

ECOLOGIA DE LEVADURAS DEL MEZCAL SAN CARLOS, TAMAULIPAS.

Cauhtémoc Jacques-Hernández*, Oscar Nicolás Soto-Cruz, Miriam Rutiaga, Ana María Sifuentes-Rincón, Patricia Taillandier, Felipe Ramón-Portugal. Centro de Biotecnología Genómica - IPN. (www.cb.g.ipn.mx). Reynosa, Tamaulipas, México, aguilaqueca@yahoo.com, Tel.: +52 899 9243627.

Palabras clave: Mezcal, Ecología de levaduras, Identificación clásica y molecular.

Introducción. En analogía a ecosistemas similares como vino (1), tequila (2) y otros destilados (3), la identificación de la microbiota nativa permite entender su dinámica en la fermentación e influencia en la calidad. En este trabajo se presentan los resultados de identificación (ID) de las levaduras de los mostos, por métodos clásicos y moleculares, cuyos resultados permitirán plantear estrategias para incrementar la calidad y realizar los rasgos regionales del mezcal San Carlos, Tamaulipas.

Metodología. Se aislaron las levaduras empleado YEPD. Se tomaron muestras a diferentes tiempos en el curso de la fermentación en cuatro fábricas del mezcal San Carlos (Tamps). Las levaduras se agruparon por similitud en su morfología colonial y microscópica, y se identificaron clásica (apoyado con el kit API 20C AUX) y molecularmente (secuencias de la región 5.8S-ITS), de acuerdo a lo descrito por Jacques et al. (2005).

Resultados y discusión. Las especies encontradas se muestran en el Cuadro 1. Se requirió un análisis filogenético para una correcta identificación molecular (Figura 1). De los 112 aislamientos (13 gpos.), 77% fueron non-*Saccharomyces* y 23% *S. cerevisiae*. De las primeras, *K. marxianus* fue la más abundante (41%), seguida por *T. delbrueckii* (16%), *P. mexicana* (16%) y *P. membranifaciens* (9%). Las non-*Saccharomyces* se encontraron en las etapas primarias de la fermentación y no fueron capaces de crecer en 10% de etanol tolerado por las cepas nativas de *S. cerevisiae*, que dominó la fase activa, siendo el principal etanol productor. En fermentaciones independientes, cepas nativas de *K. marxianus* y *T. delbrueckii* produjeron casi el 70% de etanol que *S. cerevisiae*.

Cuadro 1. Identificación de ecología levaduriforme.

Grupo	Identificación fenotípica y molecularmente	API ¹	NCBI/BLAST ²
Species			
T1	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	89.7%	94% AF543841
T2	<i>Hortaea werneckii</i>	—	—
T3	<i>Pichia mexicana</i>	22.8%	95% AB054110
T4	<i>Rhodotorula glutinis</i>	99.9%	97% AM160643
T5	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	98.7%	98% AY235807
T6	<i>Torulasporea delbrueckii</i>	96.7%	98% AM158923
T7	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	95.8%	98% AY046214
T8	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	99.5%	99% AB212259
T9	<i>Pichia delftensis</i>	45.8%	95% AY923246
T10	<i>Geotrichum klebahnii</i>	79.2%	94% AJ279445
T11	<i>Clavispora lusitanae</i>	93.3%	95% AY174089
T12	<i>Pichia membranifaciens</i>	98.9%	99% DQ198951
T13	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	99.5%	98% AB212257
T14	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	99.5%	97% AY525600
Control	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	99.5%	99% AB279747

¹ Porcentaje de acuerdo a los resultados con API 20C AUX. Por este método, T3, T9 y T10 fueron identificadas como *P. guilliermondii*, *P. norvegensis* y *Geotrichum penicillatum*, respectivamente, mientras T7 y T12 ambas como *Candida krusei/inconspicua*.

² Porcentaje de identificación y número de acceso al GeneBank de la especies más cercanas.

Conclusiones. Se encontró, sin diferencia entre métodos, que las levaduras del mezcal San Carlos pertenecen a 10 especies, de 6 géneros; 3 especies no descritas antes en Agave; *K. delftensis*, *P. mexicana* y *R. glutinis* y el resto especies propias de ecosistemas de agave, uva y manzana. *S. cerevisiae*, *K. marxianus* y *T. delbrueckii* son las especies etanol productoras. Las cepas de las primeras, poseen mayor habilidad para producir etanol que las últimas. *T. delbrueckii* ha sido relacionada con la generación de aromas. Lo que será aprovechado para la evaluar su uso en inóculos mixtos.

Agradecimiento. Agradecemos el apoyo de la Fundación Produce Tamaulipas, del FOMIX Tamaulipas (proyecto clave TAMPS-2003-C02-13 y de la SIP del IPN (proyectos: 20050354, 20060848 y 20070529).

Bibliografía.

- Zott, K., Miot-Sertier, C., Claisse, O., Lonvaud-Funel, A., Masneuf-Pomarede, I. 2008. Dynamics and diversity of non-Saccharomyces yeasts during the early stages in winemaking. *International Journal of Food Microbiology* 125, 197-203.
- Lachance, M. (1998). Yeast community in a natural tequila fermentation. *Antonie Leeuwenhoek*. 68, 151-160.
- Bovo, B., Andrighetto, Ch., Carlot, M., Corich, V., Lombardi, A., Giacomini, A. 2009. Yeast population dynamics during pilot-scale storage of grape marcs for the production of Grappa, a traditional Italian alcoholic beverage. *International Journal of Food Microbiology* 129, 221-228.
- Jacques H. C., Asnett I. López H., Carmina L. Anaya G., Ana M. Sifuentes R., Patricia Taillandier, Felipe Ramón P. (2005). Identificación (ID) de Levaduras Aisladas de Mostos de Mezcal: ID Morfológica-Bioquímica (M-B) vs Molecular (Mol). *Congreso Ibero-Americano de Ingeniería de Alimentos*. CYTED-IPN-UA. Puerto Vallarta, Jal, Mex. 4 al 7 de Septiembre de 2005.

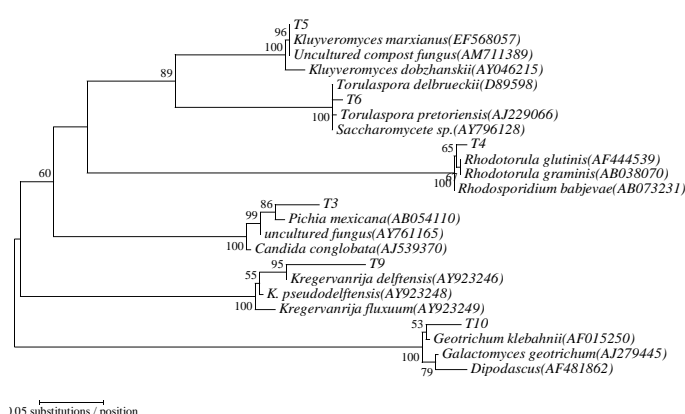


Fig. 1. Análisis filogenético para una correcta identificación molecular con la secuencia de la región 5.8S-ITS.