias son funcionales. Además en éste y otros transportadores de hexosas de hongos filamentosos parece que juega un papel importante la regulación por pH. Estos resultados apoyan que el transportador de glucosa codificado por *gtt1* está asociado al simporte de protones, dado que la disponibilidad de este ión es un factor esencial en la regulación por pH en este tipo de sistemas. Es posible que *T. harzianum* bajo un metabolismo respiratorio, alto rendimiento energético, crecimiento lento y con poca disponibilidad de glucosa en el medio, necesite sólo dos transportadores de glucosa, uno de alta y otro de baja afinidad. Además, las situaciones de antagonismo combinadas con la presencia de un transportador de glucosa de alta afinidad permitirían obtener energía

de los polímeros hidrolizados de las paredes celulares incorporando rápidamente las moléculas de azúcar en el interior celular, potenciando la capacidad antagonista con la competición por los nutrientes (Delgado-Jarana *et al.*, 2002). En *S. cerevisiae* es posible que, el hecho de que la fermentación rinda poco ATP obligue a un flujo altísimo de glucosa -mediado por numerosos transportadores- que habitualmente está presente a altas concentraciones pero cuya concentración cambia continuamente durante la fermentación. Estos transportadores también están regulados por la concentración de glucosa, de modo que los de alta afinidad como HXT2, HXT4, HXT6 y HXT7 se expresan a concentraciones bajas de sustrato (Perez *et al.*, 2005). Cuando se sobreexpresa en levaduras HXT2 se acorta sensiblemente el período de latencia previo a la fermentación de mostos. La sobreexpresión en levaduras de un transportador de alta afinidad de hongos filamentosos como Gtt1 permitiría además agotar completamente la fuente de carbono y evitaría la presencia de azúcar residual en los mostos fermentados. La interrupción de otros genes como NGR1 y GID7 da lugar a una mejora del catabolismo de azúcares en cepas vínicas. Los mutantes durante la fermentación de los mostos catabolizan más azúcar por fuente nitrogenada, que suele ser limitante en estos medios y causa común de dificultades en la fermentación. NGR1 está ligado a la respuesta a estrés por altas concentraciones de azúcar, mientras que GID7 interacciona con el transportador de hexosas de alta afinidad HXT7. Es posible que las deleciones de estos genes reduzcan la demanda de nitrógeno y/o eviten la inactivación de HXT7 (Perez *et al.*, 2005).

Por otra parte, la degradación de polímeros orgánicos por *T. harzianum* da lugar fundamentalmente a glucosa, pero también N-acetil-glucosamina, galactosa y manosa. De hecho, junto a la glucosa el otro monómero abundante resultante de la hidrólisis de paredes celulares de hongos es la N-acetil-glucosamina, que *T. harzianum* puede utilizar como fuente de carbono y nitrógeno. El transportador Gtt1 no transporta ni xilosa ni galactosa, ni N-acetilglucosamina, aunque este último azúcar parece ser un inductor específico de su expresión en condiciones en las que la N-acetilglucosamina es fuente de carbono y de nitrógeno. Es posible que haya numerosos transportadores en hongos filamentosos especializados en transportar casi exclusivamente un azúcar, dada la enorme variedad de azúcares que estos hongos pueden metabolizar. En *S. cerevisiae* en cambio casi todos los transportadores se centran en el transporte preferente de glucosa, aunque se pue-

den transportar otros azúcares, como maltosa, fructosa y otras hexosas, con mucha menos afinidad. Puede que la inducción de Gtt1 por N-acetilglucosamina, como monómero resultante de la hidrólisis de quitina, sea el resultado de una respuesta generalizada, derivada de una situación de antagonismo que pretende hidrolizar y asimilar al mismo tiempo, de manera que los hidrolizados de quitina activan simultáneamente toda una batería de genes implicados en *T. harzianum* en distintos procesos y no necesariamente relacionados con el metabolismo de la quitina.

Por otra parte, tanto *S. cerevisiae* como *T. harzianum* son hongos acidófilos moderados, y que bajan el pH por debajo de 2,0 cuando crecen activamente en medios con glucosa y amonio. La expresión de genes en función del pH externo está modulada en hongos por factores de transcripción como PacC en *T. harzianum* y otros hongos filamentosos y RIM101 en *S. cerevisiae* y otras levaduras. Ambos factores de transcripción presentan similitudes en los dedos de zinc, y controlan la expresión de numerosos genes, entre ellos genes de hidrolasas, de transportadores de azúcares, genes de proteínas integrantes de la pared celular y fenómenos como la filamentación en algunos hongos dimórficos. Además controlan la resistencia a estrés osmótico y salino y la producción y resistencia a algunos antibióticos (Peñalva y Arst, 2004).

La incapacidad de *S. cerevisiae* y de *T. harzianum* de crecer a pH alcalino se ha asociado a la necesidad de un ambiente ácido para transportar azúcares y aminoácidos mediante un simporte de protones, o a la toxicidad del amonio, si es ésta la fuente de nitrógeno, cuando aumenta el pH, ya que en estas condiciones se favorece la entrada de NH_3 por difusión frente a la entrada activa de NH_4^+ . En *S. cerevisiae* y otras levaduras se ha propuesto que la deficiencia de hierro y otros elementos es uno de los factores que dificulta el crecimiento a pH alcalino. Cuando se inocula *T. harzianum* en medios con glucosa y amonio, se produce una acidificación asociada al consumo de amonio, puesto que ocurre tanto a altas como a bajas concentraciones de glucosa o con otras fuentes de carbono como glicerol, y no ocurre cuando la fuente de nitrógeno es peptona o caseína. La acidificación no resulta de la liberación de ácidos orgánicos sino posiblemente de H^+ , como ocurre durante la fermentación con *S. cerevisiae*. Esta acidificación no ocurre en presencia de quitina, lo que le asigna un papel tamponador y permite sugerir que en la naturaleza las enzimas hidrolíticas de *T. harzianum* funcionan a intervalos de pH óptimos, entre 4 y 6, propiciados por la

presencia de quitina en las paredes celulares de la mayoría de los hongos y que son degradadas por *T. harzianum*. Como ocurre en *T. harzianum*, en levaduras la fuente de nitrógeno es también un factor importante con influencia en la acidificación del medio. De este modo, cuando es amonio la fuente de nitrógeno se produce un grado de acidificación que no tiene lugar cuando la levadura crece con urea u otras fuentes alternativas al amonio.

Conclusiones

Parece que el ambiente en el que se desarrollan los hongos filamentosos y las levaduras ha condicionado de forma sustancial sus características morfológicas y metabólicas. Las formas filamentosas favorecen los crecimientos invasivos, como hace *T. harzianum* cuando antagoniza un hongo o coloniza una superficie vegetal. La presencia de buenos sistemas de secreción de enzimas extracelulares permite crecer sobre estos sustratos y justifican la enorme versatilidad metabólica, acompañada de sistemas muy específicos de transporte de alta afinidad. Las formas unicelulares se ven favorecidas en medios líquidos como le ocurre a *S. cerevisiae* en las destilerías, las cervecerías o las bodegas, o cuando coloniza un fruto y fermenta el zumo. De esta forma lo que en *T. harzianum* (micelio) y *S. cerevisiae* (levadura) era sólo la fase de un ciclo se convierte en la condición natural de la especie.

El metabolismo del carbono en *S. cerevisiae* se ha especializado en monosacáridos, sobre todo glucosa, que convierte en etanol, al que tolera hasta concentraciones de más del 15% y que puede utilizar como fuente de carbono, lo que le confiere ventajas frente a otros organismos. Además, las funciones metabólicas y de crecimiento de ambos tipos de microorganismos interaccionan con otros factores ambientales como el pH. Por un lado, como resultado del metabolismo se modifica el pH y por otro, el pH condiciona el tipo de respuesta metabólica. Bajo el punto de vista genético, sistemas poco eficaces de recombinación homóloga en hongos filamentosos se ven compensados con grandes reorganizaciones de los cromosomas, que aumentan la variabilidad genética.

En *S. cerevisiae* la meiosis y la recombinación homóloga son muy importantes, pero las cepas industriales han seleccionado otras características como la apomixia o los genomas aneuploides, que les permiten protegerse y al mismo tiempo mantener la constitución genética idónea para el ambiente en el que se encuentran.

Bibliografía

- Benítez, T. y Codón, A.C. Genetic Diversity of Yeasts in Wine Production. *En: Applied Mycology and Biotechnology*, vol 2: Agriculture and Food Production, pp. 19-44. G.G.Khachatourians y D.K.Arora (Eds.), Elsevier Science (2002).
- Benítez, T. y Codón, A.C. Levaduras de vinos de crianza biológica. *En: Microbiología del Vino*, pp. 78-114. A.V. Carrascosa, R.Muñoz y R.González (Coord.), AMV Ediciones (2005).
- Benítez, T., Rincón, A.M., Limón, M.C. y Codón, A.C. Biocontrol mechanisms of *Trichoderma* strains. *Int. Microbiol.* 7. 249-260 (2004)
- Castrejón, F., Martínez-Force, E., Benítez, T. y Codón, A.C. Genetic analysis of apomictic wine yeasts. *Curr. Genet.* 45: 187-196 (2004).
- Delgado-Jarana, J., Moreno-Mateos, M.A. y Benítez, T. Glucose uptake in *Trichoderma harzianum*: role of gtt1. *Eucaryot. Cell* 2: 708-717 (2003).
- Halme, A., Bumgarner, S., Styles, C. y Fink, G.R. Genetic and epigenetic regulation of the FLO gene family generates cell-surface variation in yeast. *Cell* 116: 405-415 (2004).
- Harman, G., Howell, C.R., Viterbo, A., Chet, I. y Lorito, M. *Trichoderma* species-opportunistic, avirulent plant symbionts. *Nat. Rev. Microbiol.* 2: 43-56 (2004).
- Kubicek, C.P. y Harman, G.E. (Eds.). *Trichoderma and Gliocladium*, vols. 1 y 2. Taylor and Francis (1998).
- Martínez, P., Valcárcel, M.J., Pérez, L. y Benítez, T. Metabolism of *Saccharomyces cerevisiae* flor yeasts during fermentation and biological aging of fino sherry: by-products and aroma compounds. *Am. J. Enol. Vitic.* 49: 240-250 (1998).
- Peñalva, M.A. y Arst, H.N.Jr. Recent advances in the characterization of ambient pH regulation of gene expression in filamentous fungi and yeasts. *Annu. Rev. Microbiol.* 58; 425-451 (2004).
- Perez, M., Luyten, K., Michel, R., Riou, C. y Blondin, B. Analysis of *Saccharomyces cerevisiae* hexose carrier expression during wine fermentation: both low- and high-affinity Hxt transporters are expressed. *FEMS Yeast Res.* 5: 351-361 (2005).
- Randez-Gil, F., Aguilera, J., Codón, A.C., Rincón, A.M., Estruch, F. y Prieto, J.A. Baker's yeast: challenges and future prospects. *En: Topics in Current Genetics*, vol. 2: Functional Genetics of Industrial Yeasts. pp. 57-92. J.H.de Winde (Ed.) Springer (2003).
- Rey, M., Ohno, S., Pintor-Toro, J.A., Llobell, A. y Benítez, T. Unexpected homology between inducible cell wall protein QID74 of filamentous fungi and BR3 salivary protein of the insect *Chironomus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95: 6212-6216 (1998).
- Reynolds, T.B. y Fink, G.R. Bakers' yeast, a model for fungal biofilm formation. *Science* 291: 878-881 (2001).