

Prediciendo la funcionalidad de ecosistemas vínicos a partir de la composición de su comunidad de levaduras

MIGUEL DE CELIS^{1,2}, JAVIER RUIZ¹

¹Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología; Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid, Madrid.

²Departamento de Suelo, Planta y Calidad Ambiental; Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), Madrid.

✉ migueldc@ucm.es; javiru02@ucm.es

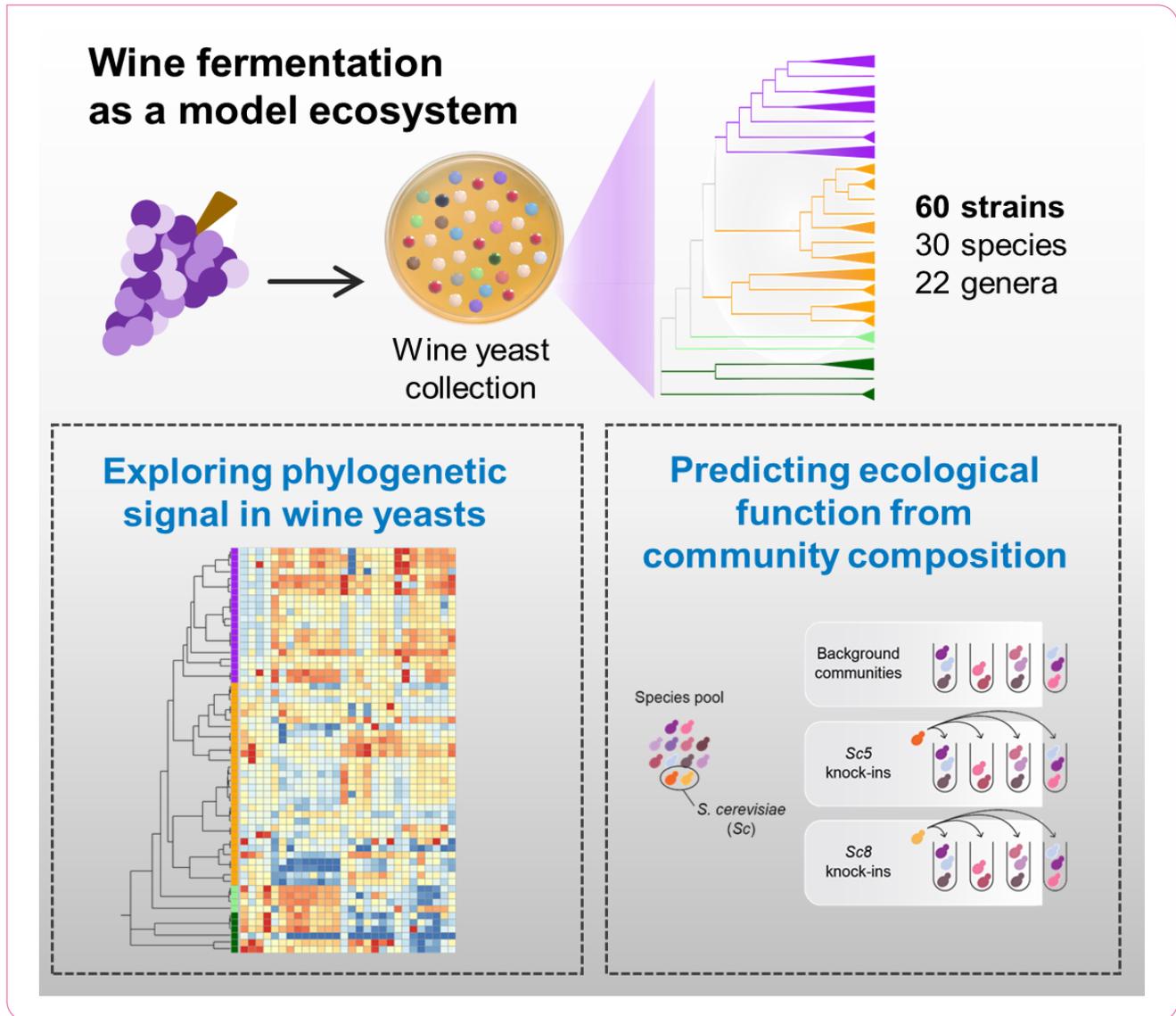


Figura 1. Explorar la conexión entre composición taxonómica y funcionalidad de un ecosistema es uno de los objetivos principales de la ecología microbiana. Para poder lograrlo es necesaria la existencia de una señal filogenética que permita predecir la funcionalidad del ecosistema en base a su composición taxonómica.

Los microorganismos se han explotado durante milenios con fines biotecnológicos, desde una producción de alimentos tradicional hasta las actuales biofactorías.

Muchos de estos procesos no los llevan a cabo una sola especie, sino comunidades complejas de microorganismos, donde es difícil identificar la relación entre su com-

posición taxonómica y las funciones que desempeña. Las funciones de estos ecosistemas emergen de las contribuciones individuales de cada miembro y de sus

interacciones ecológicas. En este contexto se desarrolló nuestro trabajo, que tiene como objetivo modelizar el ecosistema de un proceso biotecnológico de alta relevancia industrial, la fermentación del vino, desde un punto de vista de ecología microbiana. En concreto, utilizamos marcos conceptuales para predecir la función del ecosistema del vino (fermentación alcohólica) a partir de su composición de especies de levaduras. Para ello, primero es necesario identificar la contribución funcional de cada especie integrante y si es predecible a partir de su filogenia. Después es necesario comprender cómo la presencia de otros miembros de la comunidad afecta a estas funciones individuales. Aquí es donde ganan importancia las interacciones ecológicas entre los miembros de la comunidad.

En este trabajo investigamos la relación filo-funcional individual de 60 cepas de 30 especies de levaduras vínicas, analizando un total de 43 fenotipos de interés ecológico e industrial. Observamos que la mayoría de los fenotipos presentaban señal filogenética, pudiendo decir que las cepas más cercanas filogenéticamente presentaban comportamientos fenotípicos más similares. De hecho, utilizando modelos predictivos a partir de la filogenia fuimos capaces de predecir la función de una nueva colección de levaduras para 42 de los 43 fenotipos estudiados.

Para evaluar el efecto de las interacciones ecológicas a la hora de predecir

la función de ecosistema en un contexto complejo, seleccionamos 10 de las cepas estudiadas y las ensamblamos en comunidades sintéticas de entre 2 y 6 integrantes. Calculamos el efecto funcional de cada levadura, es decir, cómo cambia la función de una comunidad cuando se inocula esta, en comparación con la misma comunidad cuando no está inoculada dicha cepa. Integrando el efecto funcional de cada miembro de la comunidad pudimos predecir la función de nuevas combinaciones de cepas estudiadas en comunidades complejas. Así, al entender cómo se comportan las cepas en diferentes contextos pudimos anticipar la función de cualquier comunidad aleatoriamente ensamblada.

En conclusión, entender las capacidades funcionales y las interacciones ecológicas entre las diferentes levaduras vínicas permitiría el diseño de consorcios de levaduras para elaborar vinos con unas características predecibles y deseadas. Con este trabajo, queremos fomentar el uso de alimentos fermentados como ecosistemas modelo para abordar preguntas fundamentales en ecología y evolución, pero también para adoptar los marcos conceptuales de estas disciplinas con el fin de obtener una comprensión más integrada de los procesos industriales basados en microorganismos.

Este estudio, recientemente publicado en *Molecular Systems Biology* (<https://doi.org/10.15252/msb.202311613>) ha sido desarrollado durante la etapa postdoctoral

de Miguel de Celis y Javier Ruiz, integrados en el grupo *Microbial Interactions Network and Ecology* (<http://minelab.bioucm.es/>) dentro del proyecto *Wineteractions* (10.13039/501100011033) liderado por Ignacio Belda. El grupo está interesado en comprender la ecología de comunidades microbianas que llevan a cabo procesos industriales, estudiando el papel individual de las especies microbianas clave en los ecosistemas antropogénicos y sus interacciones con el resto de la comunidad y con el ambiente. El grupo está compuesto por microbiólogos, ecólogos y bioinformáticos, que trabajan juntos para lograr una comprensión más integrada del funcionamiento y evolución de estos ecosistemas microbianos.