

Resumen

Saccharomyces cerevisiae, además de ser un importante organismo modelo en biología, es indiscutiblemente la especie de levadura más utilizada en procesos fermentativos industriales, incluyendo el sector enológico. Su capacidad de fermentar en concentraciones elevadas de azúcares, tolerar concentraciones altas de etanol y soportar la adición de sulfitos, son algunos de los factores que explican su éxito en fermentaciones vínicas. El metabolismo fermentativo de *S. cerevisiae* en condiciones enológicas se conoce bien gracias a una amplia bibliografía científica. En cambio, aún se sabe poco sobre el metabolismo de las especies de *Saccharomyces* criotolerantes, *S. uvarum* y *S. kudriavzevii*, quienes han suscitado recientemente el interés del sector vitivinícola por sus buenas propiedades fermentativas a bajas temperaturas, tales como la producción de vinos con mayor contenido en glicerol y alta complejidad aromática, llegando a veces a reducir su contenido en etanol. En este contexto, esta tesis pretende ampliar nuestros conocimientos sobre el metabolismo fermentativo de *S. uvarum* y *S. kudriavzevii* en condiciones enológicas, profundizando en el entendimiento de las diferencias existentes con el de *S. cerevisiae*, así como entre cepas de *S. cerevisiae* de distintos orígenes. Para ello, hemos utilizado varias técnicas ómicas para analizar la dinámica de los metabolomas (intra- y extracelulares) y/o transcriptomas de cepas representativas de *S. cerevisiae*, *S. uvarum* y *S. kudriavzevii* a alta (25 °C) y baja (12 °C) temperatura de fermentación. También, hemos desarrollado un modelo metabólico a escala de genoma que, junto a un análisis de balance de flujos, es capaz de cuantificar los flujos a través del metabolismo del carbono y del nitrógeno de levaduras en cultivo de tipo batch. Así, el conjunto de estos trabajos nos ha permitido identificar rasgos metabólicos y/o transcriptómicos relevantes para el sector enológico en estas especies. También se aporta nueva información sobre las especificidades de redistribución de flujos en la red metabólica de levaduras del género *Saccharomyces* acorde a la especie y las fluctuaciones ambientales que ocurren durante una fermentación vínica.