

IDENTIFICACION MOLECULAR DE LEVADURAS AISLADAS DEL MASATO, BEBIDA FERMENTADA TRADICIONAL DE PERÚ.

Armando Arias^{1*}, Eladio Barrio¹, Elena Quillama² y Amparo Querol³

¹ICBIBE, Universitat de València, Valencia, España, ²Departamento de Biotecnología, IATA (CSIC), València, España. ³Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú. *Domicilio actual: Universidad de Guadalajara, A.P. 139-1 Zapopan Jal., 45101, Fax (33) 36820003, aarias@cucba.udg.mx.

Palabras clave: *masato, biodiversidad de levaduras, identificación molecular y caracterización genética.*

Introducción. El masato es una bebida tradicional de Perú que se obtiene con las raíces de la yuca o mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), las cuales son cocidas y molidas para obtener una masa. El proceso de fermentación es espontáneo con una duración de 72 a 96 h a temperatura ambiente. En algunas comunidades de la Amazonía peruana se prepara para ceremonias religiosas, políticas y comerciales con saliva de los niños y las mujeres mayores como fuente de amilasas para la conversión del almidón, en azúcares fermentables. La información disponible sobre las levaduras asociadas a esta bebida es insuficiente.

El objetivo del presente trabajo es determinar y caracterizar la diversidad de especies de levaduras presentes en el masato.

Metodología. Se aislaron e identificaron las diferentes especies de levaduras aisladas de 4 tipos de masato elaborado con yuca, mediante RFLPs (1) y la secuenciación del RNAr 26S. *S. cerevisiae* como especie predominante se caracterizó genéticamente mediante el patrón de restricción del DNAm (2).

Resultados y discusión. Se aislaron 46 cepas de levaduras en 4 tipos de masato. Se identificaron 3 especies y dos patrones A y B que no pudieron ser identificados al no estar incluidos en la base de datos www.yeast-id.com (Cuadro 1).

Cuadro 1. Distribución de especies de levaduras identificadas en los cuatro tipos de masato. *1: masa de yuca sin agregados, 2: masa de yuca masticada, 3: masa de yuca con azúcar de caña y 4: masa de yuca masticada con azúcar de caña. ^a, Patrón de restricción no identificado. ^b, Identificación considerando la secuencia de los dominios D1/D2 del 26S rRNA como *Issatchenkia orientalis*. ^c, Homología de la secuencia de los dominios D1/D2 del 26S rRNA de 99%, 99%, 97% con *C. humilis*, *C. milleri* *S. barnetti*, respectivamente.

Especies identificadas	Distribución de especies %			
	Tipo de masa de yuca			
	1	2	3	4
<i>I. orientalis</i> Patrón A ^{a, b}	11 (1)	5 (1)	18 (2)	
<i>Candida sorboxylosa</i>		5 (1)		
<i>Candida albicans</i>		5 (1)		
Patrón B ^{a, c}		5 (1)		
<i>S. cerevisiae</i>	89 (8)	80 (18)	82 (9)	100 (4)

Se confirmó la correcta identificación de las especies, y de los patrones de restricción desconocidos (A y B) con la secuencia nucleotídica del 26S rRNA y se compararon en la base de datos (<http://www.ebi.ac.uk/Blas2/index.html>) (Cuadro 1). *S. cerevisiae* resultó la especie predominante con 12 patrones de restricción del mtDNA entre las 39 colonias aisladas (Fig. 1). La gran diversidad genética detectada es similar a la de otras fermentaciones tradicionales, vino y cidra (3,4).

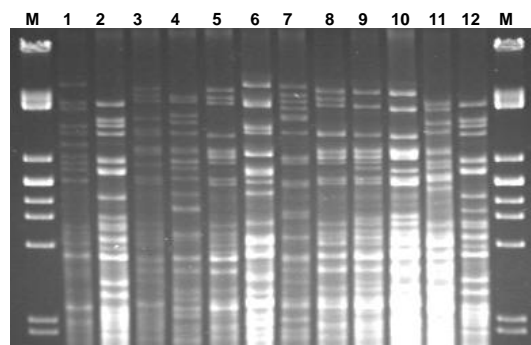


Fig. 1. Patrones de restricción del mtDNA obtenidos con la endonucleasa *HinfI* de los aislados de *S. cerevisiae*.

Conclusiones. *S. cerevisiae* es la especie predominante en los 4 tipos de masato y presenta una gran diversidad genética.

Agradecimientos. Generalitat Valenciana (GV2008-037) y Gobierno español (AGL2006-12703-CO2-01 y 02/ALI). A. Arias fue becario PROMEP (UDG-482).

Bibliografía

- Esteve-Zarzoso B, Belloch C, Uruburu F, y Querol A. (1999). Identification of yeasts by RFLP analysis of the 5.8S rRNA gene and the two ribosomal internal transcribed spacers. *Int.J.Syst.Bacteriol.* 49:329-337.
- Jespersen, L. (2003). Occurrence and taxonomic characteristics of strains of *Saccharomyces cerevisiae* predominant in African indigenous fermented foods and beverages. *FEMS Yeast Res.* 3, no. 2:191-200.
- Morrissey, W F, Davenport B, Querol A, y Dobson A D W (2004). The role of indigenous yeasts in traditional Irish cider fermentations. *J.Appl.Microbiol.* 97, no. 3:647-655.
- Querol, A, Barrio E y Ramón, D. (1994). Population dynamics of natural *Saccharomyces* strains during wine fermentation. *Int.J.Food Microbiol.* 21, no. 315:323.