

Designação do projeto | WYG - Advancing wine yeast genomics –exploring the evolutionary dimensions of domestication and the emergence of virulence

Código do projeto | PTDC/BIA-MIC/30785/2017

Objetivo principal | Este projeto contribuirá para a valorização de leveduras autóctones da região dos vinhos do Douro e Porto e para a racionalização dos processos produtivos relacionados com a enologia. Permitirá que vinhos nacionais atinjam parâmetros de desenvolvimento tecnológico semelhantes a produtos semelhantes internacionais. O projeto permitirá o desenvolvimento de uma cultura de arranque (starter) apropriada para o vinho do Porto, um aspeto que poderá ter relevância comercial com contrapartidas para o IVDP.

Região de intervenção | Lisboa 87,73%; Centro 8,89%; Norte 3,39%

Entidade beneficiária | NOVA.ID.FCT; Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. (INIAV, I.P.) ; Universidade do Minho

Data da aprovação | 23/03/2018

Data de início | 01/10/2018

Data de conclusão | 30/03/2022

Custo total elegível | 232.496,32€; (INIAV – 21.325,00€)

Apoio financeiro total da União Europeia | FEDER – 0
Apoio OE | 232.496,32€ (INIAV – 21.325,00€)

Objetivos, atividades e resultados esperados

Like plants and animals, microbes have also been domesticated but our knowledge of the genetics of these transformations is very incomplete. Key

steps of *Saccharomyces cerevisiae* domestication have been uncovered but major questions remain unanswered. We propose a new conceptual framework in which domestication, rather than a linear change from a wild state to a domesticated one, is a multi-scale evolutionary process that involves compound and independent events and persistent contact between wild and domesticated lineages. Three fundamental questions will be addressed: 1 are regional breeds recognizable at the genomic and phenotypic level? 2 do some complex and poorly known lineages, like that of cachaça yeasts in Brazil, result from secondary rounds of domestication? 3 is the emergence of virulence a consequence of domestication and exadaptation, combined? This study will bring a fine grained genomics picture of regional variants and a new global perspective to microbe domestication.