

Caracterización de los reservorios y la biodiversidad de levaduras *Saccharomyces cerevisiae* en un viñedo comercial durante un ciclo fenológico completo de la vid.



González M.L. (1), Chimeno V. (2), Sturm M.E. (2), Lerena M.C. (1,2), Massera A. (2), Combina M. (1,2), Mercado L. (2,3).

Dirección de correo: mercado.laura@inta.gob.ar

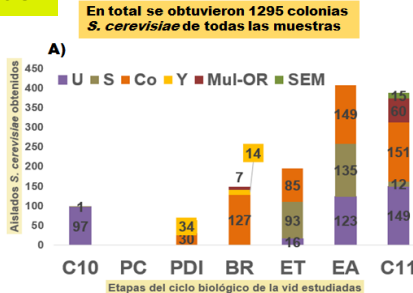
(1) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). (2) Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA Mza INTA). (3) Universidad Nacional de Cuyo, Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina.

El viñedo es el hábitat natural de las levaduras enológicas (siendo las uvas la principal fuente de estas) y *S. cerevisiae* es la principal responsable de la fermentación alcohólica del vino. Dado que la vid tiene un ciclo de crecimiento anual y por ello necesita una secuencia específica de condiciones ambientales para renovar sus tejidos, se plantea la posibilidad de que otros reservorios del viñedo refugien a *S. cerevisiae* cuando la uva no está disponible en el ciclo anual.

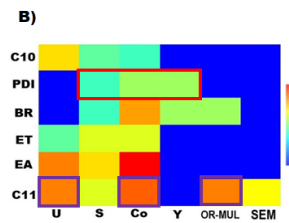
OBJETIVO: Evaluar la biodiversidad y persistencia de *S. cerevisiae* en un viñedo comercial de variedad Malbec de la ZARM, para conocer sus reservorios y la relación de la diversidad encontrada con las condiciones meteorológicas durante el ciclo de la vid.

RESULTADOS

Las cortezas y yemas actuarían como reservorios de *S. cerevisiae* en el invierno, permitiendo que colonicen las uvas y otros tejidos en la vendimia siguiente

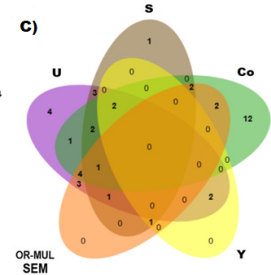


En el invierno, los reservorios fueron el suelo, las cortezas y las yemas



La mayor diversidad se obtuvo en las uvas, las cortezas y el mulching de la cosecha 2011.

Se encontraron 41 patrones Interdelta-PCR diferentes, la mayoría repetidos entre muestras



METODOLOGÍA

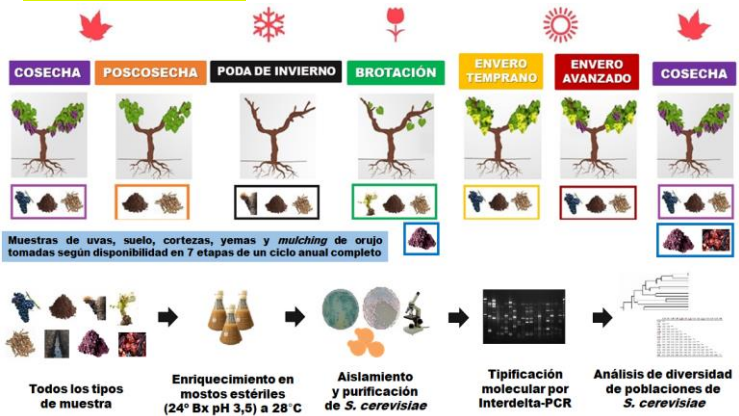


Figura 1. Esquema del diseño experimental. Adaptación propia.

Hubo un cambio dinámico en las poblaciones de *S. cerevisiae* a lo largo del ciclo anual y se observó una elevada persistencia, por ej. todos los patrones moleculares de las uvas maduras (C11), fueron previamente aislados en otra etapa y/o tipos de muestras

El análisis de las poblaciones de *S. cerevisiae* reveló una alta diferenciación entre los nichos del viñedo (combinación de tipo de muestra y etapa fenológica) y la temperatura fue el principal factor que impulsó la diferenciación de las mismas.

El uso de *mulching* como abono mostró influencia en la composición de las poblaciones de *S. cerevisiae* en el viñedo, acompañando la introducción de levaduras comerciales al mismo.

El *mulching* de orujo de la bodega estaba colocado en el extremo de las hileras de los sitios 7 y 9.

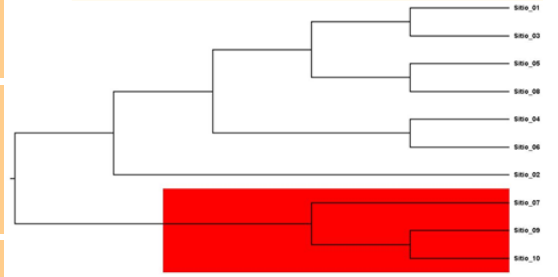


Figura 3: Dendrograma construido utilizando el método UPGMA y la distancia genética de Nei de las poblaciones de *S. cerevisiae* de los 10 sitios de muestreo del viñedo comercial. El grupo sombreado reunió los tres sitios de muestreo más lejanos y diferenciados (sitios 07, 09 y 10). CP = 0,79.