

# EVOLUCIÓN DE LA DIVERSIDAD DE LEVADURAS *Saccharomyces cerevisiae* EN DOS VIÑEDOS MALBEC DE LA ZONA ALTA DEL RÍO MENDOZA EN TRES VENDIMIAS DIFERENTES



Gonzalez, M. L.<sup>1,2</sup>; Chimeno, V.<sup>2</sup>; Sturm, M.E.<sup>2</sup>; Lerena, M. C.<sup>1,2</sup>; Rojo, M.C.<sup>1,2</sup>; Massera, A.<sup>2</sup>; Combina, M.<sup>1,2</sup>; Mercado, L. A.<sup>2,3</sup>

e-mail: [magali6gonzalez@gmail.com](mailto:magali6gonzalez@gmail.com)

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Buenos Aires, Argentina.

<sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Mendoza

<sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

Palabras clave:

**Biodiversidad;**

***Saccharomyces cerevisiae*;**

**Ecosistema del viñedo**

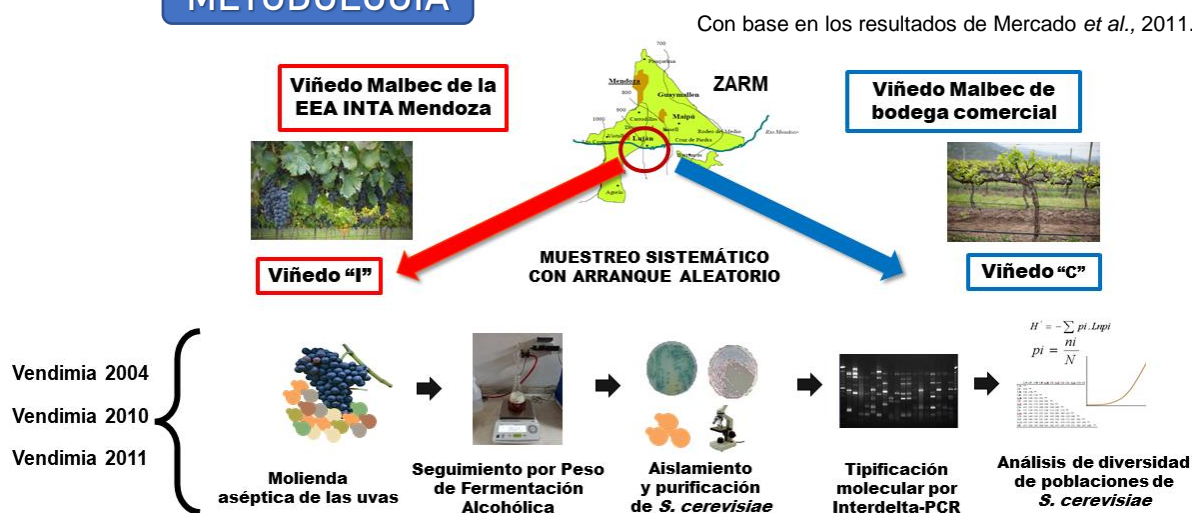
## INTRODUCCIÓN

El concepto de “terroir” dimensiona al vino con un sentido de pertenencia a su lugar de origen, tanto en relación con el suelo, el clima, como a las prácticas enológicas propias de esa zona.

El Malbec es la variedad emblemática de Argentina y la Zona Alta del Río Mendoza (ZARM), es la región tradicionalmente considerada óptima para su producción.

Dado que *Saccharomyces cerevisiae* es la principal levadura responsable de la fermentación alcohólica del vino, y que las uvas son la principal fuente de las levaduras enológicas; valorar la diversidad de las poblaciones de *S. cerevisiae* en una región vitícola es el punto de partida para el agregado de valor y la diversificación de la producción vitivinícola, aspectos clave para afianzar y potenciar aún más el posicionamiento del vino argentino en los mercados interno y externo.

## METODOLOGÍA



## RESULTADOS

Tabla 1: Índices de diversidad ( $\alpha$ ) del Viñedo I C en las cosechas 2004, 2010 y 2011

Sectores	VI_C04			VI_C10			VI_C11		
	S	H'	J	S	H'	J	S	H'	J
1	3,93 (0,77)	1,05 (0,73)	0,77	1,61 (0,44)	0,24 (0,32)	0,50	2,23 (0,50)	0,47 (0,34)	0,59
2	7,13 (1,39)	1,64 (0,51)	0,83	3,32 (0,83)	0,93 (0,23)	0,78	4,44 (0,95)	1,13 (0,30)	0,76
3	9,47 (1,90)	1,88 (0,42)	0,84	4,97 (1,19)	1,31 (0,21)	0,82	6,48 (1,36)	1,48 (0,28)	0,79
4	11,7 (2,33)	2,06 (0,36)	0,84	6,37 (1,53)	1,56 (0,21)	0,84	8,29 (1,74)	1,7 (0,26)	0,80
5	14,3 (2,73)	2,21 (0,34)	0,83	7,64 (1,85)	1,73 (0,20)	0,85	10 (2,09)	1,86 (0,24)	0,81
6	17,1 (3,10)	2,37 (0,30)	0,83	8,85 (2,17)	1,88 (0,18)	0,86	11,55 (2,42)	2 (0,20)	0,82
7	19 (3,46)	2,44 (0,26)	0,83	10,19 (2,48)	2,01 (0,16)	0,87	13,53 (2,73)	2,13 (0,16)	0,82
8	21,5 (3,82)	2,53 (0,20)	0,83	11,46 (2,79)	2,12 (0,14)	0,87	15,03 (3,04)	2,22 (0,15)	0,82
9	23,4 (4,18)	2,58 (0,15)	0,82	12,74 (3,10)	2,21 (0,09)	0,87	16,67 (3,34)	2,3 (0,10)	0,82
10	26 (4,54)	2,66 (0)	0,82	14 (3,42)	2,29 (0)	0,87	18 (3,64)	2,37 (0)	0,82

Tabla 2: Índices de diversidad ( $\alpha$ ) del Viñedo C en las cosechas 2004, 2010 y 2011

Sectores	VC_C04			VC_C10			VC_C11		
	S	H'	J	S	H'	J	S	H'	J
1	2,55 (0,65)	0,68 (0,48)	0,73	1,89 (0,81)	0,42 (0,27)	0,66	1,44 (0,42)	0,17 (0,50)	0,47
2	4,58 (0,91)	1,18 (0,39)	0,78	3,03 (1,10)	0,72 (0,29)	0,65	2,74 (0,80)	0,8 (0,39)	0,79
3	6 (1,06)	1,39 (0,28)	0,78	3,74 (1,24)	0,79 (0,26)	0,60	3,91 (1,13)	1,15 (0,35)	0,84
4	7,28 (1,18)	1,53 (0,22)	0,77	4,47 (1,35)	0,86 (0,22)	0,57	4,77 (1,43)	1,33 (0,30)	0,85
5	8,36 (1,28)	1,6 (0,17)	0,75	4,9 (1,45)	0,86 (0,17)	0,54	5,9 (1,70)	1,51 (0,26)	0,85
6	9,28 (1,37)	1,66 (0,12)	0,75	5,61 (1,55)	0,91 (0,15)	0,53	7,1 (1,96)	1,69 (0,22)	0,86
7	10 (1,45)	1,71 (0)	0,74	6,08 (1,66)	0,94 (0,13)	0,52	7,87 (2,20)	1,78 (0,19)	0,86
8				6,55 (1,76)	0,96 (0,08)	0,51	8,98 (2,44)	1,89 (0,15)	0,86
9				7 (1,88)	0,97 (0)	0,50	9,86 (2,67)	1,98 (0,11)	0,87
10							11 (2,91)	2,08 (0)	0,87

S = riqueza de patrones Interdelta-PCR encontrados en los aislados *S. cerevisiae*.  
H' = Índice de Shannon-Wiener; J = Equitatividad; Los valores de los índices se calcularon con el software *EstimateS* por rarefacción y se expresan como media y desviación estándar (entre paréntesis).

S = riqueza de patrones Interdelta-PCR encontrados en los aislados *S. cerevisiae*.  
H' = Índice de Shannon-Wiener; J = Equitatividad; Los valores de los índices se calcularon con el software *EstimateS* por rarefacción y se expresan como media y desviación estándar (entre paréntesis).

## OBJETIVO

Estudiar las poblaciones de *S. cerevisiae* en dos viñedos Malbec (Viñedos I y C) de la ZARM durante tres vendimias (C04, C10 y C11), con el fin de evaluar la diversidad intraespecífica presente y su evolución a lo largo del tiempo.

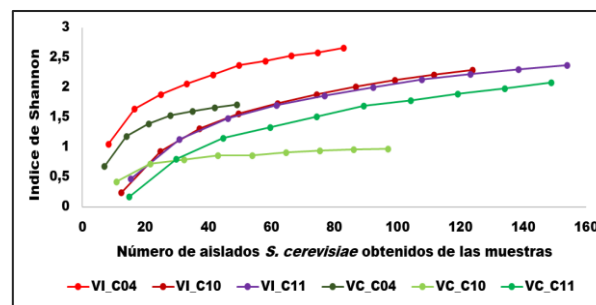


Figura 1: Curvas de rarefacción de los índices de diversidad Shannon para los viñedos I y C en tres vendimias (cosechas 2004, 2010 y 2011). Las diferentes curvas se forman a raíz de una técnica de submuestreo, el cual permite la comparación (balanceada) de índices de Shannon en base a un mismo número de individuos a través del programa *EstimateS*.

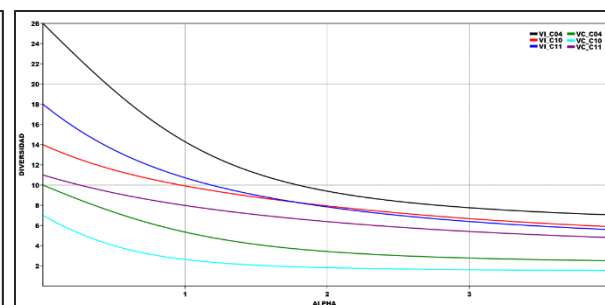


Figura 2: Perfiles de diversidad de poblaciones de *S. cerevisiae* de uva en tres vendimias (cosechas 2004, 2010 y 2011) de los viñedos I y C. Perfiles de diversidad obtenidos por el índice de diversidad de Rényi con el software PAST 3.21. El gráfico fue construido con un bootstrapping de 2000 réplicas con un intervalo de confianza del 95% (Tothmeresz, 1995). El total de patrones moleculares en cada cosecha es visible en  $\alpha = 0$ , los índices proporcionales a los índices de Shannon se muestran en  $\alpha = 1$ , mientras que el índice de Simpson se muestra en  $\alpha = 2$ .

## DISCUSIÓN Y CONCLUSIÓN

La diversidad ( $\alpha$ ) abarca la riqueza de cepas *S. cerevisiae* y la abundancia relativa de estas. El índice de Shannon-Wiener ( $H'$ ) crece por un aumento en la riqueza y/o en la equitatividad. Por ello, el valor del índice solo no es suficiente para determinar la causa del aumento. Una solución potencial es graficar una familia paramétrica de índice, ya que la curva describe el perfil de diversidad de la población. Asimismo, realizando la rarefacción de los índices  $H'$  es posible comparar hábitats con diferente número de individuos. Un total de 658 aislados *S. cerevisiae* produjeron 86 patrones Interdelta-PCR diferentes. Cada cosecha se caracterizó por un cambio completo en la composición de la población, con aparición de nuevos patrones moleculares. C04 presentó la mayor diversidad y se encontraron diferencias estadísticamente significativas en los valores de  $H'$  de ambos viñedos en todas las cosechas, lo que indica diferencias en presencia, número y abundancia relativa de los patrones moleculares de *S. cerevisiae* encontrados. Se verificó una disminución de la diversidad inicial detectada ambos viñedos en la vendimia 2004 y que las condiciones ambientales estarían contribuyendo a las diferencias observadas en las poblaciones de *S. cerevisiae* detectadas en cada cosecha.

### Referencias

- Carmona-Galindo, V.D. & Carmona, T.V. (2013). La diversidad de los análisis de diversidad. *Bioma*, 14, 2.
- Colwell, R.K. (2013). *EstimateS*: Statistical estimation of species richness and shared species from samples. Version 9. Persistent URL <[purl.oclc.org/estimates](http://purl.oclc.org/estimates)>.
- Hammer, Ø., Harper, D.A.T. and Ryan, P. D. (2001) PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontol Electronica*, 4, 9.
- Legras, J. L. and Karst, F. (2003). Optimization of interdelta analysis for *Saccharomyces cerevisiae* strain characterization. *FEMS Microbiol Lett*, 221: 249-255.
- Mercado, L., Sturm, M.E., Rojo, M.C., Ciklic, I., Martínez, C. y Combina, M. (2011). Biodiversity of *Saccharomyces cerevisiae* populations in Malbec vineyards from the “Zona Alta del Río Mendoza” region in Argentina. *Int J Food Microbiol*, 151: 319-326
- Pallmann, C., Brown, J.A., Olineka, T.L., Coccolin, L., Mills, D. and Bisson, L. (2001). Use of WL medium to profile native flora fermentations. *Am. J. Enol. Vitic.* 52:198-203.
- Tóthmérész, Béla. (1995). Comparison of different methods for diversity ordering. *J Veg Sci*, 6: 283-290.