



Caracterización genética y bioquímica de levaduras y bacterias lácticas en sidra natural asturiana

Equipo investigador

Belén Suárez Valles
Rosa Pando Bedriñana

Ana García Hevia
Roberto Rodríguez Madrera

Organismo

SERIDA
Ayto. Villaviciosa
(Becaria)

SERIDA
"

Equipo técnico

Norman Fernández Tascón

SERIDA

Entidades colaboradoras

Ilmo. Ayuntamiento de Villaviciosa

5.8S-ITS de ARNr y de los fragmentos de restricción obtenidos como consecuencia del corte con enzimas en dicha región. Esta técnica permitió identificar todos los aislados (Tabla 1).

En la tabla 1, se muestra la frecuencia de aparición de diferentes especies de levaduras a lo largo de la fermentación en uno de los *llagares* colaboradores. Como era de esperar, aparece una mayor diversidad de levaduras no-*Saccharomyces* en las primeras etapas de la fermentación alcohólica. Es importante resaltar que a medida que la fermentación se desarrolla la especie *Hanseniospora valbyensis* se con-

Objetivos

- Optimización de técnicas de biología molecular para la identificación y caracterización de la microflora.
- Caracterización bioquímica y tecnología de cepas de elevado interés para el sector sidrero.

Resultados

Se eligieron cuatro bodegas del Concejo de Villaviciosa, realizándose un total de 50 muestras durante dos campañas consecutivas y en distintos estadios del proceso fermentativo: mosto fresco, fermentación tumultuosa, fermentación lenta y final de fermentación. Se realizaron un total de 2.200 aislamientos de levaduras y de 880 de bacterias lácticas.

Identificación y caracterización genética de levaduras

Se llevó a cabo la identificación de la flora levaduriforme mediante el análisis de los tamaños moleculares del amplificado de la región

Tabla 1.–Frecuencia de aparición e identificación de especies de levaduras (RFLP) en dos fermentaciones espontáneas de sidra natural

Primera campaña		Segunda campaña	
D=1046,3 g/L		D=1037,9 g/L	
<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	36%	<i>Saccharomyces bayanus</i>	46%
<i>Hanseniaspora osmophila</i>	30%	<i>Hanseniaspora uvarum</i>	34%
<i>Saccharomyces bayanus</i>	18%	<i>Metschnikowia pulcherrima</i>	10%
<i>Metschnikowia pulcherrima</i>	14%	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	4%
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	2%	<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	4%
		<i>Hanseniaspora osmophila</i>	2%
D= 1037 g/L		D= 1025,7 g/L	
<i>Saccharomyces bayanus</i>	38%	<i>Saccharomyces bayanus</i>	48%
<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	38%	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	42%
<i>Hanseniaspora osmophila</i>	10%	<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	8%
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	10%	<i>Metschnikowia pulcherrima</i>	2%
<i>Metschnikowia pulcherrima</i>	4%		
D= 1019,4 g/L		D= 1015,2 g/L	
<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	78%	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	64%
<i>Hanseniaspora osmophila</i>	12%	<i>Saccharomyces bayanus</i>	36%
<i>Saccharomyces bayanus</i>	8%		
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	2%		
D= 999,2 g/L		D= 998,8 g/L	
<i>Hanseniaspora valbyensis</i>	94%	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	72%
<i>Saccharomyces bayanus</i>	6%	<i>Saccharomyces bayanus</i>	28%



vierte en mayoría en la primera campaña mientras que en la segunda campaña son cepas *Saccharomyces* las que se convierten en dominantes.

Por otra parte, se caracterizaron genéticamente las cepas pertenecientes al género *Saccharomyces* mediante el análisis de los fragmentos de restricción del ADN mitocondrial, determinándose 94 patrones de restricción o cepas diferentes. De ellos, 46 sólo se repiten una vez y de los 48 patrones restantes, 17 se aislaron con cierta frecuencia, pero sólo siete de éstos estuvieron presentes en todas las unidades experimentales muestreadas. Como aspecto importante, cabe señalar que las siete cepas citadas pertenecen a la especie *S. bayanus*. A modo de ejemplo, en la figura 1 se muestran diversos patrones de restricción del ADN mitocondrial.

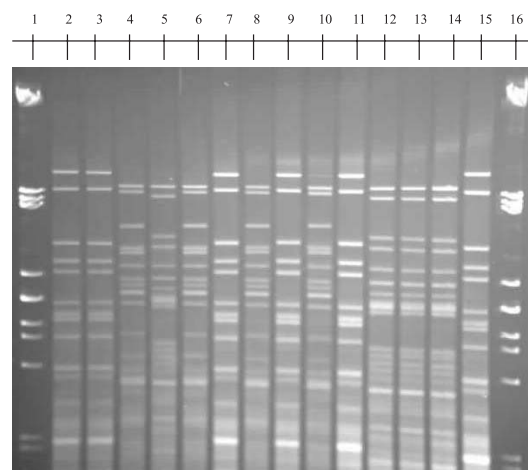


Figura 1.—Patrones de restricción del ADN mitocondrial de levaduras. Calles 1-16: (1,16) Marcador molecular λ , (2-15) 14 colonias de levaduras aisladas

AGL 2001-0713. Elaboración y caracterización de sidras espumosas de calidad. Optimización de tecnologías en cubas cerradas con microorganismos seleccionados

Investigador responsable

Juan José Mangas Alonso

Organismo

SERIDA

Equipo técnico

Javier Moreno Fernández

SERIDA

Equipo investigador

Belén Suárez Valles

Anna Picinelli Lobo

Roberto Rodríguez Madrera

Noemí Palacios García

SERIDA

"

"

Valle, Ballina y
Fernández S. A
(Becaria)

Rosa Pando Bedriñana

Ayto. Villaviciosa
(Becaria)

Yoana Expósito Cimadevilla

Univ. de Oviedo
(Becaria)

Sara Junco Corujedo

"

Entidades colaboradoras

Valle, Ballina y Fernández S. A

Ilmo. Ayuntamiento de Villaviciosa

Universidad de Oviedo

Objetivos

- Elaboración y caracterización microbiológica y química de sidras espumosas.

