

Lerena MC<sup>1,2</sup>, Rojo MC<sup>1,2</sup>, Sturm ME<sup>2</sup>, Massera AF<sup>2</sup>, Mercado LA<sup>2</sup>, Combina M<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Argentina.

<sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Mendoza, Argentina

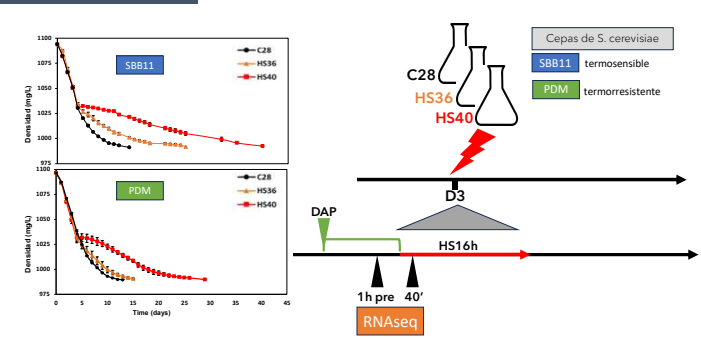
## INTRODUCCIÓN

Las fermentaciones detenidas o enlentecidas constituyen un problema frecuente que afecta la industria vitivinícola, siendo los incrementos bruscos de la temperatura una causa poco estudiada. En un estudio previo evaluamos el impacto de un shock térmico (ST) durante la fermentación alcohólica (FA) e identificamos las condiciones térmicas que pueden desencadenar una fermentación detenida. Se utilizaron diferentes cepas de *S. cerevisiae* y se evaluó el impacto del ST en el perfil fermentativo. Se identificaron dos cepas con comportamiento contrastante frente al ST, **SBB11** la cepa más sensible y **PDM** la más termotolerante. Este trabajo busca determinar los mecanismos de termotolerancia en levaduras vínicas lo cual permitirá desarrollar nuevas estrategias de selección de cepas con mayor resistencia a las altas temperaturas, de cara al cambio climático.

## OBJETIVO

Determinar los mecanismos de termotolerancia involucrados en la respuesta al ST durante la FA en cepas con diferente termotolerancia mediante análisis transcriptómico

## METODOLOGÍA



Se realizaron FA a escala de laboratorio utilizando mosto sintético (SM) conteniendo 240 g/L de azúcares totales (glucosa:fructosa) y 140 mg/L de nitrógeno. En el día 3 se aplicaron ST a 36 y 40 °C así como también un control a 28 °C. Se obtuvieron muestras 1 hora previa y a los 40 minutos de iniciado el ST que fueron luego analizadas por RNAseq mediante el sistema NextSeq de Illumina en la Sección Genómica del Servicio Central de Apoyo a la Investigación Experimental (SCSIE) de la Universidad de Valencia (España). Se realizó un análisis de expresión diferencial utilizando el paquete DESeq2.

## RESULTADOS

### 1- ANALISIS FUNCIONAL DE ONTOLOGÍA GÉNICA COMPARADO PARA PDM Y SBB11

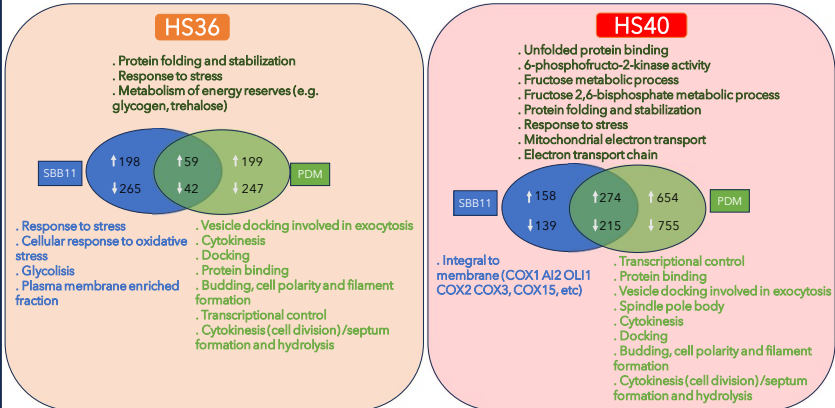


FIGURA 2: Los datos obtenidos del RNAseq fueron analizados utilizando FunSpec y así determinar las categorías ontológicas significativas para cada cepa ante los tratamientos aplicados. Se realizó una comparación entre cepas para cada tratamiento.

### 2- HEAT MAPS DE LOS GENES UP-REGULADOS POR CADA CEPA, AGRUPADOS SEGÚN EL PROCESO BIOLÓGICO EN EL QUE ESTÁN INVOLUCRADOS

