



ANÁLISIS DE LA POBLACIÓN DE LEVADURAS DURANTE LA FERMENTACIÓN DEL VINO DE PALMA LLAMADO TABERNA

Jorge Alejandro Santiago Urbina, Francisco Ruiz Terán, Universidad Nacional Autónoma de México, departamento de alimentos y biotecnología, facultad de química, México, D.F., 04510, jorsau84@gmail.com.

Palabras clave: levaduras, vino de palma, fermentación

Introducción. El vino de palma es una bebida alcohólica producida por la fermentación natural de la savia obtenida de diversas especies de palmeras. Por ejemplo, la especie *Acrocomia aculeata* es empleada para la producción de Taberna, una bebida elaborada y consumida localmente en el sureste de México¹. La fermentación de la savia es un proceso natural y heterogéneo, donde el sustrato principal es la sacarosa¹. Los metabolitos que se han reportado en este vino de palma son ácido láctico, ácido acético y etanol^{1,2}, siendo este último el producto principal de la fermentación. Así, Conocer la diversidad de especies de levaduras que pudieran estar contribuyendo en la fermentación alcohólica contribuirá al conocimiento de los cambios que ocurren en la microbiota de la Taberna.

El objetivo del presente trabajo fue identificar a las especies de levaduras presentes en la fermentación natural de la Taberna.

Metodología. Quince muestras de Taberna fueron colectadas durante los primeros 15 días del proceso de producción, en el estado de Chiapas, México. El contenido de etanol de las muestras se determinó mediante HPLC. El aislamiento de las levaduras se realizó en placas de agar nutritivo WL adicionado con cloranfenicol (0.01%). Diez colonias representativas de cada muestra fueron seleccionadas e identificadas mediante el análisis PCR-RFLP de la región 5.8S-ITS del ADN ribosomal, siguiendo el protocolo descrito por Esteve-Zarzoso et al.³ La identificación de las levaduras aisladas se obtuvo mediante la comparación de los patrones de restricción con estudios publicados previamente. Con la finalidad de confirmar la identificación de cada una de las especies de levaduras, se llevó a cabo la secuenciación del dominio D1/D2 del gen ribosomal 26S y su comparación con secuencias de la base de datos del GenBank.

Resultados. Ciento cincuenta cepas de levaduras fueron aisladas de las muestras de Taberna, las cuales se agruparon en seis diferentes patrones de restricción. Cada grupo fue identificado como *Hanseniaspora guilliermondii*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida tropicalis*, *Candida intermedia*, *Meyerozyma guilliermondii* y *Pichia kluyveri*. En la Fig. 1 se presenta la distribución de las especies de levaduras en las muestras de Taberna. La población de levaduras no-*Saccharomyces* predominó en la etapa temprana de la producción (muestras 1 a 11), donde las especies más abundantes

fueron *C. tropicalis* y *H. guilliermondii*. A partir de las muestras 12 a 15, *S. cerevisiae* también fue identificada. La producción de etanol no fue detectada en las primeras muestras analizadas (Fig. 1), sin embargo a partir de la muestra 5 este metabolito fue cuantificado y su producción incrementa en las muestras 11 a 15, cuando la especie *S. cerevisiae* estuvo presente en la fermentación. Los resultados encontrados sugieren que ambos grupos de levaduras contribuyen a la producción de etanol, siendo *S. cerevisiae* quien favorece el rendimiento de este metabolito de manera significativa.

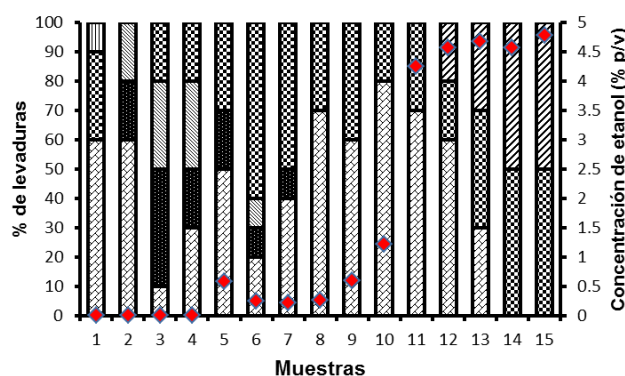


Fig. 1. Distribución de la población de levaduras y contenido de etanol en muestras de Taberna. *Saccharomyces cerevisiae* (■), *Candida tropicalis* (□), *Hanseniaspora guilliermondii* (▨), *Pichia kluyveri* (▧), *Meyerozyma guilliermondii* (▩), y *Candida intermedia* (▪). Concentración de etanol (▲).

Conclusiones. Durante el proceso de producción de Taberna, se encontraron especies de levaduras no-*Saccharomyces* tales como *H. guilliermondii*, *C. tropicalis*, *C. intermedia*, *M. guilliermondii* y *P. kluyveri*, así como la especie *Saccharomyces cerevisiae*.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada a J. A. Santiago Urbina.

Bibliografía.

- Santiago-Urbina J.A., Ruiz-Terán F., Verdugo-Valdez A. (2013). *Food Control*. 33 (1): 58-62.
- Alcántara-Hernández R.J., Rodríguez-Álvarez J.A., Valenzuela-Encinas F.A., Gutiérrez-Miceli F.A., Castañón-González H., Marsch R., Ayora-Talavera T., Dendooven L. 2010. *Lett Appl Microbiol*. 51 (5): 558-563.
- Esteve-Zarzoso B., Belloch C., Uruburu F., Querol A. (1999). *Int J Syst Bacteriol*. 49 (1): 329-337.