UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA

FACULTAD DE INGENIERÍAS

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AGROINDUSTRIAL

TESIS:

"AISLAMIENTO, SELECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS AUTOCTONAS DE LA UVA VARIEDAD MOSCATEL DE ALEJANDRIA EN TRES ALTITUDES DIFERENTES DE MOQUEGUA: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR"

PRESENTADO POR:
Ely Omar Mamani Quenta

ASESOR:
Dr. César Augusto Napa Almeyda

COASESOR:
Ing. Raquel Allison Choquehuanca Pineda

LÍNEA DE INVESTIGACIÓN:
Microbioma funcional y perfil aromático en alimentos y bebidas

Para optar el Título Profesional de:
INGENIERO AGROINDUSTRIAL

MOQUEGUA – PERU

2025

UNAM
UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AGROINDUSTRIAL

Folio N° ...33.....

ACTA DE SUSTENTACIÓN

UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA — UNAM FEDATARIO

I. Modalidad:

Tesis : [X]

Trabajo de Suficiencia Profesional : [ ]

Otro: ..... : [ ]

II. Documento de aprobación de la modalidad de titulación del bachiller:
RESOLUCIÓN DE FACULTAD N: 107-2024-FACIA-UNAM
Fecha: 14/06/2024

III. Documento de aprobación para la sustentación:
RESOLUCIÓN DE CONSEJO DE FACULTAD N: 312-2025-CF-FAIN-UNAM
Fecha: 12/12/2025

IV. El Jurado ha dictaminado la (el) TESIS,
TITULADO: AISLAMIENTO, SELECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS AUTÓCTONAS DE LA UVA VARIEDAD MOSCATEL DE ALEJANDRÍA EN TRES ALTITUDES DIFERENTES DE MOQUEGUA: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR
Bachiller: ELY OMAR MAMANI QUENTA
Asesor Principal: Dr. CÉSAR AUGUSTO NAPA ALMEYDA
Co-Asesor: ING RAQUEL ALLISON CHOQUEHUANCA PINEDA

V. Se dictamina:

Como: APROBADO por UNANIMIDAD la sustentación de manera:

Presencial [X] Virtual [ ]

Con nota: QUINCE (15) por lo que; Sí [X] No [ ]

Opta el Título Profesional de **INGENIERO AGROINDUSTRIAL**.

Siendo las 18:46 horas, del 16 de DICIEMBRE del año 2025 se procede con la firma en conformidad de lo dictaminado por el Jurado.

Presidente	Primer Miembro	Segundo Miembro
Mario Roger Cotacallapa Sucapuca	Nils Leander Huaman Castilla	Erick Manuel Soldaña Villa
(Nombres y Apellidos)	(Nombres y Apellidos)	(Nombres y Apellidos)

Asesor Principal	Miembro Accesitario	Co-Asesor
Dr. César Napa Almeyda	Yaneth Noemi Ulloa Nueva Pari	Raquel Allison Choquehuanca Pineda
(Nombres y Apellidos)	(Nombres y Apellidos)	(Nombres y Apellidos)

Bachiller
Ely Omar Mamani Quenta
(Nombres y Apellidos)

ÍNDICE

ÍNDICE DE TABLAS 4
RESUMEN 6
INTRODUCCIÓN 8
I. Planteamiento del problema 10
1.1. Descripción y formulación del problema 10
1.2. Objetivos 12
1.3. Justificación e importancia 12
1.4. Hipótesis 13
1.4.1. Hipótesis general 13
1.4.2. Hipótesis específicas 13
1.5. Variables 14
II. Marco teórico 14
2.1. Antecedentes 14
2.2. Bases teóricas 18
2.2.1. Introducción al Estudio de la Viticultura en Moquegua 18
2.2.2. Fundamentos de la microbiología del vino 21
2.2.3. Influencia de las condiciones del suelo y del clima del valle vitivinícola. 28
2.2.4. Genómica y adaptación de levaduras autóctonas 33
2.2.5. Contribución de levaduras a las características sensoriales del vino 37
2.2.6. Impacto de la gestión vitivinícola en la microbiota autóctona 39
2.2.7. Cinética fermentativa de cepas de levaduras 42
2.3. Definición de términos 43
III. Metodología 44
3.1. Tipo y nivel de investigación 44
3.2. Ámbito temporal y espacial 44
3.3. Población y muestra 45
3.4. Instrumentos 46
3.4.1. Materiales 46
3.4.2. Equipos 46
3.4.3. Insumos y reactivos 47
3.5. Procedimientos 47
3.5.1. Objetivo específico 1: Aislar cepas de levaduras autóctonas a partir de bayas de uva *Moscatel de Alejandría* recolectadas en viñedos de la

región de Moquegua, utilizando medios selectivos y condiciones controladas de cultivo. 47

3.5.2. Objetivo específico 2: Caracterización morfológica y molecularmente las levaduras aisladas mediante microscopía óptica, qPCR y secuenciamiento de regiones génicas específicas. 53

3.5.3. Objetivo específico 3: Evaluar la cinética fermentativa de cada cepa aislada mediante microfermentaciones controladas en mosto sintético, con el fin de seleccionar aquellas levaduras autóctonas con mayor potencial enológico. 55

3.6. Análisis de datos 57

IV. Resultados y discusión 59

4.1. Aislamiento e identificación molecular de cepas de levaduras de la superficie del hollejo de Moscatel de Alejandría (Italia) 59

4.2. Caracterización molecular de las levaduras aisladas mediante microscopía óptica, qPCR y secuenciamiento de regiones génicas específicas. 65

4.3. Evaluación de la cinética fermentativa de cepas aisladas en caldo YPD bajo condiciones controladas 74

V. Conclusiones 78

VI. Recomendaciones 79

VII. Referencias 80

VIII. Anexos 93

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Operacionalización de Variables 14

Tabla 2. Localización geográfica y características altitudinales de los viñedos de Moscatel de Alejandría (Italia) en el departamento de Moquegua. 44

Tabla 3. Identificación molecular de cepas de levaduras no Saccharomyces aisladas de uva Moscatel de Alejandría (Italia).....70

Tabla 4. Parámetros cinéticos del modelo Gompertz modificado en microorganismos aislados de la uva Moscatel de Alejandría.....76

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Esquema del procedimiento de muestreo y conservación de uvas Moscatel de Alejandría recolectadas a tres altitudes en la región de Moquegua 48
Figura 2. Procedimiento de aislamiento, purificación y preservación de levaduras autóctonas de uvas Moscatel de Alejandría recolectadas a diferentes altitudes en la región de Moquegua. 50
Figura 3. Esquema del procedimiento de extracción y purificación de ADN genómico a partir de levaduras autóctonas aisladas de uvas Moscatel de Alejandría. 52
Figura 4. Procedimiento experimental para la amplificación ITS, purificación, secuenciación y análisis taxonómico mediante BLASTn. 54
Figura 5. Esquema del proceso de microfermentación y modelamiento de curvas de crecimiento con el modelo de Gompertz.. 58
Figura 6. Distribución de levaduras no-Saccharomyces aisladas de la superficie de uvas Moscatel de Alejandría en diferentes altitudes, según el análisis factorial de correspondencias (AFC). Ilo (I_80 msnm); Moquegua (M_920 msnm, M_1210 msnm, M_1450 msnm); Omate 62
Figura 7. Morfología de hongos y levaduras Ilo (I_80 msnm), observada mediante microscopía confocal, 60X (A)Cladosporium cladosporioides, (B) Hanseniaspora opuntiae, (C) Hanseniaspora uvarum. La barra de escala corresponde a 100 µm 66
Figura 8. Morfología de hongos y levaduras Moquegua, observada mediante microscopía confocal, 60X, (A) Hanseniaspora uvarum – M_920 msnm, (B) Hanseniaspora opuntiae-M_1210 msnm (C) Naganishia albida, (D) Rhodotorula babjevae, (E) Papiliotrema flavescens, (F) Cla 68
Figura 9. Morfología de hongos y levaduras Omate observada mediante microscopía confocal, 60X (A) Aureobasidum pullulans, (B) Alternaria gaisen, (C) Cladosporium aggregatocicatricatum, (D) Naganishia albida, (E) Filobasidium magnum (F) Aureobasidium pullulans. L 69

RESUMEN

La viticultura en Moquegua constituye un ejemplo emblemático de cómo la tradición y la innovación científica pueden converger para potenciar el valor de una región, donde la riqueza microbiológica y las condiciones agroclimáticas de la región son factores que, al ser estudiados mediante técnicas avanzadas de biología molecular, como reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa (qPCR) y secuenciación genética, ofrecen nuevas perspectivas para la optimización de la producción vitivinícola. En este contexto, el presente estudio aborda la influencia de diferentes altitudes sobre la diversidad microbiana asociada a la superficie de la uva Moscatel de Alejandría, con el propósito de identificar levaduras nativas con potencial enológico. Para ello, se recolectaron muestras de uvas en tres zonas altitudinales: Ilo (80 m s.n.m.), Moquegua (920–1450 m s.n.m.) y Omate (1800 m s.n.m.). El aislamiento se realizó en medios selectivos agar Sabouraud cloranfenicol dextrosa (SCD) y agar diclorán rosa de Bengala cloranfenicol (DRBC). El material genético obtenido fue analizado mediante técnicas de biología molecular, incluyendo la secuenciación de la región ITS (espaciador interno transcrito), y posteriormente se efectuaron ensayos de cinética fermentativa para valorar el potencial enológico de las cepas aisladas. Los resultados revelaron 35 aislamientos correspondientes a 12 géneros, destacando *Hanseniaspora uvarum*, *H. opuntiae*, *Naganishia albida* y *Aureobasidium pullulans* como especies predominantes, con valores de identidad superiores al 97 %. Se observó una variación significativa en la composición microbiana según la altitud, lo que sugiere un efecto directo del entorno en la distribución de las levaduras no-*Saccharomyces*. Esta investigación consolida las bases para la selección de cepas autóctonas adaptadas a las condiciones regionales, fortaleciendo la identidad microbiológica del terruño moqueguano y aportando procedimientos biotecnológicos para el desarrollo de vinos de alta calidad con diferenciación regional.

Palabras clave: Uva Moscatel de Alejandría, no-*Saccharomyces,* Cinetica Fermentativa*, Hanseniaspora, Aureobasidium*

ABSTRACT

Viticulture in Moquegua represents an emblematic example of how tradition and scientific innovation can converge to enhance the value of a winegrowing region. In this context, the region's microbiological richness and agroclimatic conditions constitute key factors that, when investigated using advanced molecular biology techniques such as quantitative polymerase chain reaction (qPCR) and genetic sequencing provide new perspectives for optimizing vitivinicultural production. Accordingly, the present study examines the influence of altitude on the microbial diversity associated with the surface of Moscatel of Alexandria grapes, aiming to identify native yeasts with enological potential. Grape samples were collected from three altitudinal zones: Ilo (80 m.a.s.l.), Moquegua (920–1450 m.a.s.l.), and Omate (1800 m.a.s.l.). Yeast isolation was performed using selective media, including Sabouraud dextrose chloramphenicol agar (SCD) and dichloran rose bengal chloramphenicol agar (DRBC). The extracted genetic material was analyzed using molecular biology approaches, including sequencing of the internal transcribed spacer (ITS) region, followed by fermentative kinetic assays to evaluate the enological potential of the isolated strains. The results revealed 35 isolates belonging to 12 genera, with *Hanseniaspora uvarum*, *H. opuntiae*, *Naganishia albida*, and *Aureobasidium pullulans* emerging as predominant species, all exhibiting identity values above 97%. A significant altitudinal variation in microbial composition was observed, suggesting a direct environmental effect on the distribution of non-*Saccharomyces* yeasts. Overall, this study establishes a foundation for the selection of autochthonous yeast strains adapted to regional conditions, reinforcing the microbiological identity of the Moquegua terroir and providing biotechnological strategies for the development of high-quality, regionally differentiated wines.

Keywords: *Moscatel de Alejandría*, non-*Saccharomyces*, fermentative kinetics, *Hanseniaspora*, *Aureobasidium*

INTRODUCCIÓN

La región de Moquegua, en el sur del Perú, presenta un gradiente altitudinal que va desde 80 hasta 2200 m s.n.m., generando microclimas únicos que influyen en la composición microbiológica de la uva (*Vitis vinifera* L.) y en la calidad de los productos derivados. Entre sus variedades más representativas destaca la Moscatel de Alejandría, cuya identidad enológica depende en gran medida de las comunidades microbianas asociadas a su superficie. Estas comunidades, especialmente las levaduras autóctonas, desempeñan un papel esencial en las etapas iniciales de la fermentación, contribuyendo al desarrollo de compuestos volátiles y enzimas que definen el perfil sensorial del vino (Ciani et al., 2016; Oyuela Aguilar et al., 2020a; Pretorius et al., 2017).

Las levaduras no-*Saccharomyces*, como *Hanseniaspora* y *Aureobasidum*, poseen un potencial biotecnológico considerable al producir enzimas extracelulares) β-glucosidasas, esterasa y pectinasas (que transforman precursores no aromáticos en compuestos volátiles de alto impacto sensorial (Y. Liu et al., 2025). Aunque *Saccharomyces cerevisiae* domina la fase final de la fermentación, las interacciones metabólicas con estas levaduras nativas enriquecen la complejidad aromática, la textura y la autenticidad del vino (Carrau, 2005). La utilización de cepas autóctonas permite así reforzar el concepto de *terruño microbiano*, entendido como la huella ecológica y genética que las comunidades locales aportan sobre los productos fermentados (Gilbert et al., 2014).

Factores ambientales como la altitud, la radiación solar y la amplitud térmica condicionan la diversidad y distribución de las levaduras presentes en la superficie de las uvas. Estudios recientes demuestran que las comunidades microbianas varían significativamente a lo largo de gradientes altitudinales, afectando la dinámica fermentativa y los perfiles de compuestos aromáticos (Gao et al., 2019a). En Moquegua, donde coexisten valles costeros, intermedios y altoandinos, se consideran que las levaduras adaptadas a diferentes altitudes presentan características

fisiológicas y genéticas diferenciadas que pueden ser aprovechadas para obtener vinos con identidad geográfica definida (Mezzasalma et al., 2017).

El aislamiento y caracterización molecular de levaduras autóctonas mediante técnicas como reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa (qPCR) y la secuenciación de regiones génicas ITS (espaciador interno transcrito) o 26S rDNA han permitido mejorar la resolución taxonómica y la comprensión de la ecología microbiana enológica (Capece et al., 2012a). Estas técnicas posibilitan identificar cepas con potencial fermentativo, evaluar su adaptabilidad a las condiciones locales y establecer correlaciones entre diversidad genética y altitud. El enfoque molecular, por tanto, no solo amplía el conocimiento sobre la biodiversidad microbiana regional, sino que también establece las bases para el desarrollo de cultivos iniciadores nativos adaptados al *terruño* moqueguano.

En este contexto, la investigación sobre la diversidad, selección e identificación de levaduras autóctonas de la uva Moscatel de Alejandría en tres altitudes de Moquegua contribuye al conocimiento del *terruño microbiano* peruano. Este estudio propone una caracterización molecular de cepas nativas con potencial biotecnológico, integrando enfoques ecológicos y genómicos.

I. Planteamiento del problema

1.1. Descripción y formulación del problema

En Perú, la región de Moquegua, caracterizada por una marcada heterogeneidad altitudinal y microclima, constituye un sistema vitivinícola de complejidad agroecológica, particularmente relevante para el cultivo de la uva Moscatel de Alejandría (Dirección Regional de la Producción Moquegua, 2023; Prudence, 2010). Esta variedad ha sido escasamente estudiada en comparación con otras variedades más comerciales como Cabernet Sauvignon, Chardonnay y Sauvignon Blanc. En estos cultivares, se ha demostrado que la calidad del vino no depende únicamente del material vegetal, sino también del microbiota asociado a la uva, particularmente de las levaduras autóctonas, las cuales desempeñan un papel clave en la dinámica fermentativa y en la configuración del perfil sensorial final del vino. En este contexto, la comprensión de la diversidad y funcionalidad de las levaduras autóctonas asociadas a Moscatel de Alejandría resulta fundamental para optimizar su calidad enológica y potenciar su expresión varietal (Pretorius et al., 2017).

La altitud, como factor ecológico, afecta no solo a la bioquímica de las uvas, sino también a la composición y comportamiento de las comunidades de levaduras. Las investigaciones han mostrado que la diversidad de levaduras puede cambiar notablemente con la variación de la altitud, lo que a su vez puede alterar el perfil aromático y de sabores del vino (Gao et al., 2019). Por ejemplo, altitudes bajas se ha observado un incremento en la presencia de *Hanseniaspora uvarum* y *Candida zemplinina*, especies fuertemente vinculadas a la producción de ésteres frutales y compuestos florales; mientras que a mayores altitudes tienden a predominar levaduras basidiomicetas como *Aureobasidium pullulans* y *Sporobolomyces spp.*, junto con especies de *Metschnikowia*, las cuales presentan mayor tolerancia al estrés y elevada actividad enzimática (Barata et al., 2012). Estas diferencias muestran que la altitud no solo modifica la composición microbiana, sino también el potencial funcional de las comunidades de levaduras, abriendo oportunidades para su aprovechamiento dirigido en estrategias de vinificación diferenciada y de expresión del terruño.

.El cambio climático plantea otro desafío significativo para la viticultura global, haciendo que el estudio de la adaptabilidad de las levaduras autóctonas sea aún más relevante (Mezzasalma et al., 2017). Entender cómo las levaduras autóctonas de Moquegua responden a variaciones en el clima y altitud puede proporcionar perspertivas valiosas sobre su potencial para mantener la estabilidad y calidad de la fermentación en condiciones cambiantes.

La creciente demanda de vinos con identidad y diferenciación ha impulsado el estudio de levaduras autóctonas como herramientas enológicas para la obtención de perfiles sensoriales distintivos (Carrau et al., 2008; Ciani et al., 2010; Hong & Park, 2013). No obstante, persisten vacíos de conocimiento respecto al impacto específico de su incorporación durante la fermentación sobre la calidad enologica y la expresión sensorial del vino, lo que limita su aplicación dirigida en procesos enológicos (Vaudano et al., 2019a). Se estima que aproximadamente el 99% de los microorganismos autóctonos presentes en la superficie de la uva pertenecen al género de levaduras *no-Saccharomyces*. Aunque la especie *Saccharomyces cerevisiae* es la más dominante y finaliza el proceso de fermentación, la contribución de ciertas variantes *No-Saccharomyces* en las fases iniciales resulta determinante. Estas levaduras se han vinculado a la biosíntesis de compuestos volátiles asociados a notas aromáticas positivas y adicionalmente, a la producción de enzimas extracelulares capaces de hidrolizar precursores aromáticos glicosilados no volátiles, contribuyendo así a la intensificación y complejidad del perfil aromático del vino final (Godoy, 2013). Asimismo, la implementación de fermentaciones que mezclan levaduras de *Saccharomyces Cerevisiae* con cepas escogidas de *No-Saccharomyces*, se puede enriquecer tanto la complejidad aromática como la textura en boca del vino terminado.

En este contexto, este estudio se realizó una exploración cuidadosa de la diversidad microbiana de levaduras presentes en uvas de la variedad Moscatel de Alejandría en tres fundos situados en el departamento de Moquegua, utilizando técnicas moleculares. La fase inicial de la investigación se orientó a caracterizar la distribución de las comunidades

de levaduras presentes en un viñedo determinado, utilizando procedimientos de aislamiento directo a partir de la microbiota de la superficie de uva mediante técnicas estandarizadas de microbiología enológica. Además, tras la fermentación alcohólica espontánea del mosto, se analizó la presencia y distribución de especies fermentativas, cuya presencia en las uvas resulta ser limitada. Particular atención se dedicó a las características tecnológicas principales de cepas no *Saccharomyces*, evaluándolas para identificar potenciales candidatas que sirvan como iniciadores autóctonos para la fermentación de la uva Moscatel de Alejandría

1.2. Objetivos

- **Objetivo General**

  Aislar, identificar y seleccionar levaduras autoctonas, mediante qPCR y secuenciamiento, presentes en la uva Moscatel de Alejandría, basándose en sus cualidades enológicas.

- **Objetivos Específicos**
  - Aislar cepas de levaduras autóctonas a partir de bayas de uva *Moscatel de Alejandría* recolectadas en viñedos de la región de Moquegua, utilizando medios selectivos y condiciones controladas de cultivo.
  - Caracterizar morfológica y molecularmente las levaduras aisladas mediante microscopía óptica, reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa y secuenciamiento de regiones génicas específicas.
  - Evaluar la cinética fermentativa de cepas aisladas en caldo YPD (extracto de levadura, peptona, dextrosa) bajo condiciones controladas.

1.3. Justificación e importancia

La investigación propuesta, sobre la caracterización molecular de levaduras autóctonas en la región de Moquegua es crucial para avanzar en el conocimiento sobre la biodiversidad microbiana local. Este estudio no solo enriquecerá el entendimiento científico de la composición microbiana,

sino que también contribuirá a la valorización del terroir (Vaudano et al., 2019) y las prácticas vitivinícolas de Moquegua. Destacar la singularidad y tipicidad de los vinos de esta región es fundamental, especialmente en un mercado donde la distinción y la identidad regional son clave para el éxito comercial.

Además, los hallazgos de este estudio podrían fomentar innovaciones en las técnicas de vinificación, promoviendo el uso sostenible de los recursos locales y el desarrollo de vinos con características distintivas. Este enfoque no solo beneficiaría a los productores locales mediante la mejora de la calidad y singularidad de sus vinos, sino que también contribuiría a diversificar la oferta en el mercado global de vinos. En términos económicos y sociales, el impacto esperado de esta investigación es significativo, ya que podría aumentar la demanda de vinos de Moquegua y, por consiguiente, tener un efecto positivo en la economía local. Además, reforzaría el orgullo y la identidad cultural de la comunidad vinculada a la viticultura, fortaleciendo el sentido de pertenencia y la valoración de su herencia vinícola

1.4. Hipótesis

1.4.1. Hipótesis general

- La aplicación de técnicas de caracterización molecular permitió discriminar e identificar con precisión las levaduras autóctonas asociadas a la uva Moscatel de Alejandría, evidenciando su diversidad taxonómica y su potencial enológico a partir de criterios genéticos y cinéticos.

1.4.2. Hipótesis específicas

- Las bayas de uva Moscatel de Alejandría de la región de Moquegua albergan levaduras autóctonas viables que pueden ser aisladas mediante el uso de medios de cultivo selectivos y condiciones controladas.
- Las levaduras aisladas presentan características morfológicas diferenciables y perfiles moleculares únicos que pueden ser identificados mediante microscopía, qPCR y secuenciamiento de regiones génicas específicas (ITS o D1/D2 del ARNr 26S).

- Las cepas de levaduras autóctonas muestran variabilidad en su cinética fermentativa bajo condiciones controladas, y algunas de ellas presentan un rendimiento superior en términos de fermentación y producción de compuestos relevantes para la calidad enológica

1.5. Variables

En la tabla 1, se muestra la variables independientes y dependientes.

Tabla 1. Operacionalización de Variables

Variable	Tipo de variable	Definición operacional	Instrumento y/o equipo de Medición
Altitud de las Zonas de cultivo	Independiente	Altitud medida en metros: Zona A (Ilo), Zona B (Moquegua), Zona C (Omate).	GPS
Diversidad genética de levaduras	Dependiente	Número y tipo de variantes genéticas identificadas mediante análisis molecular en muestras de levaduras.	Secuenciación de ADN, PCR,
Distribución de levaduras	Dependiente	Proporción de cepas no *Saccharomyces* y su distribución en las zonas de estudio.	Secuenciación de ADN, PCR y Cytation C10

II. Marco teórico

2.1. Antecedentes

La viticultura y la enología constituyen disciplinas en constante desarrollo, impulsadas por la innovación tecnológica y el enfoque biotecnológico en la producción sostenible. En el contexto peruano, el cultivo de la vid representa una de las principales actividades agrícolas, destacando por la extensión de sus áreas de producción y su relevancia económica (Cáceres Yparraguirre & Julca Otiniano, 2018). El uso de levaduras autóctonas en la fermentación vínica se ha consolidado como una estrategia biotecnológica con potencial para conferir singularidad sensorial y química a los vinos; sin embargo, su aplicación en la enología continúa siendo escasamente explorada (Gao et al., 2019). En este contexto, la región de Moquegua se destaca como una de las principales zonas vitivinícolas del Perú; sus condiciones climáticas y edáficas particulares podrían modelar un

microbioma del viñedo distintivo, capaz de albergar cepas autóctonas de levaduras con características singulares.

García & Mamani, (2008), en su investigación se aislaron cepas de levaduras pertenecientes a la especie *Saccharomyces cerevisiae*, las cuales fueron caracterizadas mediante el análisis de los perfiles de restricción del ADN ribosomal. Se obtuvo un total de 150 aislamientos procedentes de 15 productores tradicionales con más de dos años de actividad fermentativa continua. Las cepas fueron sometidas a una identificación presuntiva utilizando como criterio la tolerancia al etanol, considerando como *S. cerevisiae* presumibles aquellas que mostraron una tolerancia superior al 7,5 % v/v. Treinta y tres aislamientos cumplieron con este requisito y posteriormente fueron empleados en fermentaciones a gran escala a 30 °C, utilizando mosto de jora con 200 g/L de azúcar, con el fin de identificar las cepas capaces de predominar bajo condiciones restrictivas. A partir de estas fermentaciones se preseleccionaron cuatro cepas, las cuales fueron evaluadas según sus principales características fermentativas, incluyendo tolerancia al etanol, resistencia a altas concentraciones de azúcares, acidez volátil, fenotipo *killer*, rendimiento de etanol y comportamiento frente a diferentes temperaturas de fermentación. De este análisis, las cepas 2B-3 y 3C-5 mostraron las mejores aptitudes fermentativas. La identificación molecular de las cuatro cepas seleccionadas se realizó mediante la técnica de polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP) del ADN ribosomal, utilizando las enzimas de restricción Hinf I, Hae III y Hha I. Los perfiles de corte obtenidos confirmaron que todas las cepas correspondían a la especie *S. cerevisiae*, al presentar patrones de digestión coincidentes para cada enzima utilizada. Estos resultados se corroboraron mediante simulaciones *in silico* generadas con el software Tacq, a partir de secuencias nucleotídicas disponibles en la base de datos del NCBI, lo que permitió validar la identificación taxonómica de las cepas analizadas.

Gao et al., (2019) se examinó la relación entre la composición microbiana presente en la superficie de uvas destinadas a la vinificación y las variables ambientales asociadas a su cultivo. Para ello, se llevó a cabo la

secuenciación de las regiones del ADN ribosomal 16S y del espacio transcrito interno (ITS) empleando la plataforma de secuenciación Illumina. En total, se analizaron 48 muestras correspondientes a cuatro variedades de uva procedentes de seis regiones vitivinícolas, identificándose 691 unidades taxonómicas operativas (OTU) bacterianas y 349 OTU fúngicas, con predominio de los filos *Proteobacteria* y *Ascomycota*. El análisis de diversidad microbiana evidenció que la composición bacteriana estuvo estrechamente asociada con factores geográficos como la altitud, latitud y longitud, mientras que la estructura de las comunidades fúngicas se relacionó principalmente con la altitud, el grado de aridez, el período libre de heladas y las variables de posición geográfica. En conjunto, los resultados demuestran que los factores geoclimáticos ejercen una influencia determinante sobre la estructura y diversidad de las comunidades microbianas presentes en la superficie de las uvas utilizadas para la elaboración de vino.

Zhu et al., (2021) se evaluó la microbiota asociada a la uva como una estrategia biotecnológica para reducir el contenido de etanol en vinos. El proceso fermentativo se inició con una combinación de tres levaduras no-*Saccharomyces* (*Metschnikowia pulcherrima*, *Torulaspora delbrueckii* y *Zygosaccharomyces bailii*), empleadas en distintas proporciones de inóculo y posteriormente complementadas con *Saccharomyces cerevisiae* en etapas secuenciales de fermentación (0, 48 y 72 h). La dinámica poblacional se analizó mediante métodos dependientes e independientes del cultivo, incluyendo medios WLN y PMA-qPCR. *T. delbrueckii* mostró la mayor capacidad de establecimiento, mientras que *M. pulcherrima* fue minoritaria. *S. cerevisiae* prevaleció al final de la fermentación, logrando una reducción de etanol entre 0,48 y 0,77% (v/v) en los ensayos secuenciales, junto con incrementos en los niveles de ácido láctico y acético. La mayor reducción se observó cuando las levaduras no-*Saccharomyces* se inocularon a una concentración diez veces superior a la de *S. cerevisiae*, aunque las interacciones entre cepas limitaron su eficiencia. Estos resultados confirman el potencial de las combinaciones de

levaduras no-*Saccharomyces* como herramienta prometedora para modular el contenido alcohólico y mejorar la complejidad sensorial del vino.

Sunyer-Figueres et al., (2018) durante la fermentación del vino, ciertas levaduras pueden entrar en un estado viable pero no cultivable, lo que podría afectar la calidad y estabilidad del producto final debido a su posible actividad metabólica residual. Para cuantificar con precisión las células viables en este estado, se emplean métodos independientes del cultivo, siendo la PCR cuantitativa una de las técnicas más confiables. En este estudio se evaluó la estabilidad del ARNr como indicador de viabilidad celular en *Saccharomyces cerevisiae* y en tres especies no-*Saccharomyces* (*Hanseniaspora uvarum*, *Torulaspora delbrueckii* y *Starmerella bacillaris*). Las levaduras fueron sometidas a tratamientos antimicrobianos con dimetildicarbonato (DMDC) a altas temperaturas, lo que promovió la lisis celular. Posteriormente, se monitoreó la persistencia del ARNr y su ADNc mediante PCR cuantitativa durante 48 horas tras la lisis. Los resultados demostraron que el ARNr mantiene su estabilidad en ese intervalo, lo que valida su uso como marcador fiable para la detección y evaluación de la viabilidad celular en levaduras vínicas.

Chen et al., (2023), se analizó la dinámica de la microbiota desde la superficie de la uva hasta el vino final, evidenciando cómo los microorganismos asociados al hollejo (influenciados por factores como la variedad, el clima, el manejo del viñedo y la disponibilidad hídrica) se transfieren durante la fermentación espontánea, afectando directamente los parámetros de calidad del vino. La investigación abordó la influencia del denominado *terroir microbiano*, reconocido por su variación regional, pero aún poco comprendido en cuanto a su impacto cuantitativo sobre la composición aromática a distintas escalas geográficas. Se recolectaron 24 muestras de dos variedades de uva procedentes de cuatro subregiones de dos zonas vitivinícolas de Xinjiang, y se aplicaron análisis geoespaciales y modelos de ecuaciones estructurales. Los resultados mostraron diferencias significativas en la composición microbiana y volátil entre regiones, con una mayor heterogeneidad de la microbiota a gran escala que determinó las distribuciones subregionales y varietales, influyendo de forma notable en el

perfil volátil del vino. Asimismo, se observó que la microbiota geográfica modula la influencia varietal sobre los compuestos aromáticos. En conjunto, los hallazgos demuestran que las comunidades microbianas responden a gradientes ambientales en distintos niveles espaciales, consolidando el papel del *terroir* microbiano como un factor clave en la diferenciación sensorial y regional de los vinos.

Por tanto, estos trabajos demuestran la necesidad de profundizar en la investigación y la experimentación en la industria vitivinícola local, aprovechando los recursos endémicos de la región, como las levaduras autóctonas. Este estudio resalta la diversidad de levaduras en zonas vitivinícolas poco exploradas y su potencial en la elaboración de vinos con características sensoriales únicas.

2.2. Bases teóricas

2.2.1. Introducción al Estudio de la Viticultura en Moquegua

a). Características generales de Moquegua y su relevancia vitivinícola.

Moquegua, una de las regiones más destacadas del sur del Perú, se encuentra ubicada en la región occidental de los Andes, entre las latitudes 16° y 17° S. Limita al norte con la región de Arequipa, al este con Puno y el departamento de Tacna al sur, mientras que su costa se extiende hacia el Pacífico. Esta ubicación geográfica es fundamental para comprender las particularidades del clima y los suelos de la región, factores que, junto con su historia, han conferido a Moquegua una relevancia especial en la viticultura peruana (Prudence M., 2012a).

Moquegua presenta una topografía heterogénea que integra zonas costeras y valles interandinos, lo que da lugar a un clima predominantemente árido a semiárido, caracterizado por baja precipitación anual, elevada radiación solar y marcada amplitud térmica diaria. En los valles vitivinícolas, las temperaturas diurnas suelen oscilar entre 25 y 30 °C, mientras que las temperaturas nocturnas pueden descender hasta 08–15 °C, generando condiciones agroclimáticas favorables para el cultivo de la vid y la acumulación de compuestos aromáticos en variedades como Moscatel de Alejandría (Huertas Vallejos, 2024).

El clima seco, la baja pluviometría (< 50–100 mm) y la alta radiación solar (> 5.5 $kWh \cdot m^{-2} \cdot día^{-1}$) en las zonas agrícolas de Moquegua propician una maduración lenta de la uva, lo cual es ventajoso para la acumulación de azúcares y compuestos fenólicos en los frutos (Prudence M., 2012). Las temperaturas moderadas durante la noche contribuyen a la preservación de la acidez, factor esencial para la producción de vinos equilibrados, frescos y con buena capacidad de envejecimiento (Arias et al., 2022).

Los suelos aluviales de origen volcánico de Moquegua presentan pH 6.5–7.5, baja materia orgánica (1.0–2.5 %) y altos contenidos de K, Ca y Mg, condiciones que favorecen un crecimiento moderado de la vid y la expresión sensorial diferenciada de los vinos, reflejando el terruño regional (Lucini et al., 2020), otorgando a los vinos de Moquegua una tipicidad única, que refleja el terruño de la región.

La historia vitivinícola de Moquegua es profunda y se remonta a la época colonial. Durante el periodo del virreinato, los españoles introdujeron el cultivo de la vid, especialmente en las zonas costeras y los valles de la región. Moquegua, se convirtió en un punto importante en la producción de vino y brandy (aguardiente) para abastecer los mercados de las minas del Alto Perú (Prudence M., 2012a). Las primeras plantaciones de vid en la región fueron progresivamente adaptadas a las condiciones edafoclimáticas locales (clima árido a semiárido, alta radiación solar, baja precipitación anual, marcada amplitud térmica diaria y suelos aluviales de origen volcánico con buen drenaje y riqueza mineral) lo que permitió que en un corto período, Moquegua destacara por la calidad de sus vinos, los cuales eran distribuidos mediante redes de comercio regional e interprovincial. Con el tiempo, la viticultura en Moquegua fue perfeccionándose y la región fue conocida por la elaboración de vinos de excelente calidad, siendo comparables en términos de potencia y estructura con vinos de Chile y Argentina, que se destacaban no solo en el mercado local, sino también en mercados internacionales. La región se convirtió en una de las más importantes del país en términos de producción vitivinícola, especialmente por sus vinos de alta graduación alcohólica, como el Pisco, que comenzó a ganar notoriedad en el siglo XIX (Rice, 2010).

Moquegua ha desempeñado un papel fundamental en el desarrollo de la viticultura peruana y continúa siendo un centro estratégico para la producción de vinos y destilados, en especial del pisco. La región alberga variedades autóctonas y europeas de uva, como la Quebranta, Italia y Torontel, que son cultivadas en los valles costeros y en las zonas más altas de los Andes. La adaptabilidad de estas variedades a las condiciones locales ha permitido que la viticultura de Moquegua no solo sea productiva, sino también resistente a los desafíos climáticos y geográficos de la región.

El impacto de la viticultura en la economía local es significativo, ya que la producción de vino y pisco representa una de las principales actividades agrícolas de la región(Sharratt et al., 2022). El desarrollo del turismo enológico ha convertido a Moquegua en un referente nacional e internacional por su patrimonio vitivinícola y su entorno natural singular.

La producción vitivinícola en Moquegua ha mostrado una marcada variabilidad interanual durante la última década. En 2010 se registraron 114 435 L de vino, seguido de una disminución en 2011–2012 (99 570 y 88 920 L, respectivamente) y una recuperación en 2013 (114 630 L). Tras nuevas caídas en 2014–2015, la producción alcanzó un periodo favorable entre 2017 y 2019, con un máximo de 140 380 L en 2019. Posteriormente, se observó una reducción en 2020 (115 360 L), un incremento excepcional en 2021 (173 800 L) y una nueva contracción en 2022 (100 200 L), reflejando la sensibilidad del sector a factores climáticos, productivos y de gestión local (Dirección Regional de la Producción Moquegua, 2023)

b). Importancia del vino Moscatel de Alejandría en la región de Moquegua

El cultivo del Moscatel de Alejandría en la región de Moquegua se desarrolla bajo condiciones agronómicas particulares que influyen directamente en la composición y calidad del vino. Las vides se cultivan a diferentes altitudes del valle, aprovechando microclimas contrastantes y una disponibilidad hídrica variable, factores que determinan su rendimiento y perfil aromático. La influencia de los vientos predominantes y la limitada aplicación de fertilizantes contribuyen a un manejo vitícola de carácter

artesanal, orientado a la expresión natural del terruño. A pesar de la simplicidad tecnológica de las prácticas tradicionales de vinificación, estas han permitido preservar los rasgos sensoriales distintivos del Moscatel de Alejandría, como sus notas florales, su frescura aromática y su dulzura equilibrada (Rice, 2010).

El vino Moscatel de Alejandría ha constituido un elemento determinante en el desarrollo vitivinícola de la región de Moquegua, no solo por su aporte sostenido a la economía local, sino también por su profundo valor cultural y patrimonial. Esta variedad, reconocida por su distintivo perfil aromático y su marcada dulzura natural, se cultiva en el valle de Moquegua desde el siglo XVI, manteniéndose hasta la actualidad como una de las cepas más representativas del patrimonio vitivinícola peruano (Miranda P., 2019). Cabe mencionar que, la producción de vino en Moquegua estuvo estrechamente ligada al uso de variedades como el Moscatel de Alejandría. Este vino se comercializaba tanto a nivel local como en otras regiones del virreinato, consolidando a Moquegua como un importante centro vitivinícola (Bustamante Y., 2018).

En el contexto actual, la uva variedad Moscatel de Alejandría sigue siendo un referente de la región, atrayendo la atención de productores que buscan revitalizar la viticultura local mediante el rescate de variedades autóctonas y la implementación de tecnologías modernas para mejorar la calidad y estabilidad del producto final. De esta manera, el Moscatel de Alejandría no solo representa un vínculo con el pasado, sino también una oportunidad para el desarrollo sostenible de la región vitivinícola de Moquegua.

2.2.2. Fundamentos de la microbiología del vino

De acuerdo con (Zambianchi et al., 2023) los fundamentos de la microbiología del vino se sustentan en la comprensión integral del terruño y su influencia sobre la calidad final del producto. Este enfoque incluye la caracterización del ecosistema microbiano a lo largo de toda la cadena de producción, el análisis de los perfiles metabólicos y la detección de

moléculas discriminantes asociadas a las condiciones edáficas. Además, destacan la importancia de las bacterias acéticas y lácticas durante las etapas fermentativas, así como la necesidad de comprender la dinámica poblacional microbiana y su impacto en los atributos sensoriales del vino.

Por su parte, Capece et al., (2012) amplían este marco conceptual al enfatizar el papel de la diversidad genética y fenotípica de *Saccharomyces cerevisiae*, cuya variabilidad contribuye a la complejidad aromática y al perfil sensorial único de los vinos. Estos autores resaltan el uso de marcadores moleculares y tecnológicos para evaluar la biodiversidad natural entre cepas, así como la influencia del mosto de uva en el metabolismo fermentativo. Asimismo, proponen la selección de cepas autóctonas de regiones de "viticultura heroica" como cultivos iniciadores con valor enológico diferenciado. Finalmente, subrayan el papel complementario de las levaduras no-*Saccharomyces* en las fases iniciales de la vinificación, las cuales, aunque no dominantes en la fermentación alcohólica, aportan significativamente a la diversidad microbiana y a la expresión sensorial del vino.

a). Microbiota de la uva (*Vitis vinifera*)

La superficie de la uva constituye un ecosistema microbiano complejo, donde interactúan hongos filamentosos, levaduras y bacterias con funciones metabólicas diversas y con efectos directos sobre la calidad del vino. Este consorcio, compuesto principalmente por levaduras, bacterias lácticas y acéticas, varía en abundancia y composición según el estado de madurez de la uva, las condiciones edáficas y la disponibilidad de nutrientes en el ambiente (Barata et al., 2012). En este contexto, la vid y su microbiota asociada pueden considerarse un holobionte funcional, donde las interacciones planta–microorganismo determinan tanto la resiliencia fisiológica de la planta como la expresión final del terruño enológico (Bettenfeld et al., 2022).

Los microorganismos epífitos, desarrollan mecanismos adaptativos que les permiten tolerar condiciones de estrés hídrico, radiación solar y limitación de nutrientes, desempeñando un papel crucial en la fermentación

espontánea de los mostos. Estos organismos contribuyen de manera determinante a la calidad sensorial del vino, al generar metabolitos secundarios (como ésteres, terpenos, ácidos grasos y uretano) que configuran su complejidad aromática y química (Cordero-Bueso et al., 2014; Granados-Sanchéz et al., 2007).

Durante el proceso de maduración de la uva, la composición microbiana de la superficie del fruto experimenta transformaciones significativas que repercuten directamente en la calidad del mosto y, en consecuencia, del vino. En las etapas tempranas de desarrollo, la microbiota está dominada por especies epifíticas adaptadas a condiciones de alta radiación y baja disponibilidad de nutrientes. Sin embargo, conforme avanza la maduración, la piel de la uva acumula compuestos azucarados y aminoácidos que favorecen la proliferación de levaduras fermentativas, en particular las no-*Saccharomyces*, las cuales incrementan notablemente su abundancia hacia el momento de la cosecha (Barata et al., 2012; Capece et al., 2022).

Estas levaduras, pertenecientes a géneros como *Hanseniaspora*, *Candida*, *Torulaspora*, *Pichia*, *Issatchenkia* y *Metschnikowia*, desempeñan un rol metabólico relevante durante las fases iniciales de la fermentación alcohólica. Su presencia en la uva madura y en los mostos recién prensados constituye una fuente esencial de enzimas extracelulares y metabolitos secundarios que modulan la liberación de precursores aromáticos, afectando la complejidad sensorial del vino. Entre ellas, *Hanseniaspora uvarum* se distingue por su alta frecuencia y actividad fermentativa inicial, mientras que *Candida zemplinina* suele predominar dentro de su género en mostos y vinos, contribuyendo con la producción de ésteres y alcoholes superiores (Zott et al., 2011).

Desde el punto de vista metabólico, las levaduras no-*Saccharomyces* influyen de manera decisiva en el perfil aromático del vino mediante rutas bioquímicas, como la ruta de Ehrlich y los procesos de esterificación, responsables de la formación de alcoholes superiores y ésteres frutales. Además, la expresión de enzimas extracelulares (β-glucosidasas y esterasas) permite la liberación de terpenos y otros compuestos volátiles a partir de precursores glicosilados de la uva, lo que resulta especialmente

relevante en variedades aromáticas como Moscatel de Alejandría y contribuye a la complejidad sensorial y a la expresión del terruño (Belda et al., 2017).

A medida que la uva madura, la composición microbiana cambia significativamente: las levaduras fermentativas aumentan en abundancia hacia la cosecha, mientras que durante el crecimiento del fruto predominan las especies epifíticas y oxidativas (Renouf et al., 2005). Estos patrones se han confirmado mediante técnicas moleculares avanzadas, como la secuenciación de ADN ribosomal y la metagenómica, que permiten describir con mayor precisión la estructura y dinámica del microbioma de la uva (Gao et al., 2019a).

La influencia geográfica también ejerce un papel determinante en la conformación de estas comunidades microbianas. En estudios realizados en Nueva Zelanda, Gayevskiy y Goddard (2012) demostraron que las levaduras son los microorganismos más sensibles a los factores geográficos, evidenciando una relación directa entre el entorno ambiental y la identidad microbiana del viñedo. De igual modo, investigaciones en Europa sugieren que la composición microbiana refleja el tipo de manejo agrícola, diferenciando entre prácticas tradicionales, orgánicas y biodinámicas (Ciani & Comitini, 2015). Sin embargo, el uso intensivo de pesticidas puede alterar drásticamente este equilibrio ecológico, reduciendo la diversidad microbiana e interrumpiendo los mecanismos naturales de competencia y protección del fruto (Milanović et al., 2023).

b). Rol de las levaduras en la vinificación.

Las levaduras desempeñan un rol determinante en la vinificación, no solo por su capacidad de transformar los azúcares del mosto en etanol, sino también por su impacto directo en el perfil sensorial, aromático y estructural del vino. Entre ellas, *Saccharomyces cerevisiae* se reconoce como la especie más relevante desde el punto de vista tecnológico, debido a su elevada tolerancia al etanol, su vigor fermentativo y su notable capacidad de adaptación a las condiciones ambientales de la bodega, lo que le permite dominar las fases finales de la fermentación, tanto en procesos

espontáneos como inoculados (Capece et al., 2012a). Sin embargo, en las etapas iniciales de la fermentación espontánea, coexiste una comunidad diversa de levaduras no-*Saccharomyces* como por ejemplo *Hanseniaspora*, *Candida*, *Metschnikowia*, *Pichia* y *Rhodotorula*, que aunque son desplazadas progresivamente por *Saccharomyces*, ejercen una contribución metabólica importante. Estas especies intervienen en la liberación de compuestos volátiles, enzimas extracelulares y metabolitos secundarios, enriqueciendo la complejidad aromática y sensorial del vino y aportando características diferenciales asociadas al terruño microbiano (Fazio et al., 2024a).

Recientemente, se ha renovado el interés por el uso de levaduras autóctonas, cuyo origen geográfico se asocia estrechamente con la expresión del "terruño microbiano", aportando características únicas al perfil volátil del vino. Entre ellas, especies como *Torulaspora delbrueckii*, *Lachancea thermotolerans*, *Hanseniaspora uvarum*, *Starmerella bacillaris* y *Metschnikowia pulcherrima* han demostrado un prometedor potencial enológico cuando se emplean en fermentaciones mixtas o secuenciales junto a *S. cerevisiae*. Estas especies no solo enriquecen el perfil aromático, sino que también producen enzimas que pueden mejorar la calidad final del vino mediante mecanismos como la liberación de compuestos aromáticos, la modulación de la viscosidad o la estabilización del color, ampliando así las herramientas biotecnológicas disponibles para la elaboración de vinos con identidad y diferenciación regional.(Di Maio et al., 2012)

Las levaduras cumplen una función estratégica más allá de la fermentación alcohólica, interviniendo también en la reducción de aminas biógenas, compuestos asociados a riesgos en la calidad y seguridad del vino. (Alfonzo et al., 2021a). Especies no-*Saccharomyces* como *Hanseniaspora vineae* han mostrado potencial en fermentaciones secuenciales con *Saccharomyces cerevisiae* para disminuir estos compuestos. Asimismo, *Schizosaccharomyces pombe* destaca por su capacidad para degradar ácido málico y azúcares residuales con baja producción de ácido acético, representando una alternativa eficaz a la fermentación maloláctica tradicional (Moreira et al., 2024).

c). Importancia de las levaduras *Saccharomyces* y no-*Saccharomyces*.

En el ecosistema fermentativo del vino, las levaduras desempeñan roles complementarios que determinan tanto la eficiencia metabólica como la complejidad sensorial del producto final. Las especies del género *Saccharomyces*, especialmente *S. cerevisiae*, constituyen los principales agentes fermentativos por su alta tolerancia al etanol, su estabilidad en condiciones enológicas y su capacidad para garantizar fermentaciones completas y reproducibles (Capece et al., 2012a; Englezos et al., 2022).

Por su parte, las levaduras *no-Saccharomyces* (*Hanseniaspora*, *Metschnikowia*, *Pichia*, *Candida* y *Torulaspora)* participan activamente en las etapas iniciales de la fermentación, donde liberan enzimas extracelulares (β-glucosidasas, pectinasas y esterasa) y metabolitos secundarios que modulan el perfil aromático y la textura del vino (Strauss et al., 2001; Varela et al., 2009). Aunque su presencia suele ser transitoria, estas especies desempeñan un papel esencial en la diversificación de aromas y compuestos volátiles, potenciando la expresión del terruño microbiano.

El empleo combinado de cepas *Saccharomyces* y no-*Saccharomyces* en fermentaciones mixtas o secuenciales representa hoy una estrategia biotecnológica innovadora para mejorar la calidad sensorial del vino, equilibrando la seguridad fermentativa con la expresión aromática diferenciada (Tofalo et al., 2022).

No obstante, en los últimos años ha crecido el interés por las levaduras no-*Saccharomyces*, debido a su potencial para diversificar y mejorar el perfil sensorial del vino. Estas especies, como *Lachancea thermotolerans, Metschnikowia pulcherrima, Starmerella bacillaris, Torulaspora delbrueckii, Candida oleophila y Starmerella lactis-condensi*, pueden producir metabolitos como glicerol, ácidos orgánicos, compuestos fenólicos y enzimas con actividad aromática, que modulan positivamente atributos como la acidez, suavidad, color y complejidad del vino (Binati et al., 2020; Escribano-Viana et al., 2019; Naselli et al., 2023). Además, algunas cepas

muestran una notable actividad enológica, como mayor producción de glicerol, reducción de la acidez volátil y contribución al contenido de antocianinas y estilbenos, compuestos asociados no solo al color, sino también al potencial antioxidante del vino (Binati et al., 2019).

En el contexto la uva Moscatel de Alejandría, una variedad rica en precursores aromáticos terpénicos, el rol de las levaduras no-*Saccharomyces* adquiere una relevancia particular. Géneros como *Hanseniaspora* y *Aureobasidium*, recurrentemente aislados de superficies de uva en distintos pisos altitudinales, presentan una elevada actividad β-glucosidasa y esterasa, favoreciendo la liberación de terpenos libres responsables de aromas florales y frutales característicos de esta variedad. Asimismo, la distribución diferencial de estas levaduras en función de la altitud sugiere una adaptación fisiológica a condiciones edafoclimáticas específicas, lo que refuerza su potencial como moduladores del perfil sensorial y como indicadores biológicos del terruño microbiano (Barata et al., 2012; Belda et al., 2017; Gao et al., 2019a).

d). Interacciones microbianas en la fermentación del vino.

Las interacciones microbianas durante la fermentación del vino desempeñan un papel decisivo en la composición química, el perfil volátil y la calidad final del producto. Estas interacciones, que pueden ser mono-inoculaciones, bi-inoculaciones o tri-inoculaciones, se manifiestan principalmente entre levaduras *Saccharomyces*, no-*Saccharomyces* y bacterias lácticas, como *Oenococcus oeni*, influyendo tanto en la fermentación alcohólica como en la maloláctica (Englezos et al., 2022a; Russo et al., 2020). Las interacciones microbianas durante la fermentación están moduladas por factores cuantificables como la competencia por nutrientes (consumos iniciales de azúcares 20 a 30 g/L en las primeras 48 h), la tolerancia diferencial al etanol (levaduras no-*Saccharomyces* generalmente inhibidas a concentraciones de 4-7 %v/v, frente a *Saccharomyces cerevisiae*, que tolera 12-15 % v/v), y la producción de metabolitos con efecto inhibitorio o sinérgico, como ácidos orgánicos, alcoholes superiores y ácidos grasos de cadena media (0.5–10 mg/L). Estas interacciones determinan la sucesión microbiana y condicionan la

estabilidad fermentativa, por lo que su manejo controlado resulta crítico para preservar la coherencia microbiológica del proceso y orientar la expresión sensorial final del vino (Chen et al., 2025; J. Wang et al., 2024).

Diversas especies no-*Saccharomyces*, como *Metschnikowia pulcherrima* y *Starmerella bacillaris*, predominan en las etapas iniciales de la fermentación y, aunque presentan limitada resistencia al etanol, tienen un impacto notable en la modulación del perfil aromático mediante la producción de ésteres, terpenos y tioles (Naselli et al., 2023). Su aplicación en fermentaciones secuenciales o multistarter con *S. cerevisiae* ha demostrado ser eficaz para reducir el contenido de etanol y mejorar la complejidad aromática de los vinos (Ciani & Comitini, 2015). Además, *S. bacillaris* ha mostrado capacidad para modificar la estructura química del mosto, generando metabolitos con interés enológico, mientras que *O. oeni* (organismo clave en la fermentación maloláctica) puede ser favorecido o inhibido dependiendo de las cepas de levadura y los esquemas de inoculación aplicados (Russo et al., 2020).

Desde un enfoque sostenible, las interacciones entre microorganismos nativos o seleccionados ofrecen alternativas biotecnológicas que permiten reducir el uso de aditivos sintéticos, controlar naturalmente la flora indeseada y aumentar la eficiencia energética del proceso. El desarrollo de cultivos iniciadores mixtos, combinando levaduras especializadas y bacterias ácido-lácticas, ha sido propuesto como estrategia para conservar los beneficios de la fermentación espontánea mientras se minimizan los riesgos de paradas fermentativas o desviaciones indeseadas (Englezos et al., 2022). En paralelo, el avance de las herramientas genómicas y metagenómicas permite diseñar consorcios microbianos adaptados a condiciones ambientales específicas, abriendo nuevas oportunidades para una vinificación más personalizada, controlada y respetuosa con el entorno (Sant' & Lemos, 2024).

2.2.3. Influencia de las condiciones del suelo y del clima del valle vitivinícola.

La viticultura está fuertemente influenciada por diversos factores naturales y humanos que determinan las características distintivas de los vinos en

cada región. Los factores edafoclimáticos, como el tipo de suelo y el clima, así como los aspectos geográficos, como la altitud, influyen directamente en las características sensoriales del vino, la microbiota de las uvas y la dinámica de levaduras y bacterias a lo largo de la fermentación. Específicamente, los microorganismos que habitan en los viñedos, especialmente las levaduras, son fundamentales para el proceso de fermentación, y su diversidad depende estrechamente de las condiciones climáticas y geográficas. En este sentido, es clave entender cómo el clima, la altitud, la adaptación de las levaduras y las metodologías de análisis de la microbiota interactúan entre sí (Arias et al., 2022).

a). Efecto del clima y la altitud en la microbiota de la uva.

El clima, influenciado gracias a factores como la temperatura, la radiación solar y la humedad, desempeña un rol clave en el desarrollo de la microbiota de las uvas. Las temperaturas extremas en regiones de alta altitud no solo afectan el crecimiento de las uvas, sino también la composición microbiana asociada a ellas (Siles et al., 2016). En zonas de alta altitud, las uvas tienden a tener mayor acidez debido a una maduración más lenta, lo que también influye en los tipos de levaduras y bacterias que pueden sobrevivir. En temperaturas más frías, levaduras como *Saccharomyces cerevisiae* desarrollan adaptaciones que les permiten continuar la fermentación a temperaturas bajas, lo cual es esencial en la producción de vinos de regiones montañosas (Arias et al., 2022).

Por otro lado, en climas más cálidos, típicos de viñedos de baja altitud, se favorece la proliferación de una microbiota diferente, en la cual prevalecen levaduras y patógenos resistentes al calor, lo que influye en las características del vino. Este fenómeno resalta la importancia de controlar la temperatura durante la fermentación, ya que las levaduras adaptadas a rangos térmicos específicos pueden generar perfiles de sabor muy diferentes (D. Liu et al., 2019a).

La radiación solar también tiene un efecto importante, especialmente en regiones montañosas, donde las uvas pueden desarrollar más compuestos fenólicos y antioxidantes debido a una mayor exposición al sol. Este incremento en antioxidantes favorece microorganismos resistentes al

estrés oxidativo, lo que resulta en una fermentación más compleja y en vinos con mayor acidez y estructura (Costantini et al., 2022; Tofalo et al., 2023).

La altitud afecta significativamente la biodiversidad microbiana en los viñedos. Con el aumento de la altitud, las condiciones se intensifican, presentando temperaturas más bajas, mayor radiación solar y una menor concentración de oxígeno. Estas condiciones favorecen a microorganismos adaptados a ambientes severos (Zarraonaindia et al., 2015). En viñedos de gran altitud, como en algunas regiones de Italia, se observa que levaduras como *Saccharomyces cerevisiae* y *Hanseniaspora uvarum* se adaptan mejor a estas condiciones y son predominantes en las fermentaciones (Mansour et al., 2022).

El menor contenido de oxígeno en altitudes elevadas favorece la supervivencia de microorganismos resistentes al estrés, lo que también impacta en la estabilidad microbiológica y la calidad de la fermentación. En zonas de gran altitud, los microorganismos muestran una notable capacidad de resistencia a la deshidratación y el frío, lo que les permite realizar la fermentación en condiciones que serían inviables en altitudes más bajas (Oyuela Aguilar et al., 2020b).

b). Adaptación de las levaduras a condiciones ambientales específicas.

Las levaduras, especialmente *Saccharomyces cerevisiae*, son de gran importancia en la vinificación, pero su éxito depende de su capacidad para adaptarse a las condiciones climáticas y geográficas específicas. En las regiones de alta altitud, las levaduras deben ser capaces de resistir temperaturas extremas y la baja presión atmosférica (Deak, 2006). Los estudios indican que estas levaduras se adaptan a través de modificaciones genéticas que les permiten tolerar el frío, la baja disponibilidad de oxígeno y los cambios en la composición del mosto de uva (Saini et al., 2018).

Las levaduras adaptadas a climas fríos y de gran altitud muestran una mayor resistencia al estrés térmico. Esto se debe a su capacidad de modificar la estructura de las membranas celulares para evitar daños por

las bajas temperaturas. Además, su habilidad para metabolizar azúcares complejos, presentes en las uvas de estas regiones, les permite sobrevivir y continuar con la fermentación (Deis et al., 2024a). Estas levaduras no solo se adaptan a las condiciones climáticas, sino que también juegan un rol fundamental en la creación de un perfil de sabor con mayor acidez y frescura, características comunes en los vinos de montaña.

Además del frío, las levaduras en estas regiones deben ser capaces de enfrentar la disminución de la presión atmosférica, lo que dificulta la respiración celular. Algunas especies de levaduras tienen una mayor capacidad de ajustar sus procesos metabólicos en función de la disponibilidad de oxígeno, lo que les permite realizar la fermentación en condiciones de menor oxígeno (González et al., 2022).

Además de *Saccharomyces cerevisiae*, en los viñedos de alta altitud hay una mayor diversidad de levaduras no *Saccharomyces*, como *Hanseniaspora* y *Kloeckera*, que tienen un rol clave en las primeras fases de la fermentación alcohólica. Estas levaduras tienen la capacidad de sobrevivir y multiplicarse en condiciones más frías y con menos nutrientes, lo que les da una ventaja en estas regiones extremas (García-Ríos & Guillamón, 2019). La interacción entre estas levaduras y las bacterias lácticas existentes en el mosto puede generar una fermentación más compleja y aromas distintivos que enriquecen el perfil del vino (Guedes et al., 2024).

En este contexto, la adaptación de las levaduras a las condiciones ambientales específicas para el éxito de la fermentación y para generar vinos con características únicas. La presencia de levaduras adaptadas a las condiciones geográficas específicas puede dar lugar a vinos más complejos que aquellos fermentados con cepas estándar en regiones más cálidas.

c). Métodos de análisis de la diversidad microbiana en viñedos.

El análisis de la microbiota de los viñedos ha avanzado con el uso de técnicas moleculares, como la secuenciación de ADN, que permiten una identificación más precisa y detallada de los microorganismos presentes (Savazzini et al., 2009). La secuenciación de próxima generación (NGS) ha

permitido caracterizar la diversidad microbiana de manera más eficiente que los métodos tradicionales de cultivo. A través de esta técnica, los investigadores no solo identifican las especies de levaduras y bacterias, sino que también comprenden cómo estas comunidades microbianas cambian durante el ciclo de vida de la planta y durante la fermentación (Burns et al., 2015).

La secuenciación de ADN también ha sido fundamental para entender cómo factores como el clima y la altitud influyen en la microbiota. En viñedos de diferentes altitudes, se ha encontrado que la microbiota asociada a las uvas varía dependiendo de las condiciones geográficas y climáticas (Ma et al., 2018). Se observó una mayor presencia de bacterias ácido-lácticas y levaduras específicas en regiones de alta altitud, lo que respalda la idea de que el entorno juega un papel determinante en la diversidad microbiana y, por tanto, en las características del vino (Wei et al., 2018).

Además de la secuenciación de ADN, los métodos de análisis de metabolitos se han vuelto esenciales para estudiar la diversidad microbiana en los viñedos. Estas técnicas, como la espectrometría de masas y la cromatografía, permiten identificar compuestos químicos producidos por los microorganismos durante la fermentación. Los metabolitos proporcionan información sobre la actividad metabólica de las levaduras y bacterias presentes en el mosto y el vino, lo que a su vez puede correlacionarse con las características sensoriales del vino (Castañeda & Barbosa, 2017). En regiones de alta montaña, los estudios han mostrado que la actividad metabólica de las levaduras es más lenta debido a las bajas temperaturas, lo que afecta el perfil aromático del vino y lo hace más fresco y ácido (Stefanini & Cavalieri, 2018).

Según (Dutra-Silva et al., 2021), los métodos tradicionales de análisis físico-químico siguen siendo herramientas fundamentales para estudiar la microbiota presente en los viñedos, especialmente al explorar la relación entre las características del mosto (acidez, azúcares, pH) y la composición microbiana. Este enfoque permite no solo predecir el comportamiento de la fermentación, sino también asociar la diversidad microbiana con el perfil sensorial de los vinos resultantes (Xue et al., 2022). Al analizar estas

propiedades fisicoquímicas, es posible establecer correlaciones directas entre la microbiota y atributos clave del vino, como cuerpo, acidez y sabor

2.2.4. Genómica y adaptación de levaduras autóctonas

a). Técnicas de secuenciación y caracterización genómica de levaduras.

Según Young & Vivier (2010) la identificación de microorganismos es un proceso laborioso que requiere experiencia, ya que implica realizar múltiples pruebas para clasificar de manera precisa las levaduras aisladas de la uva o del vino. Además, este procedimiento se complica por los cambios constantes en la taxonomía de las levaduras, especialmente aquellas relacionadas con los procesos enológicos. Por ejemplo, especies como *Saccharomyces capensis*, *S. italicus* y *S. chevalieri* se han consolidado en una sola especie, *S. cerevisiae*, lo que ha reducido significativamente el número de especies dentro de este género. Actualmente, el género *Saccharomyces* comprende únicamente ocho especies, de las cuales tres están vinculadas a procesos fermentativos (*S. bayanus*, *S. cerevisiae* y *S. pastorianus*), mientras que las otras cinco provienen de ambientes naturales (*S. arboriculus*, *S. cariocanus*, *S. kudriavzevii*, *S. mikatae* y *S. paradoxus*) (Kurtzman & Robnett, 2003). De entre ellas, *S. cerevisiae* destaca por su relevancia en la fermentación alcohólica.

Las técnicas tradicionales de identificación se enfocan en la evaluación de la morfología y la fisiología de las levaduras. Estas incluyen pruebas como la fermentación y la asimilación de diversas fuentes de carbono y nitrógeno (Young & Vivier, 2010). Actualmente, existen kits comerciales como Api 20C (Biomérieux, Durham, USA), diseñados para identificar levaduras mediante la evaluación de su capacidad de asimilar diversas fuentes de carbono. No obstante, este tipo de métodos fenotípicos presentan limitaciones, ya que no consideran la variabilidad genética entre cepas. En consecuencia, dos aislamientos que muestran perfiles metabólicos distintos podrían corresponder a la misma cepa con mutaciones adaptativas, o bien a cepas diferentes con comportamientos nutricionales similares, lo que dificulta la interpretación precisa de los resultados (Moine et al., 2024).

- **Secuenciación de Amplicones (18S rRNA e ITS)**

Esta técnica se utiliza para identificar especies microbianas mediante regiones conservadas del ADN ribosomal, como el gen 18S o los espaciadores internos transcritos (ITS). Se amplifican regiones específicas del ADN ribosomal con *primers* universales, seguidas de su secuenciación y análisis comparativo con bases de datos genéticas (C. Wang et al., 2019a). Las aplicaciones son diversas como la caracterización de la diversidad microbiana en ecosistemas vinícolas, identificación de levaduras *Saccharomyces* y *no-Saccharomyces* presentes en uvas y durante la fermentación y el monitoreo de comunidades microbianas a lo largo de las fases del proceso enológico. Por otro lado, se tienen limitaciones ya que no proporciona información sobre genes funcionales ni adaptaciones metabólicas específicas y puede tener sesgos en la amplificación, favoreciendo ciertos taxones sobre otros (Martins et al., 2024).

- **Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)**

Es una técnica ampliamente utilizada en biología molecular, con múltiples aplicaciones, incluyendo el reconocimiento de levaduras enológicamente significantes. Su principio se basa en la amplificación "in vitro" de un fragmento específico de ADN utilizando oligonucleótidos iniciadores o "primers" diseñados para hibridar en regiones concretas del genoma objetivo. Esta técnica es altamente específica, ya que únicamente amplifica las secuencias delimitadas por los sitios donde los iniciadores se unen (Savazzini & Martinelli, 2006).

El proceso comienza con la desnaturalización del ADN, donde las dos hebras complementarias se separan mediante un aumento de temperatura. Luego, los iniciadores se acoplan en sitios específicos de cada hebra, y a partir de estos, la ADN polimerasa cataliza la adición de nucleótidos, usando cada hebra como molde. Como resultado, se generan dos nuevas hebras completas y complementarias. Este ciclo se repite múltiples veces, logrando una amplificación exponencial del ADN objetivo.

Los productos generados mediante PCR pueden analizarse mediante electroforesis en gel de agarosa o someterse a secuenciación, lo que amplifica el potencial de esta técnica en estudios de caracterización

molecular. Entre sus principales ventajas destacan su alta selectividad, la capacidad de analizar un gran número de muestras y la necesidad de una cantidad mínima de ADN para su ejecución. En el ámbito enológico, la PCR tiene una relevancia significativa para identificar levaduras, ya sea directamente a través de la secuenciación de los productos obtenidos o mediante su análisis con enzimas de restricción (RFLP) (Moine et al., 2024).

b). Genómica funcional de levaduras en diferentes altitudes

La genómica funcional en levaduras aisladas de distintas altitudes permite identificar mecanismos moleculares mediante los cuales estos microorganismos ajustan su maquinaria genética para adaptarse, crecer y llevar a cabo funciones metabólicas bajo condiciones ambientales específicas. Los cambios en la altitud generan variaciones en factores como la temperatura, la presión atmosférica, la radiación UV, la disponibilidad de oxígeno y la composición nutricional, lo que activa respuestas genéticas específicas en las levaduras (Fazio et al., 2024).

- **Adaptaciones genéticas y funcionales**

Las levaduras autóctonas que habitan en altitudes elevadas presentan una reprogramación genética que les permite adaptarse a condiciones adversas. Entre estas adaptaciones destacan su resistencia al estrés oxidativo y a la radiación UV, donde activan rutas metabólicas para reparar daños en el ADN, como los sistemas de reparación por escisión de nucleótidos (NER), además de mecanismos antioxidantes asociados a genes como SOD1 (superóxido dismutasa) y CTA1 (catalasa) (Tarko & Duda, 2024). Asimismo, regulan su respuesta osmótica acumulando glicerol intracelular, un osmorregulador que les confiere tolerancia a ambientes hiperosmóticos, característica modulada por genes como GPD1 y GPD2, crucial en mostos ricos en azúcar. Finalmente, frente a bajas temperaturas, incrementan la expresión de genes relacionados con proteínas de choque frío (CSP), favoreciendo la fluidez de las membranas celulares y manteniendo la actividad enzimática en condiciones de frío (Arias et al., 2022).

- **Impacto en procesos fermentativos**

Las diferencias genómicas entre las levaduras de altitudes bajas y altas influyen considerablemente en el proceso de fermentación alcohólica. En primer lugar, las variaciones en genes relacionados con la síntesis de ésteres y terpenos, como *ATF1* y *BAT2*, afectan los perfiles aromáticos del vino (Cui et al., 2021). En altitudes elevadas, estas adaptaciones genéticas favorecen la formación de compuestos volátiles clave que enriquecen las características aromáticas del producto final. Además, las levaduras de regiones más altas suelen mostrar una fermentación más lenta y controlada, atribuida a ajustes en genes implicados en las rutas metabólicas de carbohidratos, como HXK1 y GLK1. Este comportamiento puede resultar ventajoso, ya que permite una mayor retención de los aromas varietales durante el proceso fermentativo (Li et al., 2018).

- **Diversidad y variabilidad genética**

El análisis metagenómico de levaduras en distintas altitudes evidencia una mayor diversidad genética en regiones de altitud intermedia, caracterizadas por climas templados y suelos de riqueza nutricional moderada. Entre las principales observaciones destaca la presencia significativa de especies no pertenecientes al género *Saccharomyces*, como *Hanseniaspora uvarum* y *Metschnikowia pulcherrima*, especialmente en altitudes elevadas (Alsammar et al., 2019). Estas especies poseen perfiles genómicos que favorecen la producción de metabolitos secundarios, los cuales influyen en la modulación de la acidez y el perfil sensorial de los vinos. Por otro lado, se ha identificado una notable variabilidad intraespecífica en *Saccharomyces cerevisiae*, con variantes alélicas únicas en genes clave para la enología, que reflejan una adaptación específica a las condiciones ambientales de altitudes más altas.

c). Adaptación genética de las levaduras al estrés ambiental

Las levaduras, reconocidas por su notable capacidad de adaptación, han evolucionado mecanismos genéticos altamente especializados que les permiten prosperar en condiciones ambientales adversas. Investigaciones sobre su adaptación genética frente a diversos tipos de estrés ambiental han identificado estrategias moleculares complejas que incluyen la regulación dinámica de genes clave, modificaciones específicas en rutas

metabólicas y ajustes en la expresión génica para optimizar su supervivencia (Messner et al., 2023).

Estos mecanismos no solo garantizan la viabilidad de las levaduras en ambientes naturales extremos, como suelos con alta salinidad, climas fríos o regiones con intensa radiación UV, sino que también las hacen esenciales en aplicaciones industriales. Por ejemplo, en la enología, las adaptaciones genéticas de las levaduras determinan su desempeño durante las fermentaciones, afectando la efectividad del proceso y la calidad del resultado final.

A nivel molecular, las levaduras activan respuestas específicas según el tipo de estrés. Por ejemplo, ante estrés osmótico, aumentan la síntesis de glicerol, un osmólito compatible, mientras que, frente al estrés oxidativo, se potencia la acción de enzimas antioxidantes como el superóxido dismutasas y catalasas. En paralelo, rutas metabólicas clave, como la ruta de las pentosas fosfato, contribuyen a equilibrar el estado redox celular, asegurando la protección frente al daño oxidativo (Taymaz-Nikerel et al., 2016).

Estos estudios son críticos no solo para comprender la biología básica de las levaduras, sino también para aprovechar su potencial en procesos biotecnológicos. La identificación de genes específicos asociados a adaptaciones ambientales abre la puerta a la selección de cepas robustas o incluso a su modificación genética para optimizar características deseadas, como mayor tolerancia a condiciones extremas o producción de metabolitos específicos que optimicen las características sensoriales de los productos fermentados.

2.2.5. Contribución de levaduras a las características sensoriales del vino

a). Impacto de las levaduras en el perfil aromático del vino

Las levaduras juegan un papel esencial en el perfil aromático del vino, ya que son responsables de la conversión de los azúcares del mosto en etanol y de la producción de metabolitos secundarios que determinan las características sensoriales del producto final. La *Saccharomyces cerevisiae*, es ampliamente utilizada como levadura comercial, garantiza

una fermentación alcohólica eficiente y predecible. Sin embargo, las levaduras *no Saccharomyces* como *Hanseniaspora uvarum, Torulaspora delbrueckii y Metschnikowia pulcherrima* han llamado la atención por su capacidad para enriquecer el sabor y la complejidad del vino. Estas especies producen mayores cantidades de ésteres y alcoholes superiores, que son responsables de los aromas frutales y florales (Binati et al., 2019; Lappa et al., 2020).

Además, el uso de levaduras autóctonas ayuda a preservar la autenticidad regional del vino. Por ejemplo, estudios realizados en las regiones vitivinícolas de Italia y China han demostrado que las cepas locales adaptadas a condiciones territoriales específicas pueden producir perfiles aromáticos únicos relacionados con la interacción del suelo, el clima y las uvas (Fazio et al., 2024c; D. Liu et al., 2019b). el enfoque no sólo resalta las características del país de origen del vino, sino que también responde a las demandas de los consumidores interesados en productos auténticos y sostenibles.

b). Variabilidad del impacto sensorial de levaduras en diferentes altitudes.

La altitud es un factor importante que afecta el impacto de las levaduras en el vino debido a su influencia en las condiciones ambientales, como la temperatura y la exposición solar. En regiones montañosas, las levaduras enfrentan desafíos únicos, como temperaturas más bajas y niveles más altos de radiación UV, lo que fomenta la selección de cepas más resistentes y adaptadas. Estas cepas suelen producir vinos con perfiles aromáticos más frescos y mayor acidez, características valoradas en vinos blancos y espumosos (Fazio et al., 2024c).

En Sicilia, las levaduras aisladas en zonas volcánicas como el Monte Etna mostraron una notable diversidad genética y metabólica. *Hanseniaspora uvarum*, por ejemplo, demostró tolerancia al etanol y producción de glicerol, lo que contribuye a un cuerpo más redondo en el vino, mientras que *Metschnikowia pulcherrima* destacó por su capacidad para liberar precursores aromáticos como terpenos (Ciani & Comitini, 2015; Fazio et al., 2024c).

c). Relación entre compuestos volátiles y levaduras autóctonas

La producción de compuestos volátiles, como ésteres, terpenos y ácidos grasos, está directamente influenciada por las levaduras. Las levaduras *no-Saccharomyces,* aunque menos dominantes en la fermentación alcohólica, son fundamentales para la generación de estos compuestos. *Starmerella bacillaris*, por ejemplo es conocida por su capacidad para producir altos niveles de glicerol, que no solo aporta dulzura al vino sino que también equilibra su percepción en boca. Por otro lado *Lachancea thermotolerans* es valorada por aumentar los niveles de ácido láctico, mejorando la frescura del vino (Binati et al., 2020; Manzanares et al., 2003).

No obstante, investigaciones realizadas en China sobre cepas autóctonas de *Saccharomyces cerevisiae* y levaduras no-*Saccharomyces* en la región de Ningxia han destacado su capacidad para generar vinos con perfiles sensoriales únicos, caracterizados por intensos aromas florales y notas tropicales. Estas características se atribuyen a la capacidad de las levaduras para transformar compuestos precursores de las uvas en metabolitos aromáticos durante la fermentación (Chen et al., 2023b; D. Liu et al., 2019b).

2.2.6. Impacto de la gestión vitivinícola en la microbiota autóctona

a). Prácticas de manejo en viñedos y su efecto en la microbiota

La microbiota del suelo en los viñedos en la vida diaria se ve influida por la región vitivinícola, el clima y la ubicación geográfica, como se refleja parcialmente su influencia en las propiedades del suelo, pH y la materia orgánica en niveles (Burns et al., 2016). Las prácticas de manejo que se aplican en los viñedos afectan directamente al suelo y a las poblaciones microbianas que lo habitan. Estas prácticas como la implementación de cultivos de cobertura, preparación del suelo y la aplicación de enmiendas pueden influir en el microbiota del suelo, que a su vez desempeña un papel crucial en su entorno inmediato. Los microorganismos del suelo contribuyen a la inhibición de patógenos, la descomposición que influye en la mineralización de la materia orgánica (MOS), el aporte y conservación de esta, la estabilidad de los agregados del suelo y la disponibilidad de

nitrógeno y otros nutrientes esenciales (Beaumelle et al., 2023; Burns et al., 2016; Grandy & Neff, 2008; Ko, 2002).

Investigaciones previas han destacado la relevancia de la microbiota nativa de la vid en el proceso de producción de vinos característicos de una región particular (Knight et al., 2015). Tradicionalmente, se considera que las diferencias en los fenotipos geográficos agrícolas resultan de interacciones entre los genotipos de cultivos y factores extrínsecos. La microbiota es la clave para una producción agrícola, ya que afectan la disponibilidad de nutrientes, las interacciones en la rizosfera y la presión de enfermedades, influyendo en la salud de las plantas y los frutos (Leeuwen & Seguin, 2007; Peiffer et al., 2013; Philippot et al., 2013).

Knight et al., (2015) observaron diferencias genéticas entre poblaciones microbianas de distintas regiones, pero no demostraron si esto se relaciona con fenotipos agrícolas diferenciales. Utilizando *Saccharomyces cerevisiae* en Nueva Zelanda, el estudio mostró cómo estas poblaciones afectan el fenotipo del vino, destacando su importancia en la identidad regional. Por otro lado, Martins, (2024) demostró que, aunque se han identificado comunidades microbianas en diversos hábitats de viñedos, la relación entre la microbiota del suelo y la de la superficie de las bayas de uva sigue siendo incierta. Se encontró una baja superposición entre ambas microbiotas, lo que desafía la idea de una conexión directa.

b). Influencia del uso de pesticidas y técnicas de cultivo en la diversidad de levaduras.

Sustancias como fungicidas, insecticidas, herbicidas, nematicidas, rodenticidas y reguladores del crecimiento en las plantas se clasifican como pesticidas. Con la oportunidad de favorecer a la agricultura y controlar las plagas, se incorporaron insecticidas sintéticos como los organofosforados (OP), carbamatos y piretroides a los que se sumó posteriormente el uso de herbicidas y fungicidas (Kumar et al., 2021). En la vendimia, las uvas suelen ser afectadas por la presencia de mohos como: Aspergillus, Alternaria, Botrytis, Cladosporium y Penicillium, lo que afecta su valor nutricional y propiedades sensoriales (Torres-Palazzolo et al., 2024).

El control de las enfermedades fúngicas en viticultura convencional se realiza mediante fungicidas sintéticos. No obstante, los viticultores que adoptan prácticas orgánicas, integradas o biodinámicas evitan el uso de químicos sintéticos, recurriendo al cobre y al azufre, los únicos fungicidas permitidos según la Directiva 2006/60/EC de la Comisión Europea, para el manejo de estas enfermedades. Los Límite Máximos de Residuos (LMR) de pesticidas en uvas varían principalmente entre 0,01 mg/kg y 5 mg/kg, dependiendo del compuesto específico. Sin embargo, en algunos casos se permiten niveles considerablemente más altos, como en el caso del fosetil-aluminio, cuyo LMR es de 100 mg/kg (Comisión Europea, 2005). Además, el uso de estos fungicidas puede alterar la diversidad y densidad de las levaduras vínicas presentes en la superficie de las bayas, lo que podría afectar el desarrollo de fermentaciones espontáneas posteriores (Cordero-Bueso et al., 2014; Torres-Palazzolo et al., 2024).

En el proceso de elaboración de vino se lleva a cabo mediante varias operaciones y prácticas para la transformación del mosto en vino, esta transformación se ve intervenida especialmente por levaduras como *Saccharomyces cerevisiae*. Los residuos fungicidas pueden llegar a ocasionar la formación de compuestos volátiles indeseables, toxicidad para las levaduras, alterar el color del vino, reducir la composición fenólica del vino y provocar paradas fermentativas (Briz-Cid et al., 2019; Gava et al., 2021; Russo et al., 2019).En este contexto, diversos fungicidas sintéticos, como folpet, tebuconazol y difenoconazol, afectan negativamente la microbiota de la uva y la fermentación alcohólica, inhibiendo el crecimiento de *Saccharomyces* y levaduras no-*Saccharomyces*, y provocando paradas fermentativas (Guo et al., 2023; Togores, 2010, 2017). También alteran la composición microbiana superficial, favoreciendo la aparición de especies no habituales como *Clavispora lusitaniae* (Oliva et al., 2020). Aunque los residuos en vino suelen mantenerse por debajo de los límites legales, se concentran en subproductos como orujos y lías. Frente a este contexto, la viticultura orgánica ha demostrado mejorar la biodiversidad sin comprometer significativamente la productividad, aunque sus efectos varían según el entorno y manejo (Beaumelle et al., 2023; Ostandie et al., 2021). Además, reducciones sostenidas del uso de pesticidas pueden

mantenerse sin afectar el rendimiento económico del viñedo (Fouillet et al., 2024). Estos hallazgos destacan la necesidad de estrategias sostenibles que equilibren salud microbiológica, calidad del vino y rentabilidad.

2.2.7. Cinética fermentativa de cepas de levaduras

La evaluación de la cinética fermentativa permite comprender el comportamiento fisiológico y metabólico de las levaduras durante el proceso de fermentación, reflejando su capacidad de adaptación, crecimiento y producción de metabolitos bajo condiciones controladas. En el contexto del vino, esta cinética se analiza mediante modelos matemáticos, como el de Gompertz modificado o el logístico, que describen parámetros clave como la fase lag, la tasa máxima de crecimiento (μmax) y la densidad óptica máxima (A). Estos parámetros son fundamentales para identificar cepas con alto potencial enológico, ya que determinan su eficiencia fermentativa, tolerancia al etanol y producción de compuestos secundarios asociados al aroma y sabor del vino (Alfonzo et al., 2021b). El uso de medios como YPD bajo condiciones controladas proporciona un entorno estandarizado que permite comparar objetivamente el desempeño de distintas cepas, eliminando variaciones atribuibles a factores ambientales (de Mello et al., 2019) . Por otro lado, el análisis de la cinética fermentativa no solo permite seleccionar levaduras por su vigor y velocidad de fermentación, sino también por su contribución a la calidad sensorial del vino. Las cepas autóctonas, en particular las no-*Saccharomyces*, exhiben perfiles fermentativos diversos que influyen en la producción de ésteres, alcoholes superiores y ácidos orgánicos, aportando complejidad aromática y diferenciación regional al producto final (Chen et al., 2025; Soro et al., 2021; Varela et al., 2009). Por ello, el estudio de su comportamiento cinético bajo condiciones controladas constituye una herramienta esencial para identificar microorganismos con potencial biotecnológico y enológico, capaces de reforzar la identidad del terruño vitivinícola de regiones como Moquegua.

2.3. Definición de términos

- **Industria vitivinícola:** la vitivinicultura es una disciplina que integra los principios de la agronomía y la enología, abarcando tanto el cultivo de la vid y la producción de uvas como los procesos de elaboración y estudio científico del vino (Prudence, 2010b).
- **Viticultura:** la viticultura es la ciencia y técnica del cultivo de la vid orientada a obtener uvas de alta calidad mediante el manejo del suelo, el clima y la sanidad vegetal (Palliotti et al., 2014).
- **Maduración de la uva**: la maduración de la uva implica la acumulación de azúcares y aromas, junto con la reducción de ácidos, procesos determinados por el clima y las prácticas de cultivo (Palliotti et al., 2014).
- **Levadura autóctona**: son microorganismos nativos de una región que, tras adaptarse a sus condiciones ambientales, desarrollan rasgos únicos que influyen en la fermentación y en las características sensoriales de productos como el vino (Combina et al., 2005).
- **Pruina:** es una capa cerosa, microcristalina e hidrofóbica que recubre la superficie de las uvas. Funciona como barrera protectora frente a deshidratación, radiación y patógenos (P. Zhang et al., 2021).
- **Tipicidad**: la tipicidad en el vino expresa la identidad sensorial que refleja su origen varietal y geográfico, resultado de la interacción entre la uva, el entorno y las prácticas enológicas(C. Wang et al., 2022).
- **Perfil aromático y sensorial:** conjunto de características sensoriales (olor, sabor, textura) que definen a un vino y que son influenciadas por diversos factores, incluyendo las levaduras utilizadas en su elaboración (Lesschaeve & Noble, 2021).
- **Vinos competitivos:** vinos que se destacan por su calidad, características sensoriales, y/o relación calidad-precio, y que pueden competir exitosamente en el mercado frente a otros productos similares (Gram, 2018).

III. Metodología

3.1. Tipo y nivel de investigación

El trabajo de investigación es de tipo experimental, cuantitativa y el nivel de investigación explicativo.

3.2. Ámbito temporal y espacial

El presente proyecto de investigación inició en abril del año 2024. La toma de muestras de uvas de la variedad Moscatel de Alejandría se realizó en cinco fundos vitivinícolas distribuidos en tres zonas altitudinales del departamento de Moquegua, cuyas características se detallan a continuación (**Tabla 2**):

Tabla 2. Localización geográfica y características altitudinales de los viñedos de Moscatel de Alejandría (Italia) en el departamento de Moquegua.

Lugar	Fundo	Altitud (M.S.N.M)	Coordenadas geográficas
Ilo	La Compañía	80	17°37'32" S, 71°16'37" O
Moquegua	Biondi	920 - 1450	17°21'38" S, 71°0'42" O
Moquegua	Rodríguez	920 - 1450	17°13'31" S, 70°58'51" O
Moquegua	Atencio	920 - 1450	17°12'57" S, 70°55'42" O
Omate	Pagano	1800	16°42'31" S, 70°59'42" O

El proceso de extracción de ADN a partir de las muestras recolectadas se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular de la Universidad Nacional Agraria La Molina. El análisis de secuenciación fue llevado a cabo en la Universidad Autónoma de Madrid (España). Posteriormente, la evaluación de la cinética fermentativa de los aislados seleccionados se efectuó en el Laboratorio de Microbiología de la Escuela Profesional de Ingeniería Agroindustrial de la Universidad Nacional de Moquegua.

3.3. Población y muestra

Para garantizar una representatividad adecuada del ecosistema microbiano asociado a cada altitud, se empleó un muestreo estratificado por altitud, dividiendo las zonas de estudio en tres niveles:

- Zona A (Ilo): 80 msnm
- Zona B (Moquegua): 920–1450 msnm
- Zona C (Omate): 1800 msnm

La selección de los fundos vitivinícolas se realizó considerando criterios de accesibilidad, y representatividad agrícola, con el fin de garantizar que las muestras obtenidas reflejen la microbiota asociada a cada altitud. Para asegurar la validez ecológica y la comparabilidad microbiológica de las muestras, los viñedos seleccionados correspondieron a fundos con prácticas de manejo vitícola homogéneas para la variedad Moscatel de Alejandría. Asimismo, se priorizaron viñedos que permitieran una recolección y transporte rápidos bajo condiciones controladas, minimizando alteraciones en la estructura microbiana superficial de las bayas. Este enfoque metodológico garantizó la representatividad territorial de cada zona altitudinal y la obtención de muestras consistentes con el ecosistema microbiano característico de los viñedos (Barata et al., 2012).

En cada fundo vitivinícola seleccionado se recolectaron aproximadamente 3 kg de uvas en estado de madurez tecnológica, seleccionadas aleatoriamente entre racimos procedentes de distintas plantas con el fin de garantizar la variabilidad microbiológica intra-viñedo. Este volumen se consideró adecuado para garantizar una representatividad estadística y biológica de la microbiota, ya que permite obtener suficientes unidades de muestreo para submuestras independientes, repeticiones técnicas y eventuales verificaciones posteriores.

A partir del lote inicial, se tomaron submuestras de 100 g exclusivamente de bayas, separadas manualmente del raspón, debido a que la mayor densidad y diversidad de levaduras epifíticas se localiza en la piel de la baya, mientras que el raspón posee una microbiota distinta y menos

relevante para los fines enológicos del estudio. Las submuestras de 100 g permiten trabajar con un volumen manejable, estandarizado y compatible con protocolos microbiológicos validados para el aislamiento de levaduras.

Las bayas seleccionadas fueron trasladadas asépticamente en recipientes plásticos estériles de 100 mL, debidamente etiquetadas según origen y altitud, y congeladas a –20 °C hasta su procesamiento. Este método de conservación se empleó para preservar la integridad del material microbiológico sin alterar la composición de la comunidad epifítica ni comprometer la viabilidad de las levaduras, permitiendo su aislamiento y caracterización molecular posterior con mínima interferencia ambiental o metabólica.

3.4. Instrumentos

3.4.1. Materiales

- Frascos estériles 100 mL.
- Gradilla para tubos Eppendorf de 2 mL
- Gradilla para tubos Falcon de 15 mL y 50 mL
- Micropipetas (0.1-10, 10-100 y 100-1000 µL)
- Microplacas blancas y negras de 96 pocillos
- Papel tisú
- Probetas de vidrio (50, 100, 250 mL)
- Tubos Eppendorf de 2 mL
- Tubos para centrífuga de 50 mL, 15 mL
- Vasos de precipitados de vidrio (50, 100, 250 mL)

3.4.2. Equipos

- Balanza analítica capacidad máxima de 220 g y legibilidad de 0.1 g (ENTRIS224-1S, Sartorius Lab Instruments GmbH & Co, KG, Goettingen, Alemania)
- Centrifuga para tubos de 50 mL, 26°C, 500 – 4000 rpm (Proanalityt.C2004, Centurion Scientific Ltd, UK)
- Congeladora -20 a 0°C, (Rh25h5613sg, Samsung)
- Cabina de flujo laminar
- Pcr

- Cytation C10

3.4.3. Insumos y reactivos

- Caldo de patata dextrosa (Laboratorio Conda, Madrid, España)
- Agar Sabouraud cloranfenicol dextrosa (SCD) y agar diclorán rosa de Bengala cloranfenicol (DRBC) (Laboratorio Liofilchem, Italia).
- YPD Broth (Alpha Biosciences - USA)
- Kit de extracción de ADN número 78870 (Thermo Scientific, Hanover Park, IL, EE. UU)

3.5. Procedimientos

3.5.1. **Objetivo específico 1:** Aislar cepas de levaduras autóctonas a partir de bayas de uva *Moscatel de Alejandría* recolectadas en viñedos de la región de Moquegua, utilizando medios selectivos y condiciones controladas de cultivo.

a). Recolección de muestras de uvas.

La recolección de uvas se llevó a cabo durante la vendimia 2024 en tres zonas vitivinícolas de la región de Moquegua, Perú, clasificadas según su altitud en baja, media y alta. En cada zona se seleccionaron racimos de la variedad Moscatel de Alejandría (Italia) en óptimo estado de madurez y sanidad fitosanitaria. La cosecha se realizó de forma manual, siguiendo un muestreo dirigido y representativo para capturar la diversidad microbiana presente en la superficie de las bayas.

Las muestras se recolectaron en cinco fundos vitivinícolas estratégicamente distribuidos por altitud. La toma de muestra se efectuó una semana antes de la cosecha, seleccionando nueve plantas por fundo dentro de un cuadrante de 49 m², evitando la proximidad a los bordes de parcela (≥7 m) para reducir sesgos ambientales o de manejo. Los racimos seleccionados se manipularon con material estéril y se colocaron en recipientes plásticos estériles de 100 mL, debidamente identificados. Las muestras se mantuvieron a 4 °C durante el transporte y posteriormente se almacenaron a –20 °C en el laboratorio hasta su análisis, con el fin de

preservar la integridad de las comunidades microbianas nativas sin interferencia de contaminantes externos (Oyuela Aguilar et al., 2020a).

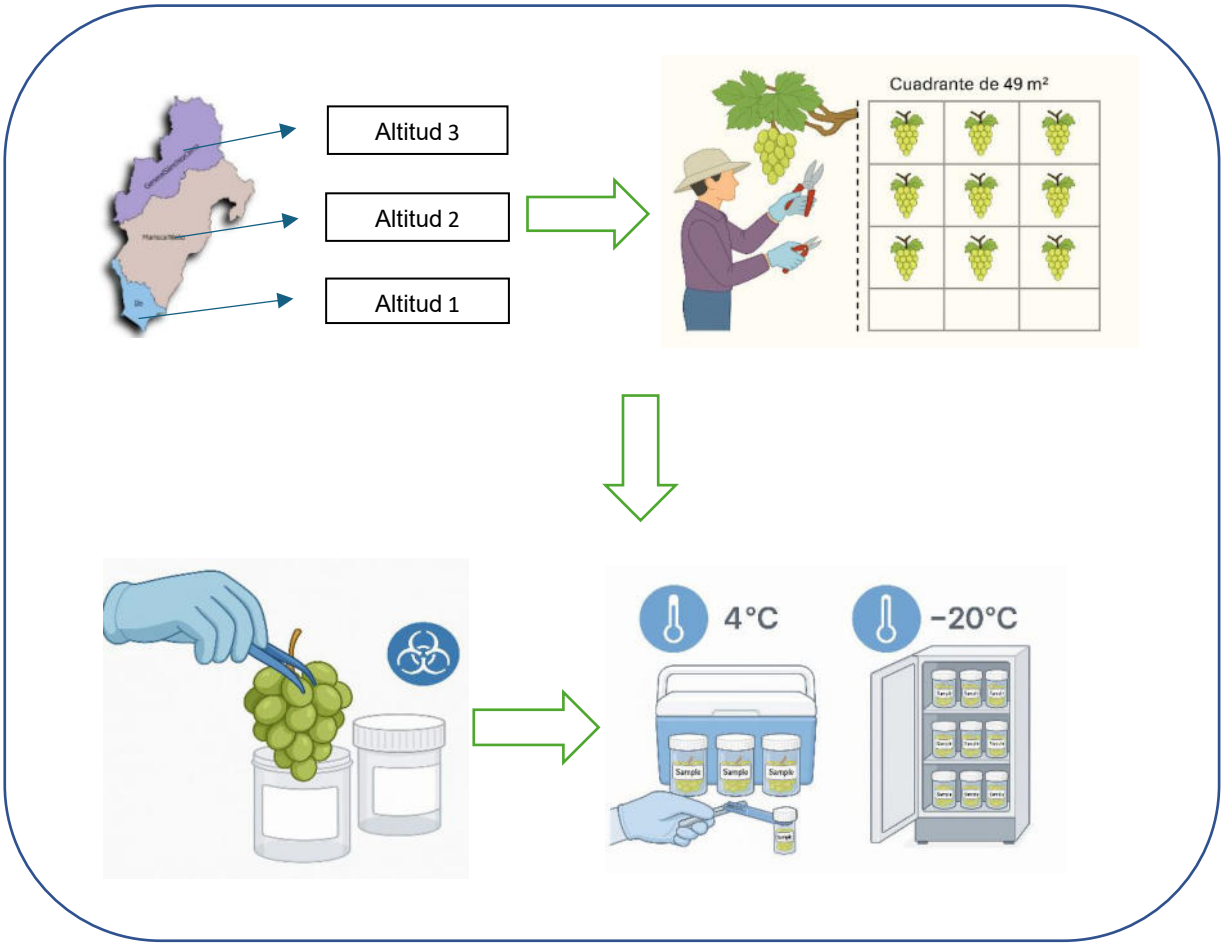


Figura 1. Esquema del procedimiento de muestreo y conservación de uvas Moscatel de Alejandría recolectadas a tres altitudes en la región de Moquegua

b). Aislamiento de levaduras autóctonas

La metodología se llevó a cabo siguiendo las recomendaciones descritas por Napa-Almeyda et al., (2023). Las muestras de uva se descongelaron bajo condiciones controladas a 25 ºC durante 30 minutos. A partir de cada variedad de uva Moscatel de Alejandría, se pesaron al azar 10 g de bayas, las cuales se transfirieron por triplicado a frascos estériles. A cada frasco se adicionaron 90 mL de caldo de dextrosa de papa (PDB; Conda, Madrid, España) y se incubaron a 25 °C durante 24 horas, con el objetivo de

favorecer el crecimiento de la microbiota. Una vez completado el proceso de enriquecimiento, las muestras se sembraron utilizando un asa de siembra estéril, con el fin de obtener colonias aisladas. La siembra se realizó en medios selectivos agar Sabouraud cloranfenicol dextrosa (SCD) y agar diclorán rosa de Bengala cloranfenicol (DRBC) (Laboratorio Liofilchem, Italia), incubados a 25 °C durante 72 horas. Las colonias desarrolladas se evaluaron morfológicamente y, con base en sus características fenotípicas (color, borde, elevación), se seleccionaron aleatoriamente 35 colonias representativas. Estas fueron aisladas nuevamente en placas frescas de SCD y reincubadas bajo las mismas condiciones para su purificación. Posteriormente, una colonia individual de cada aislado fue inoculada en tubos estériles de 25 mL con PDB líquido, y se incubó a 25 °C con agitación a 150 revoluciones por minuto (rpm) durante 96 horas. Al término de este periodo, se recolectaron 10 mL de cultivo líquido por aislado, los cuales fueron congelados a –20 °C durante 24 horas para inducir lisis celular por choque térmico, facilitando así la posterior extracción de ADN genómico

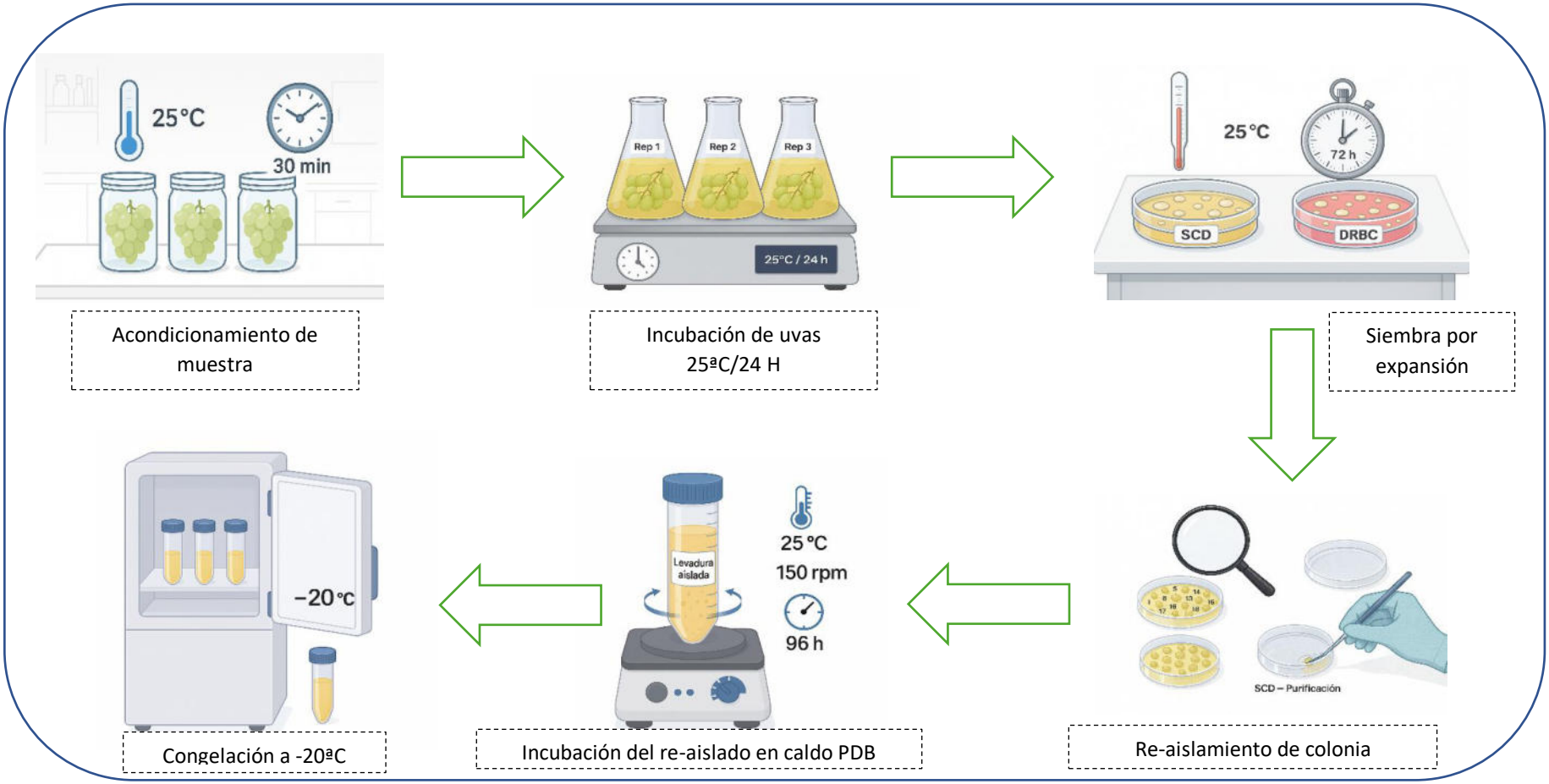


Figura 2. Procedimiento de aislamiento, purificación y preservación de levaduras autóctonas de uvas Moscatel de Alejandría recolectadas a diferentes altitudes en la región de Moquegua.

c). Extracción de ADN de aislados de levaduras

A partir de aislamientos de levaduras obtenidos de uvas *Moscatel de Alejandría* (Italia) recolectadas según **Tabla 2**, se seleccionaron 35 aislados para la extracción de ADN genómico. El procedimiento se llevó a cabo utilizando el kit comercial de extracción de ADN (N° 78870, Thermo Scientific, Hanover Park, IL, EE. UU.) siguiendo las directrices del fabricante, con ligeras modificaciones para optimizar la recuperación en levaduras vínicas.

Las células, cultivadas previamente en 10 mL de caldo de dextrosa de patata (Laboratorio Conda, Madrid, España), fueron centrifugadas a 5000× g durante 5 min a temperatura ambiente. El pellet resultante (~70 mg) se resuspendió en 560 µL del reactivo de extracción de proteínas específico para levaduras y se incubó a 65 °C por 10 min. Posteriormente, se centrifugó a 13 000× g durante 5 min, se descartó el sobrenadante y se adicionaron 400 µL de reactivos liberadores de ADN (A y B), con homogeneización y nueva incubación a 65 °C por 10 min. La eliminación de proteínas se efectuó con 200 µL de reactivo específico, seguida de centrifugación a 13 000× g durante 5 min. El sobrenadante obtenido se transfirió a tubos estériles de 1,5 mL, induciendo la precipitación del ADN con 600 µL de isopropanol y centrifugación a 13 000× g por 10 min. El pellet se lavó con 1,5 mL de etanol al 70 % (v/v) y se centrifugó a 13 000× g durante 1 min. Tras un secado rápido en centrífuga de vacío (Speed Vac–SPD 111V, Savant Instruments, Thermo Scientific, Midland, MI, EE. UU.), el ADN se resuspendió en 50 µL de agua grado molecular (PanReac Química SLU, Barcelona, España) mediante agitación por 5 min. La concentración y pureza se evaluaron espectrofotométricamente (Cytation C10, DE, EE. UU.) a 260 nm y mediante la relación A260/A280. Las muestras se almacenaron a –20 °C hasta su análisis posterior.

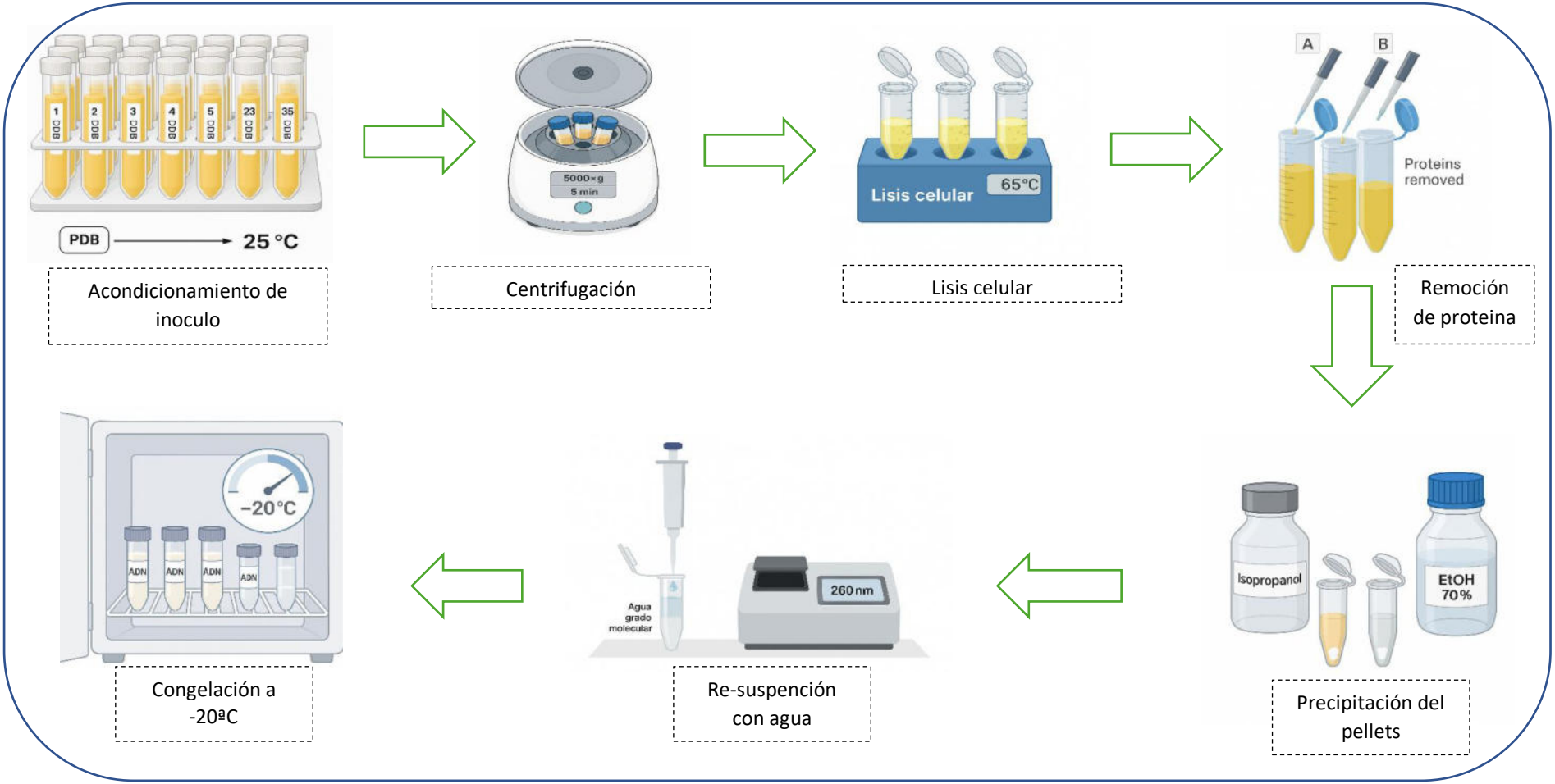


Figura 3. Esquema del procedimiento de extracción y purificación de ADN genómico a partir de levaduras autóctonas aisladas de uvas Moscatel de Alejandría.

3.5.2. **Objetivo específico 2:** Caracterización morfológica y molecularmente las levaduras aisladas mediante microscopía óptica, qPCR y secuenciamiento de regiones génicas específicas.

a). Amplificación y secuenciación de ADN

La región ITS (espaciador interno transcrito) del ADN ribosomal se amplificó por PCR empleando los cebadores:

ITS1-F (5′-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3′) e ITS4-B (5′-TCCTCCGTCTATTGATATGC-3′), específicos para hongos y basidiomicetos (Gardes et al., 1993). Las condiciones de amplificación consistieron en una desnaturalización inicial a 96 °C durante 150 s, seguida de 40 ciclos de 60 °C por 1 min y 72 °C por 2 min, con extensión final a 72 °C por 1 min. Las reacciones se prepararon por duplicado en un volumen final de 20 µL con PerfeCTa SYBR Green FastMix Low ROX 2× (Quanta Biosciences, Cat. No. 95074-012), ajustando la concentración de cada cebador a 0,5 µM. Los amplicones se purificaron con el kit ExoCleanUp (VWE-Life Science, Flandes, Bélgica), cuantificándose nuevamente por Nanodrop.

La secuenciación se llevó a cabo utilizando 100–150 ng de ADN (500–1000 pb) y los mismos cebadores (5 pmol) con el kit BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing (Applied Biosystems, Waltham, MA, EE. UU.) en un analizador 3730xl (Applied Biosystems). Previo a la lectura, los productos se purificaron para eliminar ddNTPs (dideoxinucleótidos trifosfato) y cebadores libres mediante placas Optima DTR (eliminación de terminadores marcados con colorante) de 96 pocillos (EdgeBio, San José, CA, EE. UU.). La identificación taxonómica se realizó con la herramienta BLAST (NCBI, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/), considerando coincidencias iguales o superiores al 97 % como asignaciones correctas (Figura 4).

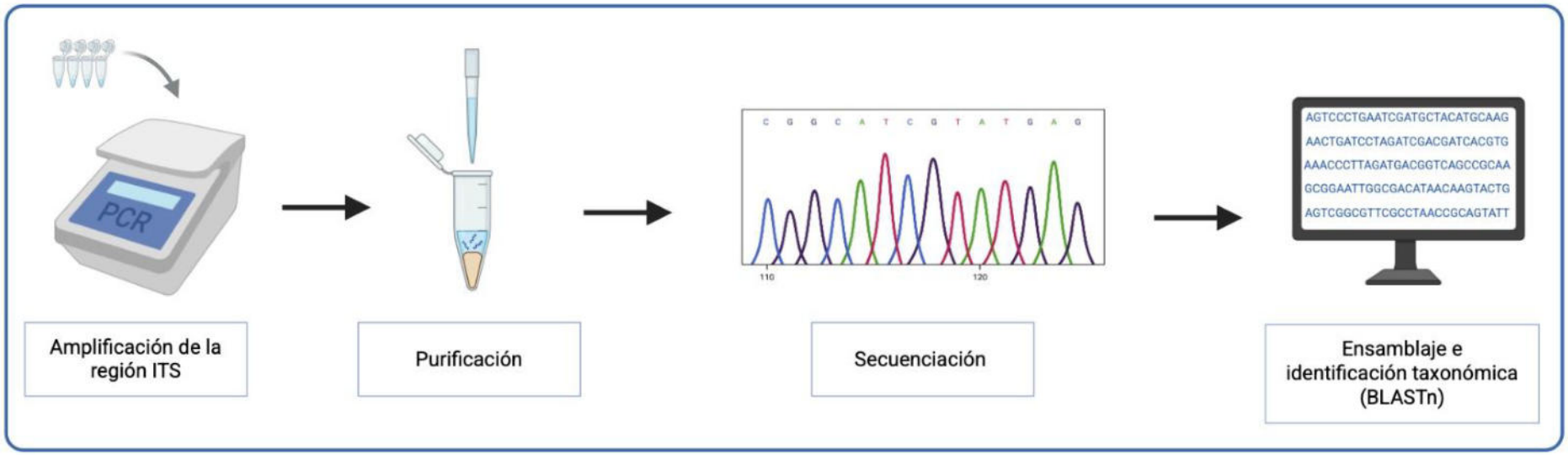


Figura 4. Procedimiento experimental para la amplificación ITS, purificación, secuenciación y análisis taxonómico mediante BLASTn.

3.5.3. **Objetivo específico 3:** Evaluar la cinética fermentativa de cada cepa aislada mediante microfermentaciones controladas en mosto sintético, con el fin de seleccionar aquellas levaduras autóctonas con mayor potencial enológico.

a) Medio y preparación del inóculo

Para el desarrollo experimental se determinó según lo informado por Nova (Novo et al., 2014) con algunas modificaciones. Las levaduras fueron inicialmente propagadas en medio YPD (extracto de levadura, peptona, dextrosa) estéril como etapa de pre-cultivo, con el objetivo de asegurar un crecimiento activo y uniforme. El pre-cultivo se llevó a cabo en volúmenes de 15 mL de YPD, incubados a 28 °C, durante 72 h, hasta alcanzar la fase exponencial de crecimiento. Para la estandarización del inóculo, las células fueron recuperadas por centrifugación, lavadas con agua salina (0.9%), y ajustadas a una densidad celular aproximada de 1×10^{6} UFC/mL, determinada mediante recuento de colonias.

b) Ensayos de modelado del crecimiento de levaduras autóctonas

El crecimiento de las cepas de levadura se evaluó mediante microfermentaciones en placas de 96 pocillos de fondo plano y transparentes, utilizando el lector multimodal Cytation C10 (Agilent BioTek). Cada pozo contenía un volumen final de 220 µL, compuesto por 200 µL de caldo YPD (extracto de levadura, peptona, dextrosa) estéril y 20 µL de inóculo (~10% v/v). Para garantizar la reproducibilidad, cada cepa se analizó en dos réplicas técnicas, incluyéndose como controles medios sin células (blancos) y una cepa enológica de referencia (Novo et al., 2014).

Las placas fueron incubadas a 30 °C, bajo agitación orbital continua configurada en modo *orbital slow/continuous*, y se registró la densidad óptica a 600 nm (OD600) cada 15 minutos durante aproximadamente 50 horas, hasta alcanzar la fase estacionaria. Este diseño permitió obtener un total de 11 curvas de crecimiento independientes, lo que proporcionó una caracterización cinética robusta del comportamiento fermentativo de las levaduras. El uso del Cytation C10, que integra incubación, agitación y

lectura automatizada, ofreció un entorno controlado y reproducible para la evaluación del desempeño de cada cepa en condiciones estandarizadas.

Los parámetros cinéticos del crecimiento microbiano se obtuvieron a partir de cada curva generada, ajustando los valores de densidad óptica (OD600) en función del tiempo al modelo matemático de Gompertz modificado. Este enfoque permite describir de manera precisa la dinámica de proliferación celular y, al mismo tiempo, estimar indicadores clave como la fase de adaptación, la tasa máxima de crecimiento y la capacidad de crecimiento alcanzada por cada cepa. El empleo del modelo Gompertz en microbiología enológica constituye una estrategia robusta y ampliamente validada, ya que ofrece una representación fiel de la evolución sigmoidal de las curvas de crecimiento y facilita la comparación entre diferentes levaduras en condiciones controladas (Zwietering et al., 1990), que tiene la siguiente expresión:

$$y = a \cdot exp[-exp(-k(x - xc))]$$

a = Nivel máximo de creciemiento (Amplitud de la curva)
k = Tasa especifica de crecimiento
xc = Tiempo de Inflexión o tiempo en el que la velocidad de crecimiento es máxima.
X = Tiempo (en horas, según el experimento).
Y = Nivel de crecimiento microbiano (densidad óptica)
Los valores de densidad óptica en función del tiempo se procesaron mediante un ajuste de regresión no lineal, optimizando los parámetros del modelo a través de la minimización de la suma de los residuos cuadrados entre los datos experimentales y los valores predichos. Este procedimiento de optimización, permitió ajustar de manera precisa las curvas de crecimiento a la ecuación seleccionada. El análisis de las curvas de crecimiento se realizó mediante ajuste no lineal utilizando el software OriginPro 2025b (OriginLab Corporation, Northampton, MA, EE. UU.), empleando el modelo de Gompertz modificado. El procedimiento permitió determinar los valores de A (amplitud máxima), k (tasa específica de crecimiento) y xc (tiempo de inflexión), la validez del modelo de Gompertz

modificado se comprobó mediante su ajuste a los datos experimentales de OD_{600}, obteniéndose coeficientes de determinación del error cuadratico medio (R^2) superiores a 0.97, lo que confirma que la ecuación describe adecuadamente la cinética de crecimiento de las levaduras en las condiciones ensayadas. Registro de imágenes mediante microscopía confocal en el Cytation C10. La morfología celular de las levaduras se evaluó mediante microscopía confocal integrada en el Cytation C10 (Agilent BioTek). Las imágenes se capturaron en microplacas de 96 pozos transparentes, utilizando objetivo 60x. El sistema fue controlado por el software Gen5, que permitió la adquisición de imágenes de alta resolución bajo condiciones estandarizadas de temperatura y enfoque automatizado (Figura 5).

3.6. **Análisis de datos**

Para el Objetivo específico 1: Las secuencias del gen ITS (espaciador interno transcrito) se procesaron mediante la herramienta BLASTn (NCBI), utilizando un criterio de identidad ≥ 97 % como umbral para la identificación de las levaduras aisladas. Este análisis permitió validar la identificación molecular de las especies obtenidas.

Para el Objetivo específico 2**:** La estructura de la comunidad microbiana se evaluó mediante un Análisis Factorial de Correspondencias (AFC) en XLSTAT 2024 (Addinsoft, Francia), empleando una matriz de frecuencias absolutas de aislamientos, en la que se relacionaron las especies de levaduras identificadas con las zonas altitudinales de muestreo. Este enfoque multivariante permitió interpretar la diferenciación ecológica y la distribución microbiana a lo largo del gradiente altitudinal, integrando la información morfológica y molecular obtenida para cada aislamiento.

Para el Objetivo específico 3: Las curvas de crecimiento generadas en caldo YPD fueron ajustadas al modelo de Gompertz modificado, con el propósito de estimar los parámetros cinéticos de crecimiento (a, k, xc). Los altos coeficientes de determinación ($R^2 > 0.97$) y los bajos residuos del ajuste confirmaron la adecuación del modelo y la reproducibilidad experimental, validando la consistencia biológica de las cepas evaluadas.

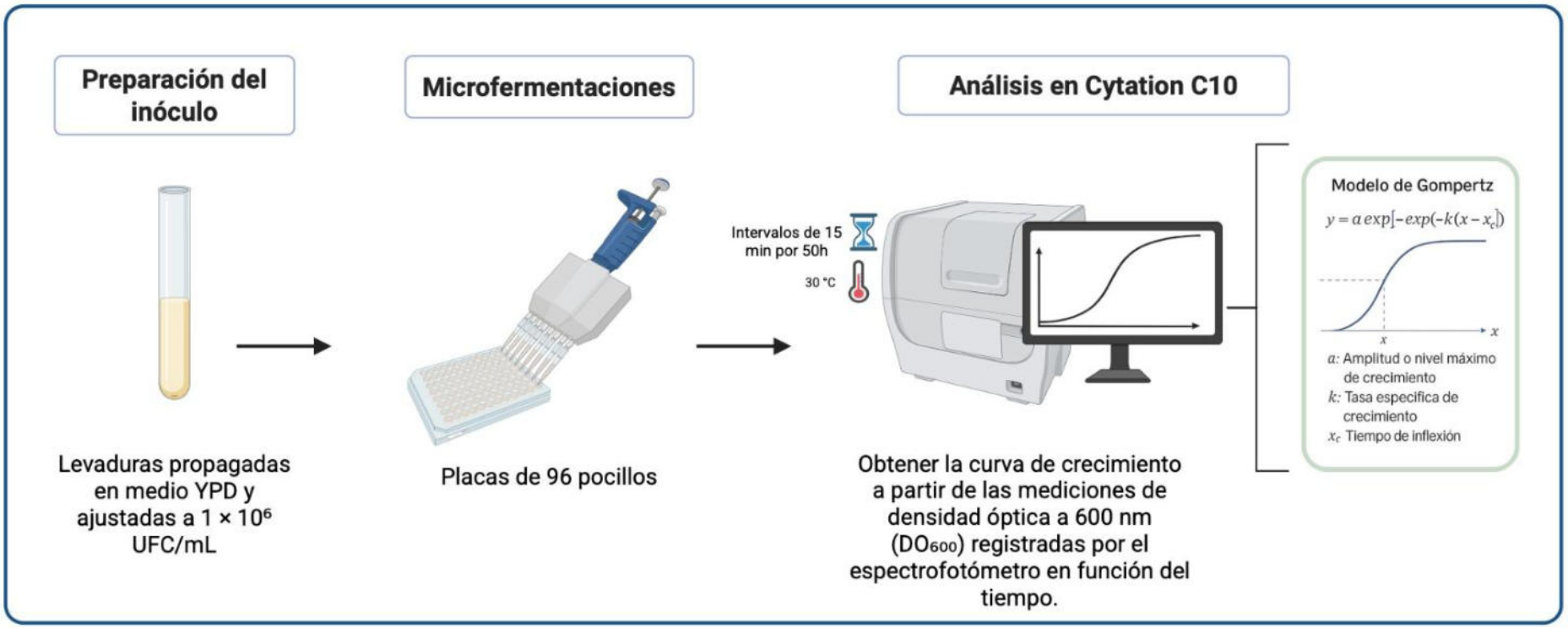


Figura 5. Esquema del proceso de microfermentación y modelamiento de curvas de crecimiento con el modelo de Gompertz..

IV. Resultados y discusión

4.1. Aislamiento e identificación molecular de cepas de levaduras de la superficie del hollejo de Moscatel de Alejandría (Italia)

En las muestras de uvas Moscatel de Alejandría recolectadas en las diferentes altitudes se obtuvieron aislamientos viables de levaduras que mostraron una clara diferenciación en sus características morfológicas. Se identificaron colonias con variaciones definidas en coloración, textura y morfología, reflejando la diversidad microbiana presente en la superficie del hollejo. El análisis molecular posterior permitió confirmar la identidad taxonómica de los aislamientos y precisó la composición específica de las comunidades de levaduras asociadas a cada altitud.

El análisis molecular permitió identificar una diversidad notable de levaduras no *Saccharomyces* aisladas de uva Moscatel de Alejandría, se evidencio la presencia predominante de los géneros *Hanseniaspora*, *Naganishia*, *Aureobasidium*, *Cladosporium*, *Filobasidium* y *Rhodotorula.*. El procedimiento de secuenciación de las regiones ITS aseguró la obtención de identificaciones con valores de identidad superiores al 97%, lo cual respalda la precisión de los resultados obtenidos (Figura 6 y Tabla 3). La diversidad de las especies y géneros se encontró tanto en muestras tomadas a diferentes altitudes como en diversos microhábitats vitícolas.

Entre las especies identificadas, *Hanseniaspora uvarum* y *Hanseniaspora opuntiae* resultaron las más frecuentes, seguidas por especies como *Naganishia albida*, *Aureobasidium pullulans*, *Cladosporium cladosporioides*, *Filobasidium magnum* y *Rhodotorula babjevae*.

La cuantificación y pureza del ADN extraído fue suficiente para todos los casos, logrando la amplificación de productos específicos imprescindibles para el análisis de secuenciación sanger. La Tabla 3 y Figura 6 muestran que la ocurrencia de los diferentes géneros varía significativamente según el punto de muestreo, lo que sugiere una influencia de las condiciones edafoclimáticas y de manejo vitícola sobre la composición microbiana de la uva Moscatel de Alejandría

En este sentido, a partir del aislamiento microbiológico de uvas *Moscatel de Alejandría* recolectadas en tres localidades (5 fundos) representativas de la denominación de origen Pisco en Moquegua (80, 920, 1210, 1450 y 1800 m s. n. m.), se obtuvieron 35 aislamientos correspondientes a 12 géneros de levaduras y hongos filamentosos. Los recuentos por altitud mostraron diferencias marcadas: 80 msnm (n = 12), 920 msnm (n = 5), 1210 msnm m (n = 2), 1450 msnm (n = 5) y 1800 msnm (n = 11).

En la franja costera (80 m.s.n.m), la comunidad microbiana estuvo claramente dominada por *Hanseniaspora uvarum* (50 % de los aislamientos), seguida por *H. opuntiae* (41,6 %) y un aislamiento minoritario de *Cladosporium cladosporioides*. Esta dominancia se refleja de manera consistente en el análisis factorial de correspondencias (Figura 6), donde el punto correspondiente a I_80 se agrupa estrechamente con *H. uvarum* y *H. opuntiae*, indicando una fuerte asociación entre estas especies y las condiciones ambientales propias de la zona costera. La proximidad de estas levaduras fermentativas en el espacio multivariante sugiere una comunidad funcionalmente orientada a etapas tempranas de fermentación, caracterizadas por alta actividad glicolítica y rápida colonización del mosto (Thivijan et al., 2024) . Este patrón es coherente con climas cálidos, elevada radiación solar y mayor disponibilidad de azúcares simples en la superficie del hollejo, factores que favorecen la proliferación de levaduras apiculadas del género *Hanseniaspora (Gilbert et al., 2014)*.

A 920 m.s.n.m de altitud, la comunidad estuvo completamente dominada por *H. uvarum* (100% de los aislamientos). Esta dinámica podría estar relacionada con condiciones edafoclimáticas específicas que favorecen la colonización masiva por una única especie, reduciendo la competencia entre especies.

En la zona intermedia-baja (1210 m.s.n.m), se detectaron solo dos aislamientos, ambos de *Naganishia albida*, una levadura basidiomiceta de baja capacidad fermentativa pero con potencial impacto sensorial indirecto, dada su producción de enzimas extracelulares que pueden liberar precursores aromáticos.

La altitud de 1450 m.s.n.m presentó la mayor heterogeneidad relativa (4 especies en 5 aislamientos), incluyendo *Rhodotorula babjevae* (40%), *Papiliotrema flavescens*, *Naganishia albida* y *H. uvarum*.

En la zona altoandina (1800 m), la comunidad estuvo dominada por *Naganishia albida* (54,5%), seguida por *Cladosporium* spp., *Alternaria* spp., *Papiliotrema flavescens* y *H. uvarum*. Esta composición refleja la coexistencia de levaduras no fermentativas con hongos filamentosos ambientales, probablemente influenciada por microclimas fríos, mayor radiación UV y variaciones en humedad relativa.

A nivel general, *H. uvarum* fue la cepa más frecuente (31,4% del total de aislamientos), seguido de *Naganishia albida* (20,0%) y *H. opuntiae* (17,1%).

La tendencia observada indica que las zonas de baja altitud (80 m.s.n.m., franja costera de Ilo) favorecen la dominancia de *Hanseniaspora*, un género típicamente asociado a las fases iniciales de la fermentación y a la producción de aromas frutales y florales. En contraste, las zonas de mayor altitud (1450–1800 m.s.n.m.) presentan una mayor proporción de levaduras basidiomicetas y hongos ambientales, cuya relevancia enológica, aunque indirecta, puede ser significativa debido a su actividad enzimática y a su capacidad para modular la composición y dinámica de la microbiota fermentativa.

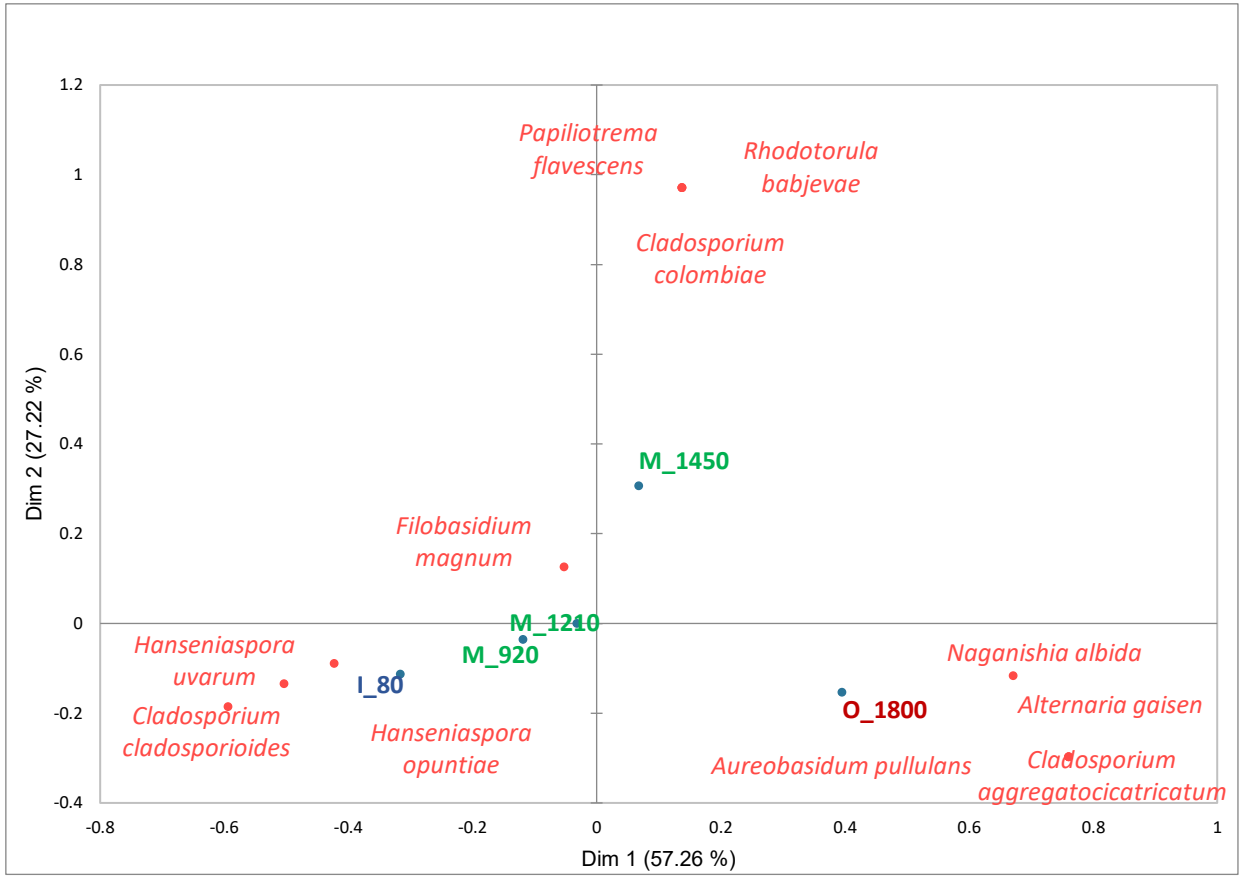


Figura 6. Distribución de levaduras no-Saccharomyces aisladas de la superficie de uvas Moscatel de Alejandría en diferentes altitudes, según el análisis factorial de correspondencias (AFC). Ilo (I_80 msnm); Moquegua (M_920 msnm, M_1210 msnm, M_1450 msnm); Omate

El análisis factorial de correspondencias (AFC) explica el 84.48 % de la variabilidad total en los dos primeros ejes (F1 = 57.26 % y F2 = 27.22 %), lo que confirma la solidez del modelo para representar las asociaciones entre especies de levaduras y altitudes de muestreo. Los géneros *Hanseniaspora, Filobasidium, Cladosporium y Rhodotorula*, entre otros, se distribuyeron diferencialmente en función de la altitud y presentaron patrones específicos de agrupación microbiana. Tal fenómeno concuerda con investigaciones previas que demuestran que la altitud condiciona la diversidad y prevalencia de especies microbianas en viñedos, lo que repercute directamente en el desarrollo fermentativo y en el perfil aromático de los vinos (Alessandrini et al., 2017; Rodriguez Vuelta, 2020).

El aumento de la altitud favorece la presencia de ciertas levaduras adaptadas a condiciones ambientales más extremas, incrementando la amplitud térmica y promoviendo compuestos volátiles y aromas más intensos y elegantes en los vinos resultantes. En estudios realizados en distintas regiones vitivinícolas se ha comprobado que la zona más alta presenta mayor concentración de terpenos y aldehídos, contribuyendo a la preferencia sensorial por estos vinos (Deis et al., 2024b)

Asimismo, la caracterización molecular y enológica de las levaduras aisladas en este trabajo evidencia la importancia de emplear cepas autóctonas en procesos de vinificación, ya que aportan perfiles fermentativos únicos y potencian la expresión del terroir (Mezzasalma et al., 2017). Esta selección permite intervenciones enológicas dirigidas a consolidar la identidad y diferenciación de los vinos regionales, siguiendo las tendencias actuales de valorización y conservación de la biodiversidad microbiana en la viticultura de precisión (Napa-Almeyda et al., 2023).

Estos hallazgos respaldan la hipótesis de que la altitud y el terruño ejercen un efecto selectivo sobre la microbiota fúngica presente en la uva, condicionando la composición inicial del mosto y, por ende, el desarrollo fermentativo. En particular, la asociación de *Aureobasidum pullulans* con fundos de mayor altitud resulta consistente con estudios previos que destacan su capacidad para liberar enzimas extracelulares como la β-

glucosidasa, las cuales participan en la hidrólisis de compuestos glicosilados y la liberación de precursores aromáticos. Esta actividad enzimática le confiere un papel relevante en la modificación del perfil volátil y en la adaptación a condiciones ambientales adversas, al contribuir a la degradación de sustratos complejos (Ciani & Comitini, 2015; Napa-Almeyda et al., 2023).

La diferenciación espacial (Figura 1) muestra que las levaduras autóctonas podrían emplearse tanto como iniciadores de fermentación como indicadores biológicos del terruño, aportando identidad regional. No obstante, su interpretación debe considerar la variabilidad interanual y factores como las prácticas vitícolas y la microbiota acompañante (Fleet, 2003).

Desde una perspectiva enológica, la diferenciación microbiana observada entre zonas altitudinales sugiere impactos funcionales específicos sobre la calidad del vino. En altitudes bajas, la asociación dominante con *Hanseniaspora* se vincula a mostos con fermentaciones iniciales más rápidas y perfiles aromáticos intensamente frutales y florales, característicos de vinos jóvenes y expresivos (Barata et al., 2012). En altitudes intermedias, la coexistencia de levaduras fermentativas y basidiomicetas (*Filobasidium*, *Rhodotorula*) apunta a una mayor complejidad metabólica, potencialmente asociada a vinos con mayor diversidad aromática y estructura sensorial (C. Wang et al., 2019b). En contraste, las zonas de mayor altitud, dominadas por especies como *Aureobasidium pullulans* y *Naganishia albida*, se asocian a una microbiota con alta actividad enzimática extracelular, capaz de modular la liberación de precursores aromáticos y favorecer vinos de mayor fineza, complejidad y tipicidad, reforzando el vínculo entre altitud, microbiota autóctona y calidad sensorial (Gao et al., 2019a).

4.2. Caracterización molecular de las levaduras aisladas mediante microscopía óptica, qPCR y secuenciamiento de regiones génicas específicas.

Ilo:

Las micrografías confocales correspondientes a la zona de 80 msnm (Ilo) revelan una notable diversidad morfológica entre los aislados fúngicos y levaduriformes observados (Figura 7). Las especies identificadas incluyen *Cladosporium cladosporioides* (A), *Hanseniaspora opuntiae* (B) y *Hanseniaspora uvarum* (C), cada una con características estructurales distintivas que reflejan su adaptación ecológica al entorno costero de baja altitud. En la figura 7A, *C. cladosporioides* muestra una morfología filamentosa típica, con hifas septadas y conidióforos ramificados, compatibles con su papel como hongo ambiental ubicuo. Este taxón, aunque no fermentativo, es reconocido por su participación en la microbiota superficial de la uva, donde actúa como competidor microbiano y puede influir indirectamente en la ecología fermentativa del mosto (Ruiz-Moyano et al., 2016).

Por otro lado, *H. opuntiae* (Figura 7B) muestra una morfología ovalada y gemante, con células agrupadas y evidencia de actividad metabólica activa. Su estructura es consistente con levaduras de alta capacidad fermentativa temprana, capaces de metabolizar azúcares simples bajo condiciones microaeróbicas. Esta especie ha sido descrita como una de las principales levaduras no-*Saccharomyces* involucradas en la fermentación espontánea de mostos, contribuyendo significativamente a la producción de ésteres frutales y alcoholes superiores que realzan el perfil sensorial de vinos aromáticos (Ruiz-Moyano et al., 2016; Thivijan et al., 2024). Asimismo, *H. uvarum* (Figura 7C) presentó células elípticas más pequeñas, dispuestas en agregados irregulares, lo que sugiere una dinámica de crecimiento asociada a alta actividad glicolítica en fases iniciales. Diversos estudios han reportado su papel relevante en la biotransformación de compuestos volátiles y su capacidad para producir β-glucosidasas y pectinasas, favoreciendo la liberación de terpenos libres y aromas florales (Ruiz-Moyano et al., 2016; J. Wang et al., 2024).

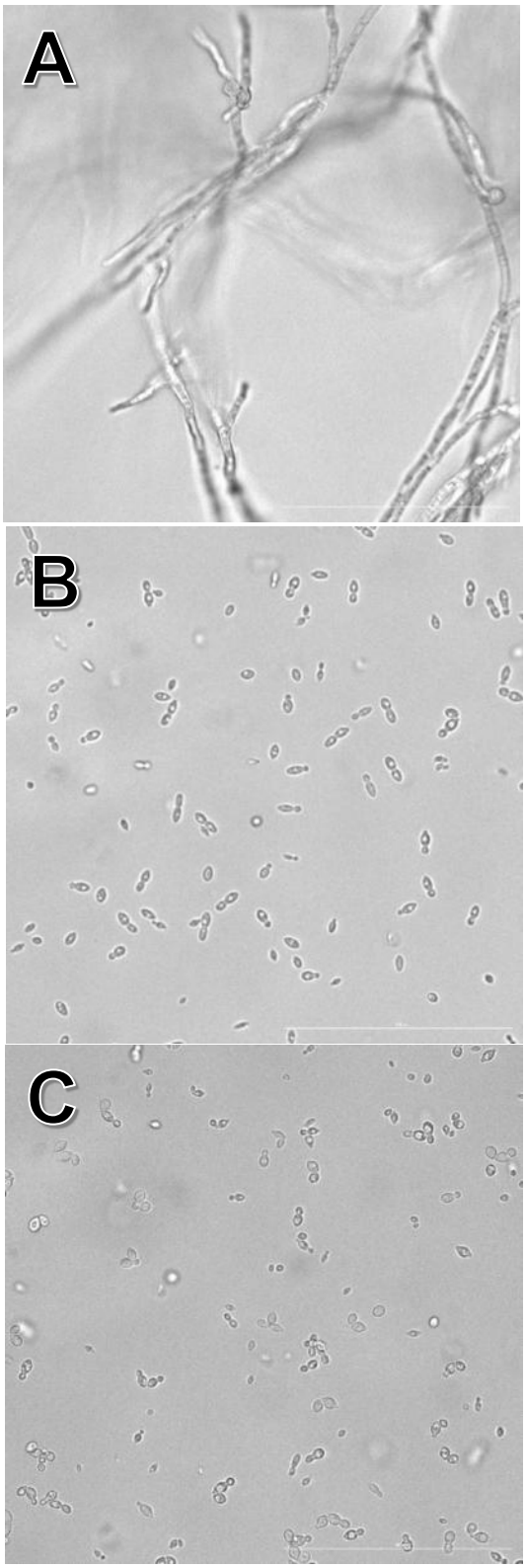


Figura 7. Morfología de hongos y levaduras Ilo (I_80 msnm), observada mediante microscopía confocal, 60X (A)Cladosporium cladosporioides, (B) Hanseniaspora opuntiae, (C) Hanseniaspora uvarum. La barra de escala corresponde a 100 µm

Moquegua:

Las levaduras aisladas de uvas *Moscatel de Alejandría* recolectadas entre 920 y 1450 m s.n.m. mostraron una notable diversidad morfológica observada mediante microscopía confocal a 60X (**Figura 8**). Las especies del género *Hanseniaspora* (*H. uvarum* M_920 y *H. opuntiae* M_1210) presentaron células ovoides a elipsoidales, con disposición en cadenas cortas y presencia de gemación apical característica, rasgos típicos de levaduras fermentativas de ambientes vitícolas. *Naganishia albida* mostró una morfología levaduriforme encapsulada, mientras que *Rhodotorula babjevae* exhibió pigmentación rojiza atribuible a la producción de carotenoides intracelulares. Por su parte, *Papiliotrema flavescens* y *Cladosporium colombiae* presentaron estructuras hifales y conidios compatibles con hongos basidiomicetos y ascomicetos ambientales, respectivamente. La diversidad morfológica refleja la complejidad ecológica del microbioma de la uva y su influencia en la expresión del terruño en vinos de altura. La altitud media (920–1450 m s.n.m.) parece favorecer una microbiota equilibrada entre levaduras fermentativas, lo que contribuye a una mayor variedad de metabolitos y aromas durante la vinificación (Gonzalez et al., 2021). Las levaduras y hongos aislados de la superficie de uvas *Moscatel de Alejandría* recolectadas a 1800 m s.n.m. (zona Omate) revelaron una comunidad microbiana altamente diversa y adaptada a condiciones de radiación solar intensa y menor humedad relativa. Las observaciones mediante microscopía confocal (60X) permitieron distinguir morfotipos característicos de levaduras y hongos asociados al ecosistema vitícola de altura (**Figura 9**). Entre las especies identificadas se incluyeron *Aureobasidium pullulans*, *Alternaria gaisen*, *Cladosporium aggregatocicatricatum* y *Naganishia albida*. La composición microbiana a 1800 m s.n.m. revela una coexistencia adaptativa entre levaduras fermentativas, oxidativas y hongos saprófitos, característica de ecosistemas vitícolas de altura. Esta interacción refleja una selección natural impulsada por el estrés ambiental, que promueve comunidades metabólicamente diversas y moduladoras del perfil aromático y la tipicidad de los vinos (Barata et al., 2012).

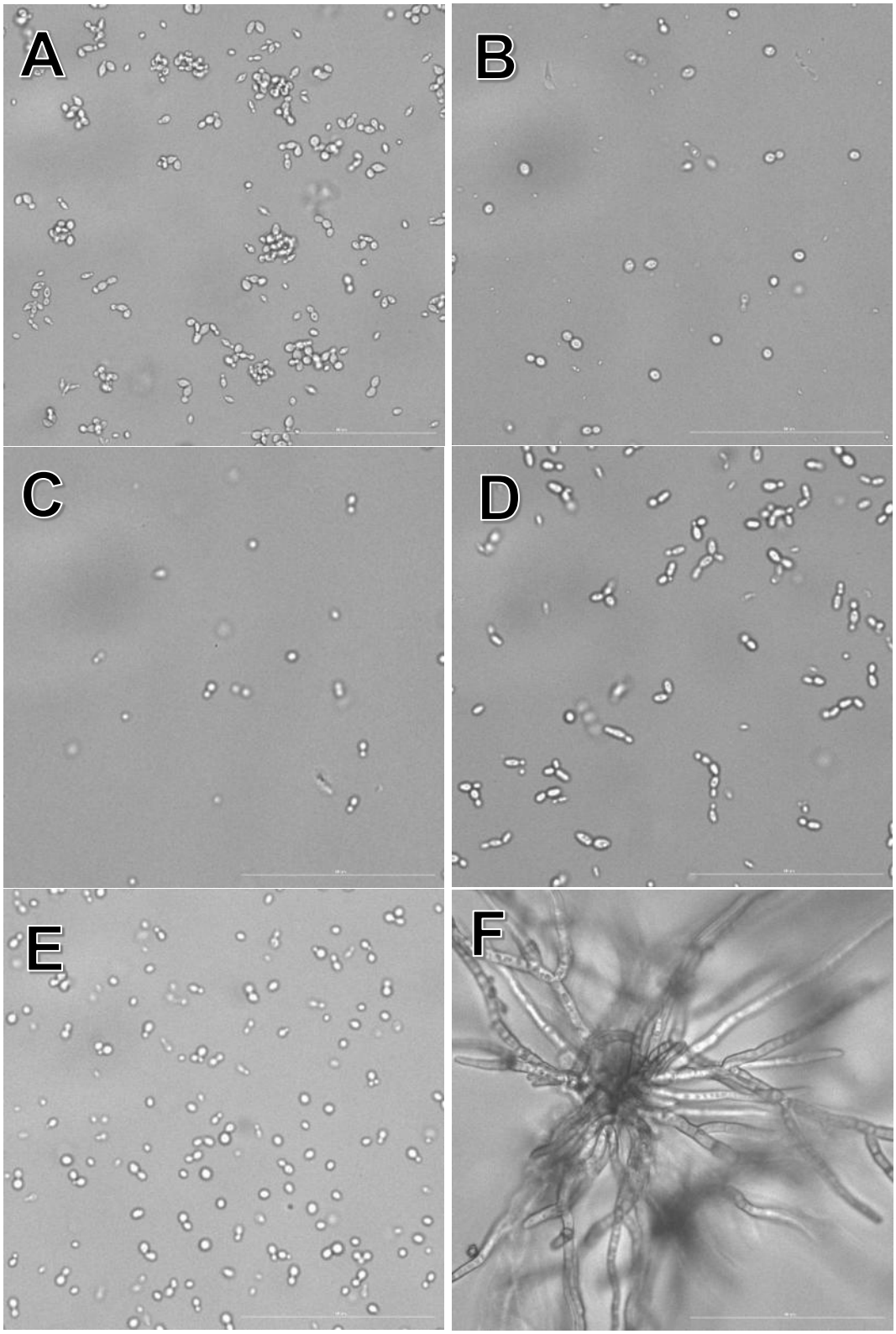


Figura 8. Morfología de hongos y levaduras Moquegua, observada mediante microscopía confocal, 60X, (A) Hanseniaspora uvarum – M_920 msnm, (B) Hanseniaspora opuntiae-M_1210 msnm (C) Naganishia albida, (D) Rhodotorula babjevae, (E) Papiliotrema flavescens, (F) Cla

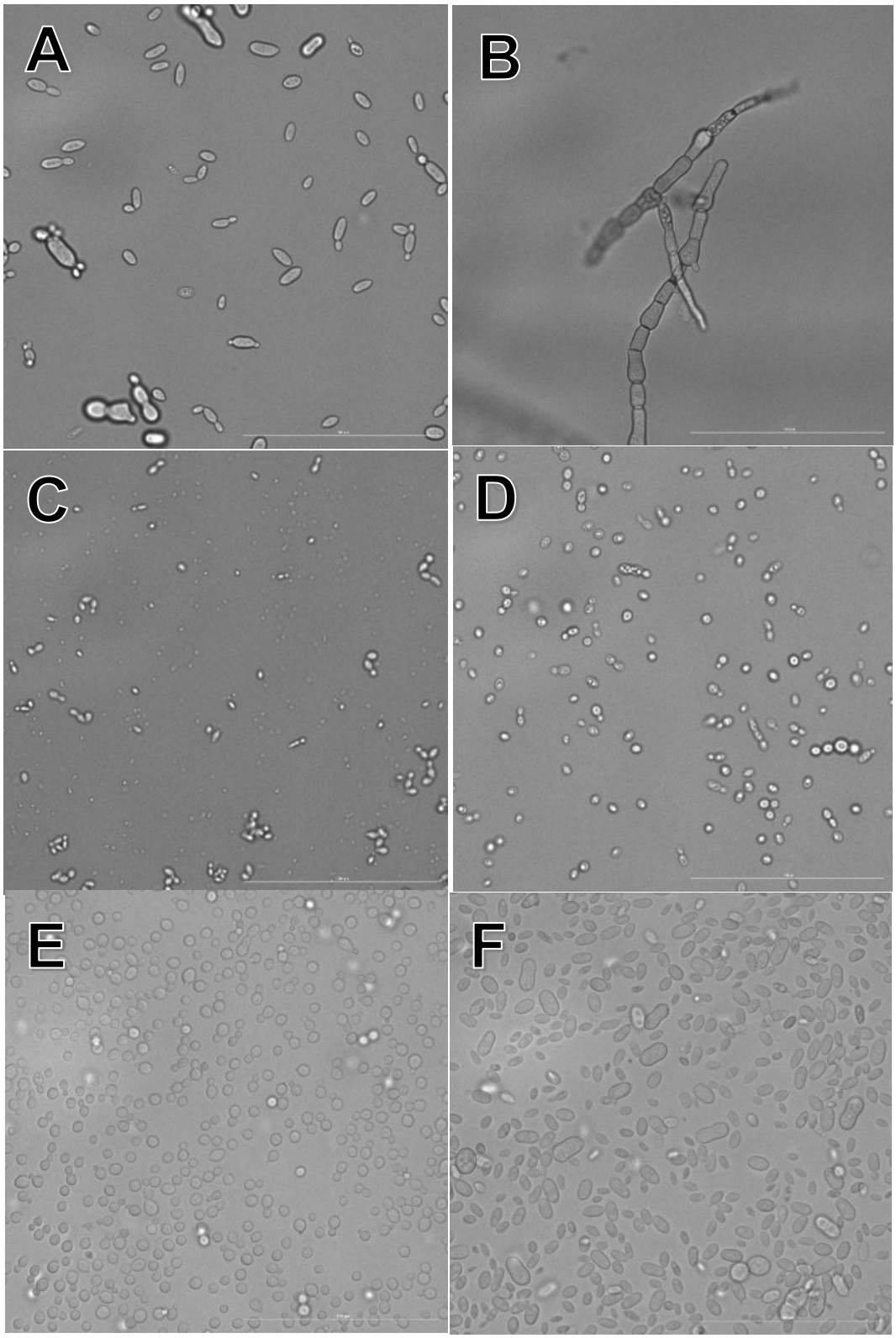


Figura 9. Morfología de hongos y levaduras Omate observada mediante microscopía confocal, 60X (A) Aureobasidum pullulans, (B) Alternaria gaisen, (C) Cladosporium aggregatocicatricatum, (D) Naganishia albida, (E) Filobasidium magnum (F) Aureobasidium pullulans. L

Tabla 3. Identificación molecular de cepas de levaduras no *Saccharomyces* aisladas de uva Moscatel de Alejandría (Italia)

Código	Ubicación	Altitud (m.s.n.m)	Amplificación		Secuenciación				
			DNA concentración (ng/µL)	A_{260}/A_{280}	Levaduras aisladas	Producto Amplificado	E-Value	Identificación (%)	Accesión
01	Ilo	80	561.4	1.8	*Cladosporium cladosporioides*	1013	0.0	99.82	KJ767066.1
02	Ilo	80	1841.8	2.2	*Hanseniaspora opuntiae*	1343	0.0	99.07	MN268780.1
03	Ilo	80	689.2	2.1	*Hanseniaspora opuntiae*	1328	0.0	98.67	MN268780.1
04	Ilo	80	1151.9	2.2	*Hanseniaspora uvarum*	1306	0.0	98.26	KR185333.1
05	Ilo	80	1517.9	2.2	*Hanseniaspora opuntiae*	1323	0.0	98.27	MN268780.1
06	Ilo	80	707.8	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1280	0.0	99.71	KR103560.1
08	Ilo	80	552.4	2.2	*Hanseniaspora uvarum*	1258	0.0	97.28	KR185333.1
09	Ilo	80	310.5	1.8	*Hanseniaspora opuntiae*	1328	0.0	98.55	MN268780.1
11	Ilo	80	1239.2	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1351	0.0	99.20	OR507597.1
12	Ilo	80	2035.1	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1336	0.0	98.67	OR507597.1
13	Ilo	80	772.4	2.2	*Hanseniaspora opuntiae*	1301	0.0	97.75	MN268780.1
14	Ilo	80	1345.2	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1301	0.0	98.12	OR507597.1
29	Moquegua	920	795.6	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1352	0.0	99.20	MK267567.1
30	Moquegua	920	1206.6	2.2	*Hanseniaspora uvarum*	1315	0.0	98.15	KY076617.1
31	Moquegua	920	1127.7	2.2	*Hanseniaspora uvarum*	1336	0.0	98.81	KY076617.1
32	Moquegua	920	897.40	2.2	*Hanseniaspora uvarum*	1330	0.0	98.54	KY076617.1
33	Moquegua	920	790.04	2.1	*Hanseniaspora uvarum*	1315	0.0	98.15	KY076617.1
47	Moquegua	1210	155.00	1.9	*Hanseniaspora opuntiae*	172	0.0	98.95	PQ899720.1
48	Moquegua	1210	366.28	1.7	*Filobasidium magnum*	1166	0.0	98.93	KX015893.1
50	Moquegua	1450	80.56	2.0	*Naganishia albida*	1133	0.0	99.52	AF444340.1
51	Moquegua	1450	357.19	2.1	*Rhodotorula babjevae*	1110	0.0	99.67	OW983582.1
52	Moquegua	1450	106.48	1.9	*Rhodotorula babjevae*	1116	0.0	99.84	OW983582.1
53	Moquegua	1450	179.59	1.9	*Papiliotrema flavescens*	972	0.0	99.81	OL451943.1

54	Moquegua	1450	319.80	2.1	*Cladosporium colombiae*	904	0.0	94.86	MW081393.1
65	Omate	1800	346.09	2.1	*Aureobasidum pullulans*	939	0.0	94.82	JF439462.1
66	Omate	1800	1997.89	1.9	*Naganishia albida*	1110	0.0	98.73	AF444340.1
67	Omate	1800	1500.00	1.9	*Naganishia albida*	1105	0.0	98.57	AF444340.1
68	Omate	1800	178.46	1.8	*Aureobasidium pullulans*	1050	0.0	99.15	JQ235063.1
69	Omate	1800	157.34	1.7	*Cladosporium aggregatocicatricatum*	1005	0.0	99.46	PV366663.1
70	Omate	1800	585.21	2.1	*Naganishia albida*	1147	0.0	100.00	AF444340.1
72	Omate	1800	423.89	1.7	*Alternaria gaisen*	1024	0.0	98.96	MZ779220.1
73	Omate	1800	856.14	1.8	*Naganishia albida*	1101	0.0	98.42	AF444340.1
74	Omate	1800	370.65	2.1	*Aureobasidum pullulans*	1068	0.0	99.83	JF439462.1
75	Omate	1800	550	1.8	*Naganishia albida*	1133	0.0	99.52	AF444340.1
76	Omate	1800	1346.99	1.9	*Naganishia albida*	1123	0.0	99.20	AF444340.1

La composición microbiana asociada a la superficie de uvas *Moscatel de Alejandría* en Moquegua mostró un patrón altitudinal marcado, lo que confirma que factores edafoclimáticos y microambientales modulan la estructura y diversidad de las comunidades fúngicas en viñedos (Barata et al., 2012; Mezzasalma et al., 2017). En zonas de baja altitud (80 y 920 m s. n. m.), la dominancia de *Hanseniaspora uvarum* y *H. opuntiae* sugiere un ecosistema epifítico caracterizado por levaduras fermentativas típicas de la fase inicial de vinificación, conocidas por su contribución a la producción de ésteres frutales, alcoholes superiores y compuestos acetatos de relevancia aromática (Englezos et al., 2022; Lleixà et al., 2016). Estos hallazgos son consistentes con reportes que vinculan temperaturas más elevadas y mayor exposición solar con un incremento en la abundancia relativa de *Hanseniaspora* (Setati et al., 2012), posiblemente debido a su alta capacidad de colonización y crecimiento rápido sobre la pruina de la baya.

Omate

En contraste, las altitudes medias-altas (1450 y 1800 m s. n. m.) presentaron comunidades más heterogéneas, con participación de levaduras basidiomicetas como *Naganishia albida* y *Papiliotrema flavescens*, así como levaduras pigmentadas como *Rhodotorula babjevae* y hongos filamentosos (*Cladosporium* spp., *Alternaria* spp.). Estas especies, aunque no fermentativas en sentido estricto, pueden ejercer un impacto indirecto en la calidad del vino mediante la producción de enzimas extracelulares (β-glucosidasas, esterasa, pectinasa) capaces de liberar compuestos aromáticos glicosilados o modular la extracción de metabolitos fenólicos durante la fermentación (Belda et al., 2017; Fleet, 2003). Además, su presencia ha sido asociada a ambientes más fríos y con mayor radiación UV, condiciones que favorecen organismos con estructuras de resistencia y pigmentos fotoprotectores (Vadkertiová et al., 2012).

La identificación de *Rhodotorula babjevae* en los racimos de Moscatel amplía el conocimiento sobre la ecología microbiana vitícola, en altitudes medias es particularmente relevante. *Rhodotorula* se caracteriza por la síntesis de pigmentos carotenoides y su capacidad de crecimiento en

ambientes diversos (Carrau, 2005). Aunque su rol en la fermentación vínica es limitado, puede influir en el color y ciertos parámetros físico-químicos del mosto, además de competir con hongos fitopatógenos en etapas tempranas de maduración del fruto. Su perfil biotecnológico aún no ha sido plenamente integrado en enología, pero investigaciones recientes apuntan a su aplicación potencial como biocontrolador (Carrau, 2005). De manera similar, *Naganishia albida* pese a ser reconocida principalmente como una levadura ambiental, también ha sido reportada en uvas y mostos. *Naganishia albida* anteriormente llamada *Cryptococcus albidus (Barragán-Castillo et al., 2020).* Cabe mencionar, que es una cepa aislada con menor crecimiento en los carbohidratos evaluados, mostrando una capacidad limitada para asimilar azúcares fermentables. Este bajo desempeño restringe su potencial como levadura fermentativa primaria en mosto. Sin embargo, su interés biotecnológico podría radicar en la producción de metabolitos enzimáticos o en interacciones positivas dentro de fermentaciones mixtas (Iturritxa et al., 2023).

Los géneros *Cladosporium* y *Alternaria* son hongos frecuentes en ambientes de altitud, donde muestran alta tolerancia a condiciones extremas como radiación UV, bajas temperaturas y limitación de nutrientes. Su abundancia en superficies vegetales sugiere un rol adaptativo como endófitos o saprótrofos resistentes, apoyado por mecanismos como la producción de melanina y metabolitos antioxidantes que favorecen su persistencia en zonas montañosas (Zhang et al., 2025). En un contexto de fermentación espontánea, estas interacciones pueden favorecer o inhibir el desarrollo de levaduras fermentativas, afectando el perfil sensorial final.

El análisis de diversidad evidenció que la riqueza y equidad microbiana no siguen un gradiente lineal con la altitud, sino que presentan máximos en zonas intermedias-altas (1450 m), donde coexistieron especies fermentativas y no fermentativas. Este patrón podría explicarse por el equilibrio entre presión selectiva ambiental y disponibilidad de nichos ecológicos (Gilbert et al., 2014), sugiriendo que ciertas altitudes favorecen comunidades más estables y funcionalmente diversas.

Estos resultados tienen implicancias directas para la gestión enológica diferenciada. En zonas bajas, la dominancia de *Hanseniaspora* puede aprovecharse para vinificaciones que busquen perfiles aromáticos frutales intensos mediante co-inoculación controlada con *Saccharomyces cerevisiae*. En altitudes más altas, el aprovechamiento de levaduras no-*Saccharomyces* con actividad enzimática específica podría potenciar la liberación de compuestos varietales característicos de *Moscatel de Alejandría*, contribuyendo a la diferenciación sensorial y al concepto de "vino de terruño" (Styger et al., 2011).

En conjunto, los hallazgos confirman que la altitud es un factor determinante en la ecología microbiana de la uva y que la composición microbiana epifítica de *Moscatel de Alejandría* en Moquegua presenta un alto potencial biotecnológico y sensorial. La caracterización de estos perfiles permite sentar bases para estrategias de vinificación basadas en microbiota autóctona, reforzando la identidad enológica de la región y contribuyendo a la sostenibilidad de la producción vitivinícola.

4.3. Evaluación de la cinética fermentativa de cepas aisladas en caldo YPD bajo condiciones controladas

El modelado de la cinética de crecimiento microbiano mediante la ecuación de Gompertz modificado permitió describir de manera precisa el comportamiento de levaduras y hongos epifíticos aislados de la uva *Moscatel de Alejandría* en distintos pisos altitudinales de Moquegua (**Tabla 4**). Los altos coeficientes de determinación ($R^2 > 0.97$) confirman la robustez del ajuste y la validez del modelo empleado para representar la dinámica biológica de las especies evaluadas.

Las levaduras fermentativas del género *Hanseniaspora* (**Tabla 4**) destacaron por su rápida adaptación y altas tasas de crecimiento ($K = 0.288–0.367\ h^{-1}$), con amplitudes superiores a 1.5, lo que refleja una elevada capacidad fermentativa inicial y una cinética característica de especies con metabolismo glicolítico activo. Este comportamiento es coherente con su papel en fermentaciones espontáneas, donde

contribuyen significativamente a la formación de ésteres frutales y alcoholes superiores, modulando el aroma primario de los vinos jóvenes (Z. Zhang et al., 2023).

En contraste, las levaduras oxidativas (*Naganishia albida*, *Rhodotorula babjevae* y *Papiliotrema flavescens*) presentaron menores tasas de crecimiento ($K < 0.12\ h^{-1}$) y mayor tiempo de inflexión (XC > 10 h), lo que indica un metabolismo predominantemente respiratorio y una función ecológica centrada en la competencia y la protección microbiana de la superficie de la uva (**Tabla 4**). Estos hallazgos coinciden con estudios que describen el rol de los basidiomicetes en la producción de enzimas oxidativas y pigmentos antioxidantes, factores que pueden contribuir a la estabilidad y al color del vino (Barata et al., 2012; Milanović et al., 2023).

Por otro lado, *Aureobasidium pullulans* y *Filobasidium magnum* (**Tabla 4**) mostraron cinéticas intermedias ($K \approx 0.12–0.18\ h^{-1}$), sugiriendo una función de transición entre la actividad fermentativa y la oxidativa. En particular, *A. pullulans* exhibió un crecimiento sostenido con A = 2.07 y $R^2 = 0.991$, lo que respalda su potencial enológico como fuente de enzimas β-glucosidasas implicadas en la liberación de terpenos varietales (Y. Liu et al., 2025; Sevillano et al., 2025).

Finalmente, los hongos filamentosos (*Cladosporium spp.* y *Alternaria gaisen*) presentaron amplitudes más altas (A > 2.0) pero tasas de crecimiento bajas ($K < 0.08\ h^{-1}$), lo que refleja su naturaleza epifítica y su papel como organismos competidores más que fermentadores (**Tabla 4**). Este patrón ecológico es característico de comunidades fúngicas que participan en la regulación del microbioma superficial de la uva, contribuyendo indirectamente a la bioprotección frente a patógenos (Barata et al., 2012).

En conjunto, los resultados confirman que la diversidad microbiana de la uva *Moscatel de Alejandría* varía según la altitud y refleja un equilibrio funcional entre levaduras fermentativas y especies oxidativas o epifíticas, las cuales actúan como moduladores biotecnológicos del terruño y del potencial aromático del vino.

Tabla 4. Parámetros cinéticos del modelo Gompertz modificado en microorganismos aislados de la uva Moscatel de Alejandría

Especie/Cepa	**Clasificación**	**A (Amplitud)**	**XC (Tiempo de Inflexión, h)**	**K (Tasa de Crecimiento)**	**R^2**
Cladosporium cladosporioides	Hongo filamentoso epifítico	0.937 ± 0.144	48.870 ± 2.115	0.069 ± 0.006	0.977
Hanseniaspora opuntiae	Levadura *no-Saccharomyces*	1.716 ± 0.006	4.841 ± 0.082	0.288 ± 0.008	0.975
Hanseniaspora uvarum	Levadura no-Saccharomyces	1.540 ± 0.004	6.492 ± 0.068	0.290 ± 0.007	0.985
Hanseniaspora uvarum (M_920)	Levadura no-*Saccharomyces*	1.573 ± 0.004	3.929 ± 0.061	0.308 ± 0.007	0.981
Hanseniaspora opuntiae	Levadura no-*Saccharomyces*	2.097 ± 0.003	3.964 ± 0.033	0.367 ± 0.005	0.993
Filobasidium magnum	Levadura *basidiomicete*	1.458 ± 0.020	22.166 ± 0.213	0.115 ± 0.004	0.98
Naganishia albida	Levadura basidiomicete oxidativa	1.316 ± 0.011	11.807 ± 0.182	0.081 ± 0.002	0.985

Rhodotorula babjevae	Levadura carotenogénica oxidativa	0.914 ± 0.011	1.124 ± 0.524	0.123 ± 0.011	0.758
Papiliotrema flavescens	Levadura basidiomicete ambiental	2.032 ± 0.019	12.301 ± 0.193	0.092 ± 0.002	0.979
Cladosporium colombiae	Hongo filamentoso	2.596 ± 0.049	26.64 ± 0.718	0.028 ± 0.00	0.997
Aureobasidum pullulans (O_1800)	Levadura negra epifítica	1.023 ± 0.014	4.498 ± 0.299	0.067 ± 0.003	0.950
Aureobasidium pullulnas (O_1800)	Levadura negra epifítica	2.074 ± 0.010	18.431 ± 0.094	0.178 ± 0.004	0.991
Cladosporium aggregatocicatricatum (O_1800)	Hongo filamentoso	2.082 ± 0.002	2.966 ± 0.024	0.446 ± 0.005	0.994
Alternaria gaisen (O_1800)	Hongo pigmentado epifítico	2.179 ± 0.009	17.352 ± 0.075	0.274 ± 0.007	0.992
Naganishia albida(O_1800)	Levadura basidiomicete oxidativa	1.268 ± 0.016	7.245 ± 0.270	0.049 ± 0.001	0.986

V. Conclusiones

Se aislaron e identificaron levaduras autóctonas asociadas a la uva Moscatel de Alejandría de la región de Moquegua, revelando una destacada diversidad microbiana modulada por la altitud y las condiciones ecológicas locales.

La caracterización morfológica y molecular, mediante microscopía, qPCR y secuenciación del gen ITS, confirmó la presencia de especies pertenecientes a los géneros *Hanseniaspora, Aureobasidium, Filobasidium y Naganishia,* todas con potencial enológico y biotecnológico relevante.

El análisis cinético fermentativo, ajustado mediante el modelo de Gompertz modificado, evidenció diferencias significativas en la tasa de crecimiento y capacidad fermentativa, destacando cepas con alta adaptabilidad y desempeño fermentativo bajo condiciones controladas, con potencial para su aplicación en fermentaciones mixtas o espontáneas.

En conjunto, estos resultados amplían la comprensión del patrimonio microbiano regional y respaldan el papel de la microbiota nativa en la expresión del terruño vitivinícola de Moquegua, aportando bases científicas para la valoración biotecnológica de sus levaduras autóctonas

VI. Recomendaciones

1. Se recomienda complementar el aislamiento de cepas con análisis metagenómicos o metatranscriptómicos, que permitan caracterizar la dinámica microbiana completa de la uva Moscatel de Alejandría en distintos microclimas de Moquegua, para correlacionar biodiversidad con calidad sensorial del vino.
2. Es necesario validar experimentalmente la capacidad fermentativa, la producción de compuestos volátiles y la tolerancia al etanol de cepas nativas, especialmente de *Hanseniaspora* y *Aureobasidium*, en condiciones enológicas simuladas o a escala piloto.
3. Se sugiere investigar combinaciones de levaduras no-*Saccharomyces* con *Saccharomyces cerevisiae*, buscando sinergias que mejoren la complejidad aromática, la estabilidad sensorial y la identidad del vino de Moquegua.
4. Crear una colección de levaduras autóctonas conservadas bajo estándares de criopreservación, asegurando la trazabilidad genética y su disponibilidad para futuras investigaciones o aplicaciones en la industria vitivinícola regional.

VII. Referencias

Alessandrini, M., Gaiotti, F., Belfiore, N., Matarese, F., D'Onofrio, C., & Tomasi, D. (2017). Influence of vineyard altitude on Glera grape ripening (Vitis vinifera L.): effects on aroma evolution and wine sensory profile. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *97*(9), 2695–2705. https://doi.org/10.1002/jsfa.8093

Alfonzo, A., Francesca, N., Matraxia, M., Craparo, V., Naselli, V., Mercurio, V., & Moschetti, G. (2021). Diversity of Saccharomyces cerevisiae strains associated to racemes of Grillo grape variety. *FEMS Microbiology Letters*, *367*(12). https://doi.org/10.1093/FEMSLE/FNAA079

Alsammar, H. F., Naseeb, S., Brancia, L. B., Gilman, R. T., Wang, P., & Delneri, D. (2019). Targeted metagenomics approach to capture the biodiversity of Saccharomyces genus in wild environments. *Environmental Microbiology Reports*, *11*(2), 206–214. https://doi.org/10.1111/1758-2229.12724

Arias, L. A., Berli, F., Fontana, A., Bottini, R., & Piccoli, P. (2022a). Climate Change Effects on Grapevine Physiology and Biochemistry: Benefits and Challenges of High Altitude as an Adaptation Strategy. *Frontiers in Plant Science*, *13*. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.835425

Arias, L. A., Berli, F., Fontana, A., Bottini, R., & Piccoli, P. (2022c). Climate Change Effects on Grapevine Physiology and Biochemistry: Benefits and Challenges of High Altitude as an Adaptation Strategy. *Frontiers in Plant Science*, *13*. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.835425

Barata, A., Malfeito-Ferreira, M., & Loureiro, V. (2012). The microbial ecology of wine grape berries. *International Journal of Food Microbiology*, *153*(3), 243–259. https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2011.11.025

Barragán-Castillo, Y. M., Miranda-Castilleja, D. E., Aldrete-Tapia, J. A., Arvizu-Medrano, S. M., & Martínez-Peniche, R. (2020). Native yeast from distinct organs of grapevines established in Queretaro, Mexico, and their potential oenological utilization. *Ciencia e Tecnica Vitivinicola*, *35*(1), 30–41. https://doi.org/10.1051/ctv/20203501030

Beaumelle, L., Giffard, B., Tolle, P., Winter, S., Entling, M. H., Benítez, E., Zaller, J. G., Auriol, A., Bonnard, O., Charbonnier, Y., Fabreguettes, O., Joubard, B., Kolb, S., Ostandie, N., Reiff, J. M., Richart-Cervera, S., & Rusch, A. (2023). Biodiversity conservation, ecosystem services and organic viticulture: A glass half-full. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, *351*(September 2022). https://doi.org/10.1016/j.agee.2023.108474

Belda, I., Ruiz, J., Esteban-Fernández, A., Navascués, E., Marquina, D., Santos, A., & Moreno-Arribas, M. V. (2017). Microbial contribution to Wine aroma and its intended use for Wine quality improvement. *Molecules*, *22*(2), 1–29. https://doi.org/10.3390/molecules22020189

Bettenfeld, P., Cadena i Canals, J., Jacquens, L., Fernandez, O., Fontaine, F., van Schaik, E., Courty, P. E., & Trouvelot, S. (2022). The microbiota of the grapevine holobiont: A key component of plant health. *Journal of Advanced Research*, *40*, 1–15. https://doi.org/10.1016/j.jare.2021.12.008

Binati, R. L., Innocente, G., Gatto, V., Celebrin, A., Polo, M., Felis, G. E., & Torriani, S. (2019). Exploring the diversity of a collection of native non-Saccharomyces yeasts to develop co-starter cultures for winemaking. *Food Research International*, *122*, 432–442. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.04.043

Binati, R. L., Lemos Junior, W. J. F., Luzzini, G., Slaghenaufi, D., Ugliano, M., & Torriani, S. (2020). Contribution of non-Saccharomyces yeasts to wine volatile and sensory diversity: A study on Lachancea thermotolerans, Metschnikowia spp. and Starmerella bacillaris strains isolated in Italy. *International Journal of Food Microbiology*, *318*. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108470

Briz-Cid, N., Rial-Otero, R., Cámara, M. A., Oliva, J., & Simal-Gandara, J. (2019). Dissipation of three fungicides and their effects on anthocyanins and color of monastrell red wines. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(6). https://doi.org/10.3390/ijms20061447

Burns, K. N., Bokulich, N. A., Cantu, D., Greenhut, R. F., Kluepfel, D. A., Geen, A. T. O., Strauss, S. L., Steenwerth, K. L., Bokulich, N. A., Cantu, D., & Steenwerth, K. L. (2016). Vineyard soil bacterial diversity and composition revealed by 16S rRNA genes: Differentiation by vineyard management. *Soil Biology and Biochemistry*. http://dx.doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.09.002

Burns, K. N., Kluepfel, D. A., Strauss, S. L., Bokulich, N. A., Cantu, D., & Steenwerth, K. L. (2015). Vineyard soil bacterial diversity and composition revealed by 16S rRNA genes: Differentiation by geographic features. *Soil Biology and Biochemistry*, *91*, 232–247. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.09.002

Bustamante Y. (2018). Universidad Católica de Santa María Facultad de Ciencias y Tecnologías Sociales y Humanidades Escuela Profesional de Turismo y Hotelería IDENTIDAD CULTURAL Y DESARROLLO DEL Tesis presentada por la Bachiller: Arequipa-Perú 2018. *Universidad Católica de Santa María*.

Cáceres Yparraguirre, H., & Julca Otiniano, A. (2018). Caracterización y tipología de fincas productoras de vid para Pisco en la región Ica-Perú. *Idesia (Arica)*, *ahead*, 0–0. https://doi.org/10.4067/s0718-34292018005001002

Capece, A., Pietrafesa, A., Pietrafesa, R., Garrigós, V., Tedesco, F., Romano, P., Matallana, E., Siesto, G., & Aranda, A. (2022). Impact of Starmerella bacillaris and Zygosaccharomyces bailii on ethanol reduction and Saccharomyces cerevisiae metabolism during mixed wine fermentations.

Food Research International, *159*. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111649

Capece, A., Romaniello, R., Siesto, G., & Romano, P. (2012a). Diversity of Saccharomyces cerevisiae yeasts associated to spontaneously fermenting grapes from an Italian “heroic vine-growing area” (R. Romaniello, Trans.). *Food Microbiology*, *31*(2), 159–166. https://doi.org/10.1016/j.fm.2012.03.010

Carrau, F. M. (2005). *Levaduras Nativas para Enología de Mínima Intervención. Biodiversidad, Selección Y Caracterización.*

Carrau, F. M., Medina, K., Farina, L., Boido, E., Henschke, P. A., & Dellacassa, E. (2008). Production of fermentation aroma compounds by Saccharomyces cerevisiae wine yeasts: Effects of yeast assimilable nitrogen on two model strains. *FEMS Yeast Research*, *8*(7), 1196–1207. https://doi.org/10.1111/j.1567-1364.2008.00412.x

Castañeda, L. E., & Barbosa, O. (2017). Metagenomic analysis exploring taxonomic and functional diversity of soil microbial communities in Chilean vineyards and surrounding native forests. *PeerJ*, *2017*(3), e3098. https://doi.org/10.7717/PEERJ.3098/SUPP-2

Chen, Y., Lei, X., Jiang, J., Qin, Y., Jiang, L., & Liu, Y. L. (2023a). Microbial diversity on grape epidermis and wine volatile aroma in spontaneous fermentation comprehensively driven by geography, subregion, and variety. *International Journal of Food Microbiology*, *404*(May), 110315. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110315

Ciani, M., Capece, A., Comitini, F., Canonico, L., Siesto, G., & Romano, P. (2016). Yeast interactions in inoculated wine fermentation. *Frontiers in Microbiology*, *7*(APR), 1–7. https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00555

Ciani, M., & Comitini, F. (2015). Yeast interactions in multi-starter wine fermentation. In *Current Opinion in Food Science* (Vol. 1, Issue 1, pp. 1–6). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2014.07.001

Ciani, M., Comitini, F., Mannazzu, I., & Domizio, P. (2010). Controlled mixed culture fermentation: A new perspective on the use of non-Saccharomyces yeasts in winemaking. *FEMS Yeast Research*, *10*(2), 123–133. https://doi.org/10.1111/j.1567-1364.2009.00579.x

Cordero-Bueso, G., Arroyo, T., & Valero, E. (2014). A long term field study of the effect of fungicides penconazole and sulfur on yeasts in the vineyard. *International Journal of Food Microbiology*, *189*, 189–194. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.08.013

Costantini, A., Vaudano, E., Pulcini, L., Boatti, L., Gamalero, E., & Garcia-Moruno, E. (2022a). Yeast Biodiversity in Vineyard during Grape Ripening: Comparison between Culture Dependent and NGS Analysis. *Processes*, *10*(5). https://doi.org/10.3390/pr10050901

Costantini, A., Vaudano, E., Pulcini, L., Boatti, L., Gamalero, E., & Garcia-Moruno, E. (2022b). Yeast Biodiversity in Vineyard during Grape Ripening: Comparison between Culture Dependent and NGS Analysis. *Processes*, *10*(5). https://doi.org/10.3390/pr10050901

Cui, D. yao, Ge, J. ling, Song, Y. mei, Feng, P. peng, Lin, L. cai, Guo, L. yun, & Zhang, C. ying. (2021). Regulating the ratio of higher alcohols to esters by simultaneously overexpressing ATF1 and deleting BAT2 in brewer's yeast Saccharomyces pastorianus. *Food Bioscience*, *43*, 101231. https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2021.101231

Deak, T. (2006). Environmental Factors Influencing Yeasts. *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts*, 155–174. https://doi.org/10.1007/3-540-30985-3_8

Deis, L., Martínez, L., da Costa, B. S., & Vilanova, M. (2024a). The Influence of Climatic Conditions Associated with Altitude on the Volatile Composition of Cabernet Sauvignon Wines from Argentina, Spain and Portugal. *Horticulturae 2024, Vol. 10, Page 870*, *10*(8), 870. https://doi.org/10.3390/HORTICULTURAE10080870

Di Maio, S., Polizzotto, G., Di Gangi, E., Foresta, G., Genna, G., Verzera, A., Scacco, A., Amore, G., & Oliva, D. (2012). Biodiversity of indigenous saccharomyces populations from old wineries of South-Eastern Sicily (Italy): Preservation and economic potential. *PLoS ONE*, *7*(2). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0030428

Dirección Regional de la Producción Moquegua. (2023). *BOLETIN ESTADISTICO INDUSTRIAL VITIVINICOLA - 2023*.

Dutra-Silva, L., Pereira, G. E., Batista, L. R., & Matteoli, F. P. (2021). Fungal diversity and occurrence of mycotoxin producing fungi in tropical vineyards. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, *37*(7), 1–11. https://doi.org/10.1007/S11274-021-03081-8/METRICS

Englezos, V., Jolly, N. P., Di Gianvito, P., Rantsiou, K., & Cocolin, L. (2022). Microbial interactions in winemaking: Ecological aspects and effect on wine quality. In *Trends in Food Science and Technology* (Vol. 127, pp. 99–113). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.tifs.2022.06.015

Escribano-Viana, R., Portu, J., Garijo, P., López, R., Santamaría, P., López-Alfaro, I., Gutiérrez, A. R., & González-Arenzana, L. (2019). Effect of the sequential inoculation of non-saccharomyces/Saccharomyceson the anthocyans and stilbenes composition of tempranillo wines. *Frontiers in Microbiology*, *10*(APR). https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00773

Fazio, N. A., Pino, A., Foti, P., Esteve-Zarzoso, B., Randazzo, C. L., Torija, M. J., & Caggia, C. (2024a). Screening and characterization of indigenous Saccharomyces cerevisiae and non-Saccharomyces yeasts isolated from Sicilian vineyards. *Food Bioscience*, *62*. https://doi.org/10.1016/j.fbio.2024.105282

Fleet, G. H. (2003). Yeast interactions and wine flavour. In *International Journal of Food Microbiology* (Vol. 86, Issues 1–2, pp. 11–22). Elsevier. https://doi.org/10.1016/S0168-1605(03)00245-9

Fouillet, E., Gosme, M., Metay, A., Rapidel, B., Rigal, C., Smits, N., & Merot, A. (2024). Lowering pesticide use in vineyards over a 10-year period did not reduce yield or work intensity. *European Journal of Agronomy*, *158*(April). https://doi.org/10.1016/j.eja.2024.127199

Gao, F., Chen, J., Xiao, J., Cheng, W., Zheng, X., Wang, B., & Shi, X. (2019a). Microbial community composition on grape surface controlled by geographical factors of different wine regions in Xinjiang, China. *Food Research International*, *122*(October 2018), 348–360. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.04.029

Gao, L., Cai, P., & Zhou, Y. J. (2021). [Advances in metabolic engineering of methylotrophic yeasts]. *Sheng Wu Gong Cheng Xue Bao = Chinese Journal of Biotechnology*, *37*(3), 966–979. https://doi.org/10.13345/J.CJB.200645

García, David., & Mamani, Gloria. (2008). *Selección de levaduras nativas Saccharomyces cerevisiae aisladas de chicha de jora del Valle de Mantaro*.

García-Ríos, E., & Guillamón, J. M. (2019). Mechanisms of Yeast Adaptation to Wine Fermentations. *Progress in Molecular and Subcellular Biology*, *58*, 37–59. https://doi.org/10.1007/978-3-030-13035-0_2

Gava, A., Emer, C. D., Ficagna, E., Fernandes de Andrade, S., & Fuentefria, A. M. (2021). Occurrence and impact of fungicides residues on fermentation during wine production– A review. *Food Additives and Contaminants - Part A Chemistry, Analysis, Control, Exposure and Risk Assessment*, *38*(6), 943–961. https://doi.org/10.1080/19440049.2021.1894357

Gayevskiy, V., & Goddard, M. R. (2012). Geographic delineations of yeast communities and populations associated with vines and wines in New Zealand. *ISME Journal*, *6*(7), 1281–1290. https://doi.org/10.1038/ismej.2011.195

Gilbert, J. A., Van Der Lelie, D., & Zarraonaindia, I. (2014). Microbial terroir for wine grapes. In *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (Vol. 111, Issue 1, pp. 5–6). https://doi.org/10.1073/pnas.1320471110

Godoy, A. (2013). *Aislamiento e identificación molecular de especies de levaduras No- Saccharomyces presentes en uvas*.

González, M. L., Valero, E., Chimeno, S. V., Garrido-Fernández, A., Rodríguez-Gómez, F., Rojo, M. C., Paolinelli, M., Arroyo-López, F. N., Combina, M., & Mercado, L. A. (2022). Growth response of Saccharomyces cerevisiae strains to stressors associated to the vine cycle. *LWT*, *158*, 113157. https://doi.org/10.1016/J.LWT.2022.113157

Gonzalez, R., Guindal, A. M., Tronchoni, J., & Morales, P. (2021). Biotechnological approaches to lowering the ethanol yield during wine fermentation. In *Biomolecules* (Vol. 11, Issue 11). MDPI. https://doi.org/10.3390/biom11111569

Granados-Sanchéz, D., G.F., L.-R., M.A., H.-G., & Sánchez-González, A. (2007). Disponible en: http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=62913142001. *Chapingo*, *9*(2), 101–111.

Grandy, A. S., & Neff, J. C. (2008). *Molecular C dynamics downstream : The biochemical decomposition sequence and its impact on soil organic matter structure and function*. *4*. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2007.11.013

Guedes, J. P., Cardoso, T. V., Fernandes, T., Mendes, F., Baleiras-Couto, M. M., Duarte, F. L., Sousa, M. J., Franco-Duarte, R., Chaves, S. R., & Côrte-Real, M. (2024). Exploring wine yeast natural biodiversity to select strains with enological traits adapted to climate change. *Heliyon*, *10*(18), e36975. https://doi.org/10.1016/J.HELIYON.2024.E36975

Guo, L., Li, R., Chen, W., Dong, F., Zheng, Y., & Li, Y. (2023). The interaction effects of pesticides with Saccharomyces cerevisiae and their fate during wine-making process. *Chemosphere*, *328*(January), 138577. https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2023.138577

Hong, Y. A., & Park, H. D. (2013). Role of non-Saccharomyces yeasts in Korean wines produced from Campbell Early grapes: Potential use of Hanseniaspora uvarum as a starter culture. *Food Microbiology*, *34*(1), 207–214. https://doi.org/10.1016/j.fm.2012.12.011

Huertas Vallejos, L. (2024). Historia de la producción de vinos y piscos en el Perú. *Universum (Talca)*, *19*(2), 44–61. https://doi.org/10.4067/S0718-23762004000200004

Iturritxa, E., Hill, A. E., & Torija, M. J. (2023). Profiling potential brewing yeast from forest and vineyard ecosystems. *International Journal of Food Microbiology*, *394*. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110187

Knight, S., Klaere, S., Fedrizzi, B., & Goddard, M. R. (2015). Regional microbial signatures positively correlate with differential wine phenotypes : evidence for a microbial aspect to terroir. *Nature Publishing Group*, *March*, 1–10. https://doi.org/10.1038/srep14233

Ko, I. (2002). *The macromolecular organic composition of plant and microbial residues as inputs to soil organic matter*. *34*.

Kumar, M., Yadav, A. N., Saxena, R., Paul, D., & Tomar, R. S. (2021). Biodiversity of pesticides degrading microbial communities and their environmental impact. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *31*(July 2020). https://doi.org/10.1016/j.bcab.2020.101883

Kurtzman, C. P., & Robnett, C. J. (2003). Phylogenetic relationships among yeasts of the “Saccharomyces complex” determined from multigene

sequence analyses. *FEMS Yeast Research*, *3*(4), 417–432. https://doi.org/10.1016/S1567-1356(03)00012-6

Lappa, I. K., Kachrimanidou, V., Pateraki, C., Koulougliotis, D., Eriotou, E., & Kopsahelis, N. (2020). Indigenous yeasts: emerging trends and challenges in winemaking. *Current Opinion in Food Science*, *32*, 133–143. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2020.04.004

Leeuwen, C. Van, & Seguin, G. (2007). *The concept of terroir in viticulture*. *June 2012*, 37–41. https://doi.org/10.1080/09571260600633135

Li, W., Cui, D. Y., Wang, J. H., Liu, X. E., Xu, J., Zhou, Z., Zhang, C. Y., Chen, Y. F., & Xiao, D. G. (2018). Overexpression of different alcohol acetyltransferase genes with BAT2 deletion in Saccharomyces cerevisiae affects acetate esters and higher alcohols. *European Food Research and Technology*, *244*(3), 555–564. https://doi.org/10.1007/s00217-017-2977-0

Liu, D., Zhang, P., Chen, D., & Howell, K. (2019a). From the Vineyard to the Winery: How Microbial Ecology Drives Regional Distinctiveness of Wine. *Frontiers in Microbiology*, *10*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02679

Liu, D., Zhang, P., Chen, D., & Howell, K. (2019b). From the Vineyard to the Winery: How Microbial Ecology Drives Regional Distinctiveness of Wine. *Frontiers in Microbiology*, *10*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02679

Liu, Y., Wang, Z., Chen, X., Liu, X., Luo, Y., Yan, Y., Kai, J., Zhao, D., Zhang, J., Li, C., & Ge, Q. (2025). Influence of microbial and functional metabolites on the aroma of wines from different areas in Ningxia, China. *Food Research International*, *222*. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.117614

Lleixà, J., Martín, V., Portillo, M. del C., Carrau, F., Beltran, G., & Mas, A. (2016). Comparison of fermentation and wines produced by inoculation of Hanseniaspora vineae and Saccharomyces cerevisiae. *Frontiers in Microbiology*, *7*(MAR). https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00338

Lucini, L., Rocchetti, G., & Trevisan, M. (2020). Extending the concept of terroir from grapes to other agricultural commodities: an overview. *Current Opinion in Food Science*, *31*, 88–95. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2020.03.007

Ma, W., Wu, Y., Wei, Y., Zou, W., Yan, Y., Xue, J., Tian, G., Wang, L., Wang, W., & Pan, H. (2018). Microbial diversity analysis of vineyards in the Xinjiang region using high-throughput sequencing. *Journal of the Institute of Brewing*, *124*(3), 276–283. https://doi.org/10.1002/jib.501

Mansour, G., Ghanem, C., Mercenaro, L., Nassif, N., Hassoun, G., & Del Caro, A. (2022). Effects of altitude on the chemical composition of grapes and wine: a review. *OENO One*, *56*(1), 227–239. https://doi.org/10.20870/OENO-ONE.2022.56.1.4895

Manzanares, P., Orejas, M., Gil, J. V., De Graaff, L. H., Visser, J., & Ramón, D. (2003). Construction of a genetically modified wine yeast strain

expressing the Aspergillus aculeatus rhaA gene, encoding an alpha-L-rhamnosidase of enological interest. *Applied and Environmental Microbiology*, *69*(12), 7558–7562. https://doi.org/10.1128/AEM.69.12.7558-7562.2003

Martins, V. (2024). *Agriculture , Ecosystems and Environment From the vineyard soil to the grape berry surface : Unravelling the dynamics of the microbial terroir*. *374*(January). https://doi.org/10.1016/j.agee.2024.109145

Martins, V., Teixeira, A., & Gerós, H. (2024). A comparison of microbiota isolation methods reveals habitat preferences for fermentative yeasts and plant pathogenic fungi in the grape berry. *Food Microbiology*, *118*, 104408. https://doi.org/10.1016/J.FM.2023.104408

Messner, C. B., Demichev, V., Muenzner, J., Aulakh, S. K., Barthel, N., Röhl, A., Herrera-Domínguez, L., Egger, A. S., Kamrad, S., Hou, J., Tan, G., Lemke, O., Calvani, E., Szyrwiel, L., Mülleder, M., Lilley, K. S., Boone, C., Kustatscher, G., & Ralser, M. (2023). The proteomic landscape of genome-wide genetic perturbations. *Cell*, *186*(9), 2018-2034.e21. https://doi.org/10.1016/J.CELL.2023.03.026

Mezzasalma, V., Sandionigi, A., Bruni, I., Bruno, A., Lovicu, G., Casiraghi, M., & Labra, M. (2017). Grape microbiome as a reliable and persistent signature of field origin and environmental conditions in Cannonau wine production. *PLOS ONE*, 1–20.

Milanović, V., Cardinali, F., Boban, A., Kljusurić, J. G., Osimani, A., Aquilanti, L., Garofalo, C., & Budić-Leto, I. (2023). White grape variety Maraština as a promising source of non-Saccharomyces yeasts intended as starter cultures. *Food Bioscience*, *55*. https://doi.org/10.1016/j.fbio.2023.103033

Miranda P. (2019). Elaboración experimental de vino experimental de vino a partir de la uva Moscatel de Alejandría mediante el descubado en diferentes etapas del proceso. *Universidad Autónoma*.

Moine, A., Boccacci, P., De Paolis, C., Rolle, L., & Gambino, G. (2024). TaqMan® and HRM approaches for SNP genotyping in genetic traceability of musts and wines. *Current Research in Food Science*, *8*, 100707. https://doi.org/10.1016/J.CRFS.2024.100707

Moreira, L., Milheiro, J., Filipe-Ribeiro, L., Cosme, F., & Nunes, F. M. (2024). Exploring factors influencing the levels of biogenic amines in wine and microbiological strategies for controlling their occurrence in winemaking. In *Food Research International* (Vol. 190). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.114558

Napa-Almeyda, C. A., Criado, C., Mayta-Hancco, J., Silva-Jaimes, M., Condezo-Hoyos, L., & Pozo-Bayón, M. Á. (2023). Non-Saccharomyces Yeast Strains, Aromatic Compounds and Sensory Analysis of Italy and Negra Criolla Pisco from the Moquegua Region of Peru. *Fermentation*, *9*(8). https://doi.org/10.3390/fermentation9080757

Naselli, V., Prestianni, R., Badalamenti, N., Matraxia, M., Maggio, A., Alfonzo, A., Gaglio, R., Vagnoli, P., Settanni, L., Bruno, M., Moschetti, G., & Francesca, N. (2023). Improving the Aromatic Profiles of Catarratto Wines: Impact of Metschnikowia pulcherrima and Glutathione-Rich Inactivated Yeasts. *Antioxidants*, *12*(2). https://doi.org/10.3390/antiox12020439

Novo, M., Gonzalez, R., Bertran, E., Martínez, M., Yuste, M., & Morales, P. (2014). Improved fermentation kinetics by wine yeast strains evolved under ethanol stress. *LWT*, *58*(1), 166–172. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2014.03.004

Oliva, J., Girón, F., Cayuela, J. M., Mulero, J., Zafrilla, P., & Cámara, M. Á. (2020). Effect of fungicides on the yeast population during spontaneous fermentation in the vinification of monastrell grapes. *Lwt*, *131*(May). https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.109816

Ostandie, N., Giffard, B., Bonnard, O., Joubard, B., Richart-Cervera, S., Thiéry, D., & Rusch, A. (2021). Multi-community effects of organic and conventional farming practices in vineyards. *Scientific Reports*, *11*(1), 1–10. https://doi.org/10.1038/s41598-021-91095-5

Oyuela Aguilar, M., Gobbi, A., Browne, P. D., Ellegaard-Jensen, L., Hansen, L. H., Semorile, L., & Pistorio, M. (2020a). Influence of vintage, geographic location and cultivar on the structure of microbial communities associated with the grapevine rhizosphere in vineyards of San Juan Province, Argentina. *PLOS ONE*, *15*(12), e0243848. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243848

Oyuela Aguilar, M., Gobbi, A., Browne, P. D., Ellegaard-Jensen, L., Hansen, L. H., Semorile, L., & Pistorio, M. (2020b). Influence of vintage, geographic location and cultivar on the structure of microbial communities associated with the grapevine rhizosphere in vineyards of San Juan Province, Argentina. *PLOS ONE*, *15*(12), e0243848. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243848

Parsell, D. A., Taulien, J., & Lindquist, S. L. (1993). The role of heat-shock proteins in thermotolerance. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, *339*(1289), 279–286. https://doi.org/10.1098/RSTB.1993.0026

Peiffer, J. A., Spor, A., Koren, O., Jin, Z., Green, S., & Dangl, J. L. (2013). *Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under fi eld conditions*. https://doi.org/10.1073/pnas.1302837110/-/DCSupplemental.www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1302837110

Philippot, L., Raaijmakers, J. M., Lemanceau, P., & Putten, W. H. Van Der. (2013). Going back to the roots : the microbial ecology of the rhizosphere. *Nature Publishing Group*, *September*, 1–11. https://doi.org/10.1038/nrmicro3109

Pretorius, I. S., van der Westhuizen, T. J., & Augustyn, O. P. H. (2017). Yeast Biodiversity in Vineyards and Wineries and Its Importance to the South

African Wine Industry. A Review. *South African Journal of Enology & Viticulture*, *20*(2), 61–70. https://doi.org/10.21548/20-2-2234

Prudence M., R. (2012a). *Vintage Moquegua: History, Wine, and Archaeology on a Colonial Peruvian Periphery* (The University of Texas Press, Ed.; 1st ed.).

Prudence M., R. (2012b). *Vintage Moquegua: History, Wine, and Archaeology on a Colonial Peruvian Periphery* (The University of Texas Press, Ed.; 1st ed.).

Prudence, R. (2010). La industria vitivinícola colonial de Moquegua ,. *Estudios Avanzados, Núm. 14, Diciembre-, 2010, Pp. 29-62*. http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=435541645003

Renouf, V., Claisse Olivier, & Lonvaud-Funel, A. (2005). *Understanding the microbial ecosystem on the grape berry surface through numeration and identification of yeast and bacteria*. https://doi.org/10.1111/j.1755-0238.2005.tb00031.x

Rice, P. M. (2010). La industria vitivinícola colonial de Moquegua,Perú. *Estudios Avanzados*. http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=435541645003

Rodriguez Vuelta, A. (2020). *Análisis de la influencia de la altitud del viñedo sobre los parámetros de maduración de la uva en la "D.O. Bierzo."*

Ruiz-Moyano, S., Martín, A., Villalobos, M. C., Calle, A., Serradilla, M. J., Córdoba, M. G., & Hernández, A. (2016). Yeasts isolated from figs (Ficus carica L.) as biocontrol agents of postharvest fruit diseases. *Food Microbiology*, *57*, 45–53. https://doi.org/10.1016/j.fm.2016.01.003

Russo, P., Berbegal, C., De Ceglie, C., Grieco, F., Spano, G., & Capozzi, V. (2019). Pesticide residues and stuck fermentation in wine: New evidences indicate the urgent need of tailored regulations. *Fermentation*, *5*(1). https://doi.org/10.3390/fermentation5010023

Russo, P., Englezos, V., Capozzi, V., Pollon, M., Río Segade, S., Rantsiou, K., Spano, G., & Cocolin, L. (2020). Effect of mixed fermentations with Starmerella bacillaris and Saccharomyces cerevisiae on management of malolactic fermentation. *Food Research International*, *134*. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109246

Saini, P., Beniwal, A., Kokkiligadda, A., & Vij, S. (2018). Response and tolerance of yeast to changing environmental stress during ethanol fermentation. *Process Biochemistry*, *72*, 1–12. https://doi.org/10.1016/J.PROCBIO.2018.07.001

Salvadó, Z., Chiva, R., Rozès, N., Cordero-Otero, R., & Guillamón, J. M. (2012). Functional analysis to identify genes in wine yeast adaptation to low-temperature fermentation. *Journal of Applied Microbiology*, *113*(1), 76–88. https://doi.org/10.1111/J.1365-2672.2012.05308.X

Sant', A. S., & Lemos, W. J. F. (2024). Microbial synergies and their impact on economic and quality innovation in sustainable winemaking: Yeast and lactic acid bacteria interconnections. In *Food Bioscience* (Vol. 62). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.fbio.2024.105238

Savazzini, F., Longa, C. M. O., & Pertot, I. (2009). Impact of the biocontrol agent Trichoderma atroviride SC1 on soil microbial communities of a vineyard in northern Italy. *Soil Biology and Biochemistry*, *41*(7), 1457–1465. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2009.03.027

Savazzini, F., & Martinelli, L. (2006). DNA analysis in wines: Development of methods for enhanced extraction and real-time polymerase chain reaction quantification. *Analytica Chimica Acta*, *563*(1–2), 274–282. https://doi.org/10.1016/J.ACA.2005.10.078

Setati, M. E., Jacobson, D., Andong, U. C., & Bauer, F. (2012). The Vineyard Yeast Microbiome, a Mixed Model Microbial Map. *PLoS ONE*, *7*(12). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0052609

Sevillano, M. E., Morata, V. I., & Martín, M. C. (2025). Growth Kinetics and Extracellular Enzyme Secretion of Aureobasidium pullulans m11-2 as an Alternative Source of Polysaccharidases for Winemaking. *Fermentation*, *11*(9). https://doi.org/10.3390/fermentation11090520

Sharratt, N., Ryan Williams, P., Nash, D. J., Chacaltana-Cortez, S., & Wackett, J. (2022). *Crafting a Colony: geochemical insights into 1000 years of state craft in the Moquegua Valley, Peru*. https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-23762004000200004

Siles, J. A., Cajthaml, T., Minerbi, S., & Margesin, R. (2016). Effect of altitude and season on microbial activity, abundance and community structure in Alpine forest soils. *FEMS Microbiology Ecology*, *92*(3), fiw008. https://doi.org/10.1093/femsec/fiw008

Stefanini, I., & Cavalieri, D. (2018). Metagenomic Approaches to Investigate the Contribution of the Vineyard Environment to the Quality of Wine Fermentation: Potentials and Difficulties. *Frontiers in Microbiology*, *9*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00991

Strauss, M. L. A., Jolly, N. P., Lambrechts, M. G., & Van Rensburg, P. (2001). *Screening for the production of extracellular hydrolytic enzymes by non-Saccharomyces wine yeasts*.

Styger, G., Prior, B., & Bauer, F. F. (2011). Wine flavor and aroma. In *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology* (Vol. 38, Issue 9, pp. 1145–1159). https://doi.org/10.1007/s10295-011-1018-4

Sunyer-Figueres, M., Wang, C., & Mas, A. (2018). Analysis of ribosomal RNA stability in dead cells of wine yeast by quantitative PCR. *International Journal of Food Microbiology*, *270*(August 2017), 1–4. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.01.020

Tarko, T., & Duda, A. (2024). Volatilomics of Fruit Wines. In *Molecules* (Vol. 29, Issue 11). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). https://doi.org/10.3390/molecules29112457

Taymaz-Nikerel, H., Cankorur-Cetinkaya, A., & Kirdar, B. (2016). Genome-Wide Transcriptional Response of Saccharomyces cerevisiae to Stress-Induced Perturbations. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, *4*(FEB). https://doi.org/10.3389/FBIOE.2016.00017

Thivijan, S., Pavalakumar, D., Gunathunga, C. J., Undugoda, L. J. S., Manage, P. M., Nugara, R. N., Bandara, P. C., Thambugala, K. M., Al-Asmari, F., & Promputtha, I. (2024). Influence of indigenous non-Saccharomyces yeast strains on the physicochemical and sensory properties of wine fermentation: a promising approach to enhancing wine quality. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *14*. https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1495177

Tofalo, R., Perpetuini, G., Rossetti, A. P., Gaggiotti, S., Piva, A., Olivastri, L., Cichelli, A., Compagnone, D., & Arfelli, G. (2022). Impact of Saccharomyces cerevisiae and non-Saccharomyces yeasts to improve traditional sparkling wines production. *Food Microbiology*, *108*. https://doi.org/10.1016/j.fm.2022.104097

Tofalo, R., Rossetti, A. P., & Perpetuini, G. (2023). Climate Change and Wine Quality. *Climate-Resilient Agriculture*, *1*, 157–177. https://doi.org/10.1007/978-3-031-37424-1_7

Togores, J. H. (2010). *Tratado de Enologia* (2010 Mundi-Prensa, Ed.; 2a ed.). ProQuest Ebook Central. http://ebookcentral.proquest.com/lib/bibliounjbgsp/detail.action?docID=3207253.%0D

Togores, J. H. (2017). *Tratado de ENOLOGIA* (Mundi-Prensa, Ed.; 2da ed., Vol. 11, Issue 1). ProQuest Ebook Central. http://ebookcentral.proquest.com/lib/bibliounjbgsp/detail.action?docID=4435210.

Torres-Palazzolo, C., Ferreyra, S., Hugalde, I. P., Kuhn, Y., Combina, M., & Ponsone, M. L. (2024). Recent advances in biocontrol and other alternative strategies for the management of postharvest decay in table grapes. *International Journal of Food Microbiology*, *420*(April), 110766. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2024.110766

Vadkertiová, R., Molnárová, J., Vránová, D., & Sláviková, E. (2012). Yeasts and yeast-like organisms associated with fruits and blossoms of different fruit trees. *Https://Doi.Org/10.1139/Cjm-2012-0468*, *58*(12), 1344–1352. https://doi.org/10.1139/CJM-2012-0468

Varela, C., Siebert, T., Cozzolino, D., Rose, L., McLean, H., & Henschke, P. A. (2009). Discovering a chemical basis for differentiating wines made by fermentation with “wild” indigenous and inoculated yeasts: Role of yeast volatile compounds. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, *15*(3), 238–248. https://doi.org/10.1111/j.1755-0238.2009.00054.x

Vaudano, E., Quinterno, G., Costantini, A., Pulcini, L., Pessione, E., & Garcia-moruno, E. (2019a). International Journal of Food Microbiology Yeast distribution in Grignolino grapes growing in a new vineyard in Piedmont and the technological characterization of indigenous Saccharomyces spp . strains. *International Journal of Food Microbiology*, *289*(May 2018), 154–161. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.09.016

Vaudano, E., Quinterno, G., Costantini, A., Pulcini, L., Pessione, E., & Garcia-moruno, E. (2019b). International Journal of Food Microbiology Yeast distribution in Grignolino grapes growing in a new vineyard in Piedmont and the technological characterization of indigenous Saccharomyces spp . strains. *International Journal of Food Microbiology*, *289*(May 2018), 154–161. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.09.016

Wang, C., Wu, C., & Qiu, S. (2019). Yeast diversity investigation of Vitis davidii Föex during spontaneous fermentations using culture-dependent and high-throughput sequencing approaches. *Food Research International*, *126*, 108582. https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2019.108582

Wang, J., Wang, Z., Gao, H., Bai, X., Li, L., Wei, R., & Dong, Z. (2024). Metabolomics and flavor diversity in Cabernet Sauvignon wines fermented by various origins of Hanseniaspora uvarum in the presence and absence of Saccharomyces cerevisiae. *LWT*, *203*. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.116396

Wei, Y., Wu, Y., Yan, Y., Zou, W., Xue, J., Ma, W., Wang, W., Tian, G., & Wang, L. (2018). High-throughput sequencing of microbial community diversity in soil, grapes, leaves, grape juice and wine of grapevine from China. *PLOS ONE*, *13*(3), e0193097. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193097

Wu, Y., Wang, Y., Fan, X., Zhang, Y., Jiang, J., Sun, L., Luo, Q., Sun, F., & Liu, C. (2023). QTL mapping for berry shape based on a high-density genetic map constructed by whole-genome resequencing in grape. *Horticultural Plant Journal*, *9*(4), 729–742. https://doi.org/10.1016/J.HPJ.2022.11.005

Xue, B., Yu, J., Zhang, J., Hao, F., Zhang, X., Dong, J., Sun, J., & Xue, J. (2022). Microbial diversity analysis of vineyard son the eastern foothills of the Helan Mountain region using high-throughput sequencing. *Food Science and Technology*, *42*. https://doi.org/10.1590/fst.66320

Young, P. R., & Vivier, M. A. (2010). Genetics and genomic approaches to improve grape quality for winemaking. *Managing Wine Quality: Volume One: Viticulture and Wine Quality*, 395–442. https://doi.org/10.1016/B978-0-08-102067-8.00030-0

Zambianchi, S., Patrone, V., Becchi, P. P., Callegari, M. L., Stagnati, L., Lucini, L., Morelli, L., & Busconi, M. (2023). Metagenomic bacterial diversity and metabolomics profiling of Buttafuoco wine production. *Food Control*, *148*. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2023.109657

Zarraonaindia, I., Owens, S. M., Weisenhorn, P., West, K., Hampton-Marcell, J., Lax, S., Bokulich, N. A., Mills, D. A., Martin, G., Taghavi, S., van der Lelie, D., & Gilbert, J. A. (2015). The soil microbiome influences grapevine-

associated microbiota. *MBio*, *6*(2). https://doi.org/10.1128/MBIO.02527-14/ASSET/0FB7076E-BB07-4D63-BE4D-FCAF6D9AD5BE/ASSETS/GRAPHIC/MBO0021522390004.JPEG

Zhang, X., Zhao, X., Gao, Y., Zhong, X., Liang, Y., Shao, X., Qin, Y., & Liu, Y. (2025). Fungi diversity and volatile in spontaneously fermented Cabernet Sauvignon wines: Insights into four sub-regions Penglai's Terroir. *Food Bioscience*, *71*. https://doi.org/10.1016/j.fbio.2025.107049

Zhang, Z., Wang, H., Xia, H., Sun, L., Zhang, Q., Yang, H., & Zhang, J. (2023). Wine aroma modification by Hanseniaspora uvarum: A multiple-step strategy for screening potential mixed starters. *Food Chemistry: X*, *20*. https://doi.org/10.1016/j.fochx.2023.100930

Zhu, X., Torija, M. J., Mas, A., Beltran, G., & Navarro, Y. (2021). Effect of a multistarter yeast inoculum on ethanol reduction and population dynamics in wine fermentation. *Foods*, *10*(3). https://doi.org/10.3390/foods10030623

Zott, K., Thibon, C., Bely, M., Lonvaud-Funel, A., Dubourdieu, D., & Masneuf-Pomarede, I. (2011). The grape must non-Saccharomyces microbial community: Impact on volatile thiol release. *International Journal of Food Microbiology*, *151*(2), 210–215. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.08.026

Zwietering, M. H., Jongenburger, I., Rombouts, F. M., Van ' K., & Riet, T. (1990). Modeling of the Bacterial Growth Curve PUm. In *APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY*. https://journals.asm.org/journal/aem

VIII. Anexos

Nonlinear Curve Fit (SGompertz) (25/10/2025 15:14:57)

Notes

Description	Nonlinear Curve Fit
User Name	Usuario
Operation Time	25/10/2025 15:14:57
Iteration Algorithm	Levenberg Marquardt
Model	SGompertz
Number of Parameters	3
Number of Derived Parameters	0
Number of Datasets	1
Equation	y = a*exp(-exp(-k*(x-xc)))
Report Status	New Analysis Report
Special Input Handling	
Data Filter	No

Input Data

		Dep/Indep	Data	Range	Weight Type
TIEMPO	x	Indep	[Book1]Sheet1!A"TIEMPO"	[1:201]	No Weighting
D.O.	y	Dep	[Book1]Sheet1!B"D.O."	[1:201]	No Weighting

Parameters

		Value	Standard Error	t-Value	Prob>|t|	Dependency
D.O.	a	1.57379	0.00427	368.79224	6.81521E-283	0.19752
	xc	3.9291	0.06168	63.70529	7.21548E-134	0.13972
	k	0.30883	0.00742	41.63562	6.95048E-100	0.23328

Reduced Chi-sqr = 0.00247451281539
COD(R^2) = 0.98184726976282
Iterations Performed = 10
Total Iterations in Session = 10
Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.
Standard Error was scaled with square root of reduced Chi-Sqr.

Statistics

	D.O.
Number of Points	201
Degrees of Freedom	198
Reduced Chi-Sqr	0.00247
Residual Sum of Squares	0.48995
R-Square (COD)	0.98185
Adj. R-Square	0.98166
Fit Status	Succeeded(100)

Fit Status Code :
100 : Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.

Summary

	a		xc		k		Statistics	
	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Reduced Chi-Sqr	Adj. R-Square
D.O.	1.57379	0.00427	3.9291	0.06168	0.30883	0.00742	0.00247	0.98166

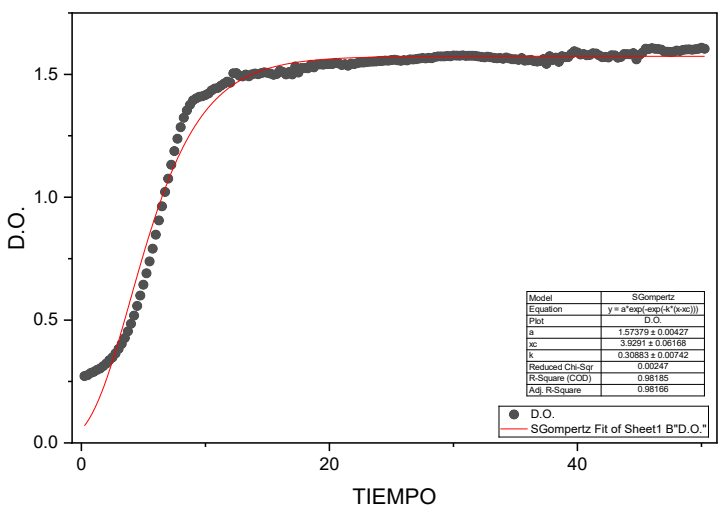
ANOVA

		DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
D.O.	Regression	3	419.3932	139.79773	56495.0527	<0.0001
	Residual	198	0.48995	0.00247		
	Uncorrected Total	201	419.88315			
	Corrected Total	200	26.99063			

D.O.: At the 0.05 level, the fitting function is significantly better than the function y=0.

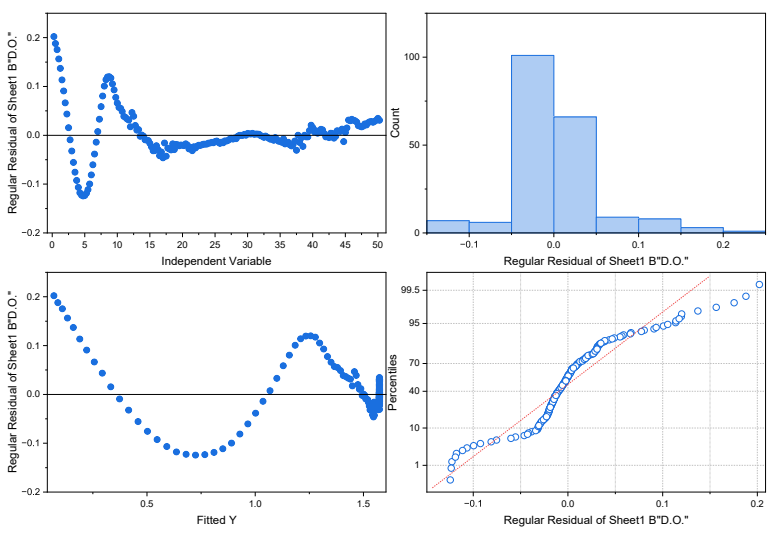
Fitted Curves Plot

D.O.



Residual Plots

D.O.



Nonlinear Curve Fit (SGompertz) (12/10/2025 21:24:2

Notes

Description	Nonlinear Curve Fit
User Name	Usuario
Operation Time	12/10/2025 21:24:29
Iteration Algorithm	Levenberg Marquardt
Model	SGompertz
Number of Parameters	3
Number of Derived Parameters	0
Number of Datasets	1
Equation	y = a*exp(-exp(-k*(x-xc)))
Report Status	New Analysis Report
Special Input Handling	
Data Filter	No

Input Data

		Dep/Indep	Data	Range	Weight Type
Tiempo	x	Indep	[Book1]Sheet1!A"Tiempo"	[1:201]	No Weighting
D.O.	y	Dep	[Book1]Sheet1!B"D.O."	[1:201]	No Weighting

Parameters

		Value	Standard Error	t-Value	Prob>|t|	Dependency
D.O.	a	1.54026	0.00481	320.2556	8.88338E-271	0.22241
	xc	6.49264	0.06893	94.18793	2.12491E-166	0.13138
	k	0.29028	0.0073	39.74039	2.64243E-96	0.23492

Reduced Chi-sqr = 0.00284228499916
COD(R^2) = 0.98600294203948
Iterations Performed = 14
Total Iterations in Session = 14
Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.
Standard Error was scaled with square root of reduced Chi-Sqr.

Statistics

	D.O.
Number of Points	201
Degrees of Freedom	198
Reduced Chi-Sqr	0.00284
Residual Sum of Squares	0.56277
R-Square (COD)	0.986
Adj. R-Square	0.98586
Fit Status	Succeeded(100)

Fit Status Code :
100 : Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.

Summary

	a		xc		k		Statistics	
	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Reduced Chi-Sqr	Adj. R-Square
D.O.	1.54026	0.00481	6.49264	0.06893	0.29028	0.0073	0.00284	0.98586

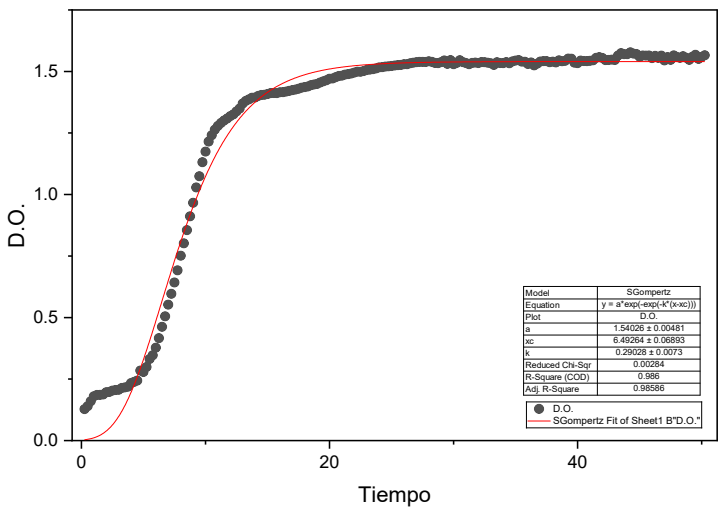
ANOVA

		DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
D.O.	Regression	3	374.8958	124.96527	43966.47978	<0.0001
	Residual	198	0.56277	0.00284		
	Uncorrected Total	201	375.45857			
	Corrected Total	200	40.20648			

D.O.: At the 0.05 level, the fitting function is significantly better than the function y=0.

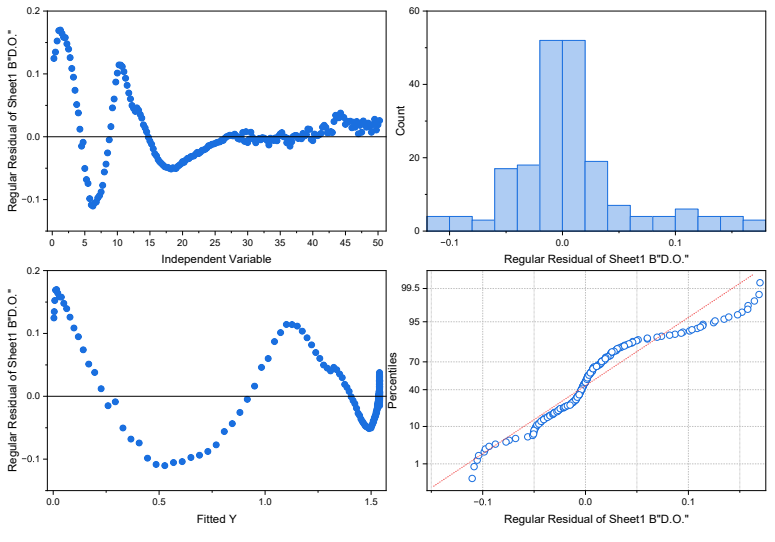
Fitted Curves Plot

D.O.



Residual Plots

D.O.



Nonlinear Curve Fit (SGompertz) (25/10/2025 15:26:54)

Notes

Description	Nonlinear Curve Fit
User Name	Usuario
Operation Time	25/10/2025 15:26:54
Iteration Algorithm	Levenberg Marquardt
Model	SGompertz
Number of Parameters	3
Number of Derived Parameters	0
Number of Datasets	1
Equation	y = a*exp(-exp(-k*(x-xc)))
Report Status	New Analysis Report
Special Input Handling	
Data Filter	No

Input Data

		Dep/Indep	Data	Range	Weight Type
TIEMPO	x	Indep	[Book1]Sheet1!A"TIEMPO"	[1:201]	No Weighting
D.O	y	Dep	[Book1]Sheet1!B"D.O"	[1:201]	No Weighting

Parameters

		Value	Standard Error	t-Value	Prob>|t|	Dependency
D.O	a	2.09788	0.0033	635.30182	0	0.16236
	xc	3.96405	0.03336	118.81276	5.05537E-186	0.12522
	k	0.36708	0.00556	65.96374	9.92457E-137	0.20022

Reduced Chi-sqr = 0.00156920904631
COD(R^2) = 0.99390642974476
Iterations Performed = 12
Total Iterations in Session = 12
Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.
Standard Error was scaled with square root of reduced Chi-Sqr.

Statistics

	D.O
Number of Points	201
Degrees of Freedom	198
Reduced Chi-Sqr	0.00157
Residual Sum of Squares	0.3107
R-Square (COD)	0.99391
Adj. R-Square	0.99384
Fit Status	Succeeded(100)

Fit Status Code :
100 : Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.

Summary

	a		xc		k		Statistics	
	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Reduced Chi-Sqr	Adj. R-Square
D.O	2.09788	0.0033	3.96405	0.03336	0.36708	0.00556	0.00157	0.99384

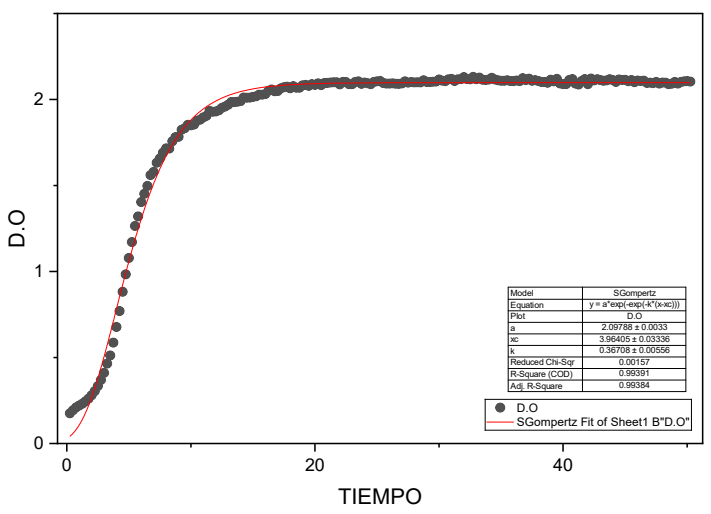
ANOVA

		DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
D.O	Regression	3	756.11166	252.03722	160614.17829	<0.0001
	Residual	198	0.3107	0.00157		
	Uncorrected Total	201	756.42237			
	Corrected Total	200	50.98873			

D.O: At the 0.05 level, the fitting function is significantly better than the function y=0.

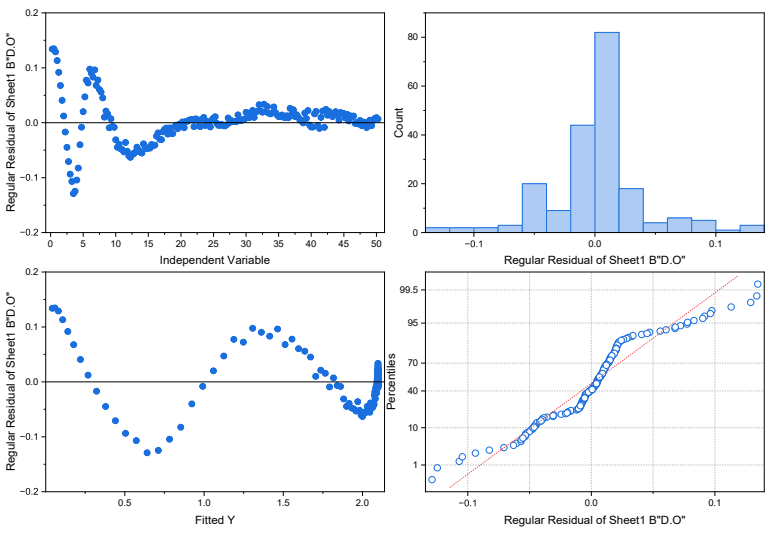
Fitted Curves Plot

D.O



Residual Plots

D.O



Nonlinear Curve Fit (SGompertz) (9/10/2025 05:25:12)

Notes

Description	Nonlinear Curve Fit
User Name	Usuario
Operation Time	9/10/2025 05:25:12
Iteration Algorithm	Levenberg Marquardt
Model	SGompertz
Number of Parameters	3
Number of Derived Parameters	0
Number of Datasets	1
Equation	y = a*exp(-exp(-k*(x-xc)))
Report Status	New Analysis Report
Special Input Handling	
Data Filter	No

Input Data

		Dep/Indep	Data	Range	Weight Type
TIEMPO	x	Indep	[Book1]Sheet1!A"TIEMPO"	[1:201]	No Weighting
D.O.	y	Dep	[Book1]Sheet1!B"D.O."	[1:201]	No Weighting

Parameters

		Value	Standard Error	t-Value	Prob>|t|	Dependency
D.O.	a	1.71677	0.0062	276.74598	3.00388E-258	0.21634
	xc	4.8412	0.0823	58.82082	2.37145E-127	0.13435
	k	0.28808	0.00861	33.44771	2.12379E-83	0.23592

Reduced Chi-sqr = 0.00496071175174
COD(R^2) = 0.97560564387862
Iterations Performed = 11
Total Iterations in Session = 11
Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.
Standard Error was scaled with square root of reduced Chi-Sqr.

Statistics

	D.O.
Number of Points	201
Degrees of Freedom	198
Reduced Chi-Sqr	0.00496
Residual Sum of Squares	0.98222
R-Square (COD)	0.97561
Adj. R-Square	0.97536
Fit Status	Succeeded(100)

Fit Status Code :
100 : Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.

Summary

	a		xc		k		Statistics	
	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Reduced Chi-Sqr	Adj. R-Square
D.O.	1.71677	0.0062	4.8412	0.0823	0.28808	0.00861	0.00496	0.97536

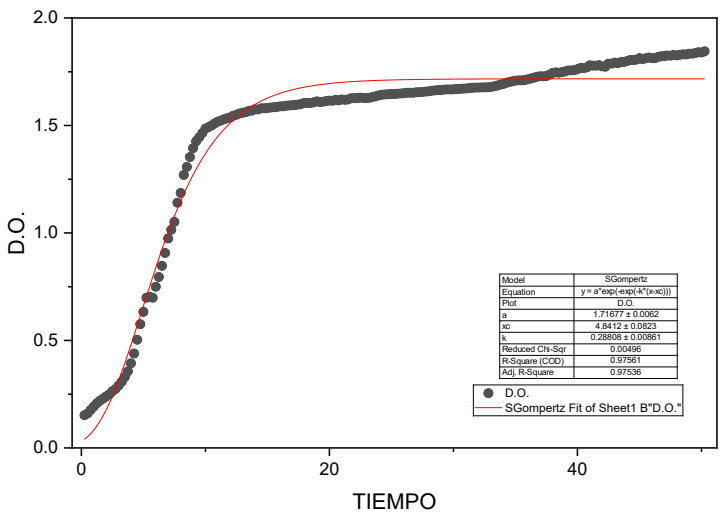
ANOVA

		DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
D.O.	Regression	3	484.81915	161.60638	32577.25704	<0.0001
	Residual	198	0.98222	0.00496		
	Uncorrected Total	201	485.80137			
	Corrected Total	200	40.26427			

D.O.: At the 0.05 level, the fitting function is significantly better than the function y=0.

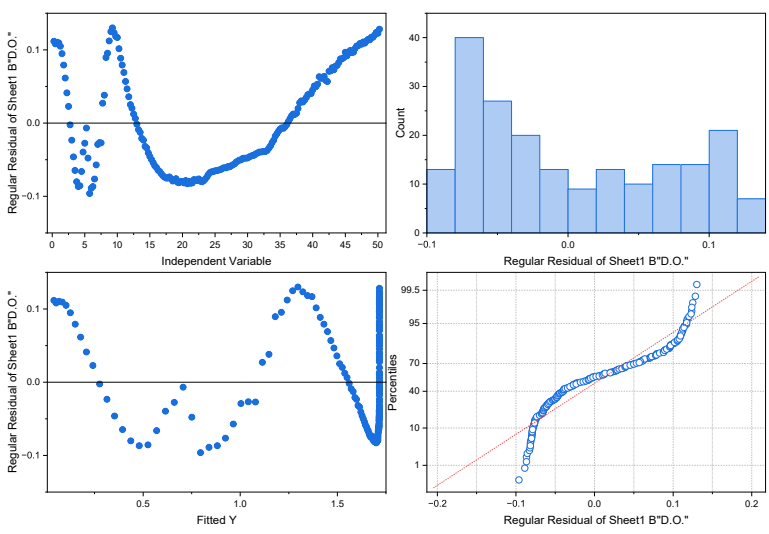
Fitted Curves Plot

D.O.



Residual Plots

D.O.



Nonlinear Curve Fit (SGompertz) (25/10/2025 16:45:10)

Notes

Description	Nonlinear Curve Fit
User Name	Usuario
Operation Time	25/10/2025 16:45:10
Iteration Algorithm	Levenberg Marquardt
Model	SGompertz
Number of Parameters	3
Number of Derived Parameters	0
Number of Datasets	1
Equation	y = a*exp(-exp(-k*(x-xc)))
Report Status	New Analysis Report
Special Input Handling	
Data Filter	No

Input Data

		Dep/Indep	Data	Range	Weight Type
TIEMPO	x	Indep	[Book1]Sheet1!A"TIEMPO"	[1:201]	No Weighting
D.O	y	Dep	[Book1]Sheet1!B"D.O"	[1:201]	No Weighting

Parameters

		Value	Standard Error	t-Value	Prob>|t|	Dependency
D.O	a	2.07476	0.01086	191.10597	1.57773E-226	0.54175
	xc	18.43143	0.09471	194.60573	4.42276E-228	0.2218
	k	0.17887	0.00434	41.21012	4.30912E-99	0.47112

Reduced Chi-sqr = 0.00537486791536
COD(R^2) = 0.99191535738628
Iterations Performed = 10
Total Iterations in Session = 10
Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.
Standard Error was scaled with square root of reduced Chi-Sqr.

Statistics

	D.O
Number of Points	201
Degrees of Freedom	198
Reduced Chi-Sqr	0.00537
Residual Sum of Squares	1.06422
R-Square (COD)	0.99192
Adj. R-Square	0.99183
Fit Status	Succeeded(100)

Fit Status Code :
100 : Fit converged. Chi-Sqr tolerance value of 1E-9 was reached.

Summary

	a		xc		k		Statistics	
	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Value	Standard Error	Reduced Chi-Sqr	Adj. R-Square
D.O	2.07476	0.01086	18.43143	0.09471	0.17887	0.00434	0.00537	0.99183

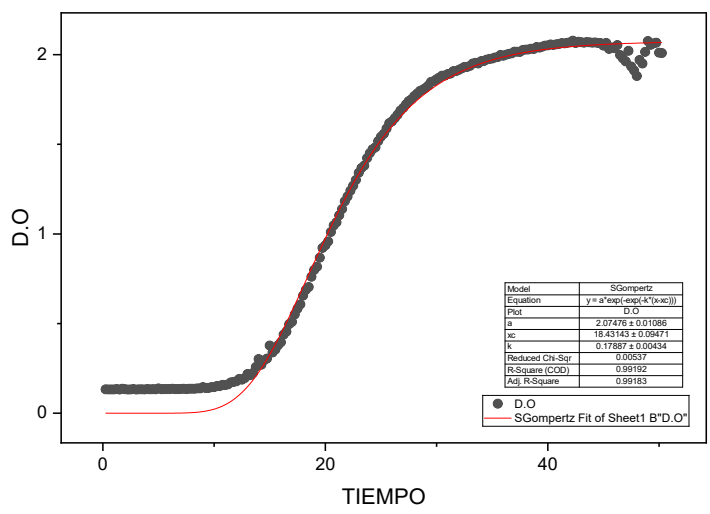
ANOVA

		DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
D.O	Regression	3	428.36849	142.7895	26566.14042	<0.0001
	Residual	198	1.06422	0.00537		
	Uncorrected Total	201	429.43271			
	Corrected Total	200	131.63524			

D.O: At the 0.05 level, the fitting function is significantly better than the function y=0.

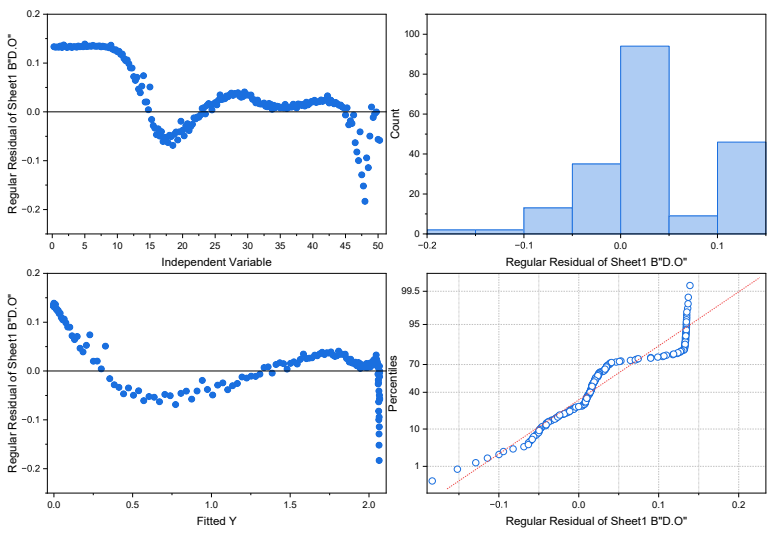
Fitted Curves Plot

D.O



Residual Plots

D.O



"UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA"

VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN

FORMATO DE AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL UNAM

Formulario de autorización para la publicación electrónica en la página web del Repositorio Institucional de la Universidad Nacional de Moquegua, de conformidad con la Ley N° 30035 Ley que regula el Repositorio Nacional Digital de Ciencia, Tecnología e Innovación de Acceso Abierto y Resolución de Comisión Organizadora N° 041-2022-UNAM que aprueba el Reglamento que regula el Repositorio Institucional Digital de la UNAM.

1. DATOS DEL AUTOR

Nombres y Apellidos : Ely Omar Mamani Quenta
DNI/Carnet de Extranjería/Pasaporte N° : 47506925
Correo electrónico : omarmamaniquenta@6mail.com
Teléfono/Celular : 990176223

2. GRADO, TITULO O ESPECIALIZACIÓN (Marque con una X)

Bachiller	Título Profesional	Magister	Doctor	Segunda Especialidad
	X			

3. TIPO DE PUBLICACIÓN (Marque con una X)

a) Articulo ( )
b) Tesis de pregrado (X)
c) Tesis de Maestría ( )
d) Tesis de Doctorado ( )
e) Monografía ( )
f) Reporte de caso científico o hallazgos ( )
g) Libro ( )
h) Parte de un libro ( )
i) Revisión ( )
j) Conferencia ( )
k) Presentación ( )
l) Artículo preliminar ( )
m) Articulo antes de ser publicado ( )
n) Artículo de prensa ( )
o) Documentos internos ( )
p) Imagen ( )
q) Documentos técnicos ( )
r) Ponencias presentadas en eventos científicos (Jornada, Congreso, Simposio Conferencias, etc.) ( )
s) Informes de suficiencia profesional ( )
t) Patentes producidas por académicos/as ( )

4. TIPO DE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN (Marque con una X)

a) Tesis (X)
b) Trabajo de Investigación ( )
c) Trabajo de suficiencia profesional ( )
d) Trabajo académico ( )

5. DATOS DE LA PUBLICACION

a) Título : Aislamiento, selección e identificación de levaduras autóctonas de la uva variedad Moscatel de Alejandría en tres altitudes diferentes de Moquegua : Caracterización molecular
b) Campo del conocimiento OCDE (Indicar el código de clasificación OCDE de la obra : https://catalogos.concytec.gob.pe/vocabulario/ocde_ford.html) : 3.1
c) Fecha de publicación : 16/12/25

6. DATOS DEL ASESOR:

a) Nombres y Apellidos : César Augusto Napa Almeyde.
b) DNI/Pasaporte/Cédula : 40913768
c) ORCID : 0000-0001-8663-3092.

FIRMA :

DOCUMENTO DE IDENTIDAD : 47506925
NOMBRES Y APELLIDOS : Ely Omar Mamani Quenta

"UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA"

VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN

LICENCIAS

Licencia Estándar

Bajo los siguientes términos, autorizo el depósito de mi trabajo de investigación en el Repositorio Institucional Digital de la UNAM.

Con la autorización de depósito da mi trabajo de investigación, otorgo a la Universidad Nacional de Moquegua, una Licencia No Exclusiva para reproducir. distribuir, comunicar al público, transformar (únicamente mediante su traducción a otros idiomas) y poner a disposición del público mi trabajo de investigación (incluido el resumen), en formato físico o digital, en cualquier medio, conocido o por conocerse, a través de los diversos servicios provistos por la Universidad, creados o por crearse, tales como el Repositorio Institucional Digital de la UNAM, Colección de Tesis, entre otros, en el Perú y en el extranjero, por el tiempo y veces que considere necesarias, y libre de remuneraciones.

En virtud de dicha Licencia, la UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA, podrá reproducir mi trabajo de investigación en cualquier tipo de soporte y en más de un ejemplar, sin modificar su contenido, solo con los propósitos de seguridad, respaldo y preservación.

Declaro que el trabajo de investigación es una creación de mi autoría y exclusiva titularidad, o coautoría con titularidad compartida, y me encuentro facultado a conceder la presente licencia y, asimismo, garantizo que dicho trabajo de investigación no infringe derechos de autor de terceras personas.

La UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA consignara el nombre del/los autor/es del trabajo de investigación, y no le hará ninguna modificación más de la permitida en la presente licencia.

Autorizo el depósito (marque con una X).

(X) **SI autorizo que se deposite inmediatamente.**

FIRMA : .....

DOCUMENTO DE IDENTIDAD : 47506925

NOMBRES Y APELLIDOS : Ely Omar Mamani Qenta

FECHA : 26/01/26



DECLARACIÓN JURADA DE ORIGINALIDAD DE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN / TESIS / TRABAJO DE SUFICIENCIA PROFESIONAL

Yo, Ely Omar Mamani Quenta,
bachiller de la Escuela Profesional de: Ingenieria Agroindustrial,
de la Universidad Nacional de Moquegua, identificado(a) con DNI Nº. 47506925, autor(a) del Trabajo de Investigación / Tesis / Trabajo de suficiencia profesional, denominado:
Aislamiento, selección e identificación de levaduras autóctonas de la uva Variedad Moscatel de Alejandria en tres altitudes diferentes de Moquegua: Caracterización Molecular

Declaro bajo juramento que:

1. El trabajo de investigación es auténtico, siendo resultado de mi trabajo personal, que no se ha copiado, que no se ha utilizado ideas, formulaciones, citas integrales e ilustraciones diversas, sacadas de cualquier tesis, obra, artículo, memoria, etc., (en versión digital o impresa), sin mencionar de forma clara y exacta su origen o autor, tanto en el cuerpo del texto, figuras, cuadros, tablas u otros que tengan derechos de autor. Por tanto, el trabajo de investigación no ha sido plagiado total ni parcialmente.
2. El trabajo de investigación no ha sido autoplagiada, es decir, no ha sido publicada ni presentada anteriormente para obtener algún grado académico previo o título profesional.
3. Los datos presentados en los resultados son reales, no han sido falseados, ni duplicados, ni copiados y por tanto los resultados que se presentan en el trabajo de investigación constituirán aporte a la realidad investigada.

Soy consciente de que, el hecho de no respetar los derechos de autor y hacer plagio, es objeto de sanciones universitarias y/o legales, por lo que asumo cualquier responsabilidad que pudiera derivarse de irregularidades en el trabajo de investigación, así como de los derechos sobre la obra presentada.

Moquegua, 26 de Enero 2026



Huella digital

Nombres y Apellidos: ELY Omar Mamani Quenta
DNI: 47506925

OMAR MAMANI Q

INFORME DE ORIGINALIDAD

16%	15%	6%	3%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	hdl.handle.net Fuente de Internet	3%
2	repositorio.lamolina.edu.pe Fuente de Internet	2%
3	buleria.unileon.es Fuente de Internet	1%
4	repositorio.unam.edu.pe Fuente de Internet	1%
5	uvadoc.uva.es Fuente de Internet	<1%
6	repositorio.uncp.edu.pe Fuente de Internet	<1%
7	unam.edu.pe Fuente de Internet	<1%
8	sedici.unlp.edu.ar Fuente de Internet	<1%
9	ouci.dntb.gov.ua Fuente de Internet	<1%
10	Submitted to ITESM: Instituto Tecnologico y de Estudios Superiores de Monterrey Trabajo del estudiante	<1%
11	bdigital.unal.edu.co Fuente de Internet	<1%
12	iris.univr.it Fuente de Internet	<1%
13	roderic.uv.es Fuente de Internet	<1%
14	www.coursehero.com Fuente de Internet	<1%
15	helvia.uco.es	

	Fuente de Internet	<1 %
16	Yiwei Zhang, Xiaoyue Xiong, Yuanlin Li, Yongguang Huang. "Aromatic composition and sensory characteristics of passion fruit wine fermented by different indigenous non-Saccharomyces yeast strains", Food Bioscience, 2025 Publicación	<1 %
17	repositorio.ucv.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
18	repositorio.continental.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
19	www.mapa.gob.es Fuente de Internet	<1 %
20	es.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
21	tesisenred.net Fuente de Internet	<1 %
22	docslib.org Fuente de Internet	<1 %
23	ozone.unep.org Fuente de Internet	<1 %
24	pmcarbono.org Fuente de Internet	<1 %
25	ruidera.uclm.es Fuente de Internet	<1 %
26	rdi.uncoma.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
27	www.sech.info Fuente de Internet	<1 %
28	digital.csic.es Fuente de Internet	<1 %
29	investigacion.unirioja.es Fuente de Internet	<1 %
30	www.acenologia.com Fuente de Internet	<1 %

31	Juan Carlos Palma, Johana Fabián-Campos, Jacqueline Jannet Dioses-Morales, Amelia Devorah Arias-Durand et al. "Pisco, an Appellation of Origin from Peru: A review", Heliyon, 2025 Publicación	<1 %
32	Kelly J. Knudson. "Utility of multiple chemical techniques in archaeological residential mobility studies: Case studies from Tiwanaku- and Chiribaya-affiliated sites in the Andes", American Journal of Physical Anthropology, 01/2007 Publicación	<1 %
33	doczz.net Fuente de Internet	<1 %
34	livrosdeamor.com.br Fuente de Internet	<1 %
35	repositorio.unal.edu.co Fuente de Internet	<1 %
36	ciad.repositorioinstitucional.mx Fuente de Internet	<1 %
37	digitum.um.es Fuente de Internet	<1 %
38	docslide.us Fuente de Internet	<1 %
39	Garcés Claver, Ana. "Estudio de los componentes del carácter picante en el pimiento (Capsicum spp.): técnicas de evaluación, análisis genético y molecular", Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (Spain), 2023 Publicación	<1 %
40	bibliotecadigital.exactas.uba.ar Fuente de Internet	<1 %
41	noticiasdelaciencia.com Fuente de Internet	<1 %
42	pidcb.umich.mx Fuente de Internet	<1 %

43	digital.cic.gba.gob.ar Fuente de Internet	<1 %
44	fcai.uncuyo.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
45	nportal0.urv.cat:18080 Fuente de Internet	<1 %
46	pdffox.com Fuente de Internet	<1 %
47	umfcluj.ro Fuente de Internet	<1 %
48	vdocuments.es Fuente de Internet	<1 %
49	www.colibri.udelar.edu.uy Fuente de Internet	<1 %
50	www.galenored.com Fuente de Internet	<1 %
51	www.researchgate.net Fuente de Internet	<1 %
52	Pintado, Cristina Jose Miguel. "Utilizacion de Atmosferas Modificadas en el Almacenamiento Frigorifico de UVA de Mesa", Universidade de Evora (Portugal), 2020 Publicación	<1 %
53	Submitted to Universidad Rey Juan Carlos Trabajo del estudiante	<1 %
54	cora.ucc.ie Fuente de Internet	<1 %
55	doczz.es Fuente de Internet	<1 %
56	eprints.uanl.mx Fuente de Internet	<1 %
57	nuxeo.u-bourgogne.fr Fuente de Internet	<1 %
58	repositorio.chapingo.edu.mx Fuente de Internet	<1 %
59	todoelcampo.com.uy Fuente de Internet	

		<1 %
60	www.scielo.org.co Fuente de Internet	<1 %
61	Irene Castellan, Claire Duménil, Guillermo Rehermann, Daniela Eisenstecken et al. "Chemical and Electrophysiological Characterisation of Headspace Volatiles from Yeasts Attractive to Drosophila suzukii", Journal of Chemical Ecology, 2024 Publicación	<1 %
62	Huanatico Suarez, Elizabeth. "Desarrollo y validación de un micro-dispositivo analítico ecológico de pH basado en una matriz de antocianinas de Mashua (Tropaeolum tuberosum)", Universidad Nacional del Altiplano de Puno (Peru) Publicación	<1 %
63	iris.unito.it Fuente de Internet	<1 %
64	vdocumento.com Fuente de Internet	<1 %
65	María Elena Vanacloig Pedrós. "Estrategias de defensa a estrés químico en Saccharomyces cerevisiae: regulación genética del transporte multidroga y mecanismos de detoxificación.", Universitat Politecnica de Valencia, 2018 Publicación	<1 %
66	hal.inrae.fr Fuente de Internet	<1 %
67	Submitted to uncedu Trabajo del estudiante	<1 %
68	worldwidescience.org Fuente de Internet	<1 %
69	www.iris.unict.it Fuente de Internet	<1 %
70	Kerri A. Neugebauer, Jacquelyn A. Perkins, Roger Sysak, Rufus Isaacs, Timothy D. Miles. "Reducing cluster rots in Michigan wine	<1 %

grapes using combined pathogen and vinegar fly control", Crop Protection, 2023
Publicación

71	Submitted to Universidad Católica de Santa María Trabajo del estudiante	<1 %
72	theses.hal.science Fuente de Internet	<1 %
73	www.biotechnologyjournal.usamv.ro Fuente de Internet	<1 %
74	www.spell.org.br Fuente de Internet	<1 %
75	escholarship.org Fuente de Internet	<1 %
76	ri.conicet.gov.ar Fuente de Internet	<1 %
77	rmf.smf.org.mx Fuente de Internet	<1 %
78	www.geoenciclopedia.com Fuente de Internet	<1 %
79	wwwtest.montana.edu Fuente de Internet	<1 %
80	Coleman-Derr, Devin, Damaris Desgarennes, Citlali Fonseca-Garcia, Stephen Gross, Scott Clingenpeel, Tanja Woyke, Gretchen North, Axel Visel, Laila P. Partida-Martinez, and Susannah G. Tringe. "Plant compartment and biogeography affect microbiome composition in cultivated and native Agave species", New Phytologist, 2015. Publicación	<1 %
81	Nunzio Alberto Fazio, Alessandra Pino, Paola Foti, Braulio Esteve-Zarzoso et al. "Screening and characterization of indigenous Saccharomyces cerevisiae and non-Saccharomyces yeasts isolated from Sicilian vineyards", Food Bioscience, 2024 Publicación	<1 %

cenamet.org.ar

82	Fuente de Internet	<1 %
83	doi.org Fuente de Internet	<1 %
84	fdocument.org Fuente de Internet	<1 %
85	hemeroteca.unad.edu.co Fuente de Internet	<1 %
86	meteosierra.com Fuente de Internet	<1 %
87	repositorio.uchile.cl Fuente de Internet	<1 %
88	www.frc.utn.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
89	www.frontiersin.org Fuente de Internet	<1 %
90	www.jove.com Fuente de Internet	<1 %
91	www2.mdpi.com Fuente de Internet	<1 %
92	"Respuesta temprana en la microbiología funcional y propiedades del suelo posterior a la implementación de un sistema de manejo de agricultura regenerativa", Pontificia Universidad Catolica de Chile, 2022 Publicación	<1 %
93	Gabriela Gastélum, Jorge Rocha. "La milpa como modelo para el estudio de la microbiodiversidad e interacciones planta-bacteria", TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas, 2020 Publicación	<1 %
94	VEGA IRANZO GONZALEZ-CRUZ. "Análisis molecular y de marcadores pronóstico en sangre periférica en pacientes con cáncer no microcítico de pulmón en estadio localmente avanzado", Universitat Politecnica de Valencia, 2013 Publicación	<1 %

95	core.ac.uk Fuente de Internet	<1 %
96	dialnet.unirioja.es Fuente de Internet	<1 %
97	docplayer.es Fuente de Internet	<1 %
98	dspace.umh.es Fuente de Internet	<1 %
99	ediunc.bdigital.uncu.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
100	gredos.usal.es Fuente de Internet	<1 %
101	mastozoologiamexicana.com Fuente de Internet	<1 %
102	openaccess.uoc.edu Fuente de Internet	<1 %
103	www.desde-abajo.org Fuente de Internet	<1 %
104	www.infowine.com Fuente de Internet	<1 %
105	www.mincotur.gob.es Fuente de Internet	<1 %
106	www.webpacientes.org Fuente de Internet	<1 %
107	FERNANDO VIANA GARRIDO. "Levaduras no-Saccharomyces para modular el aroma secundario de los vinos: incremento del acetato de 2-feniletilo mediante cultivos iniciadores mixtos", 'Universitat Politecnica de Valencia', 2015 Fuente de Internet	<1 %
108	JOSEFA ORTIZ SERRANO. "Influencia de la adición de glicosidasas sobre el potencial aromático del tomate (Solanum lycopersicum L.)", Universitat Politecnica de Valencia, 2008 Publicación	<1 %

109	Ruteng Wei, Yinting Ding, Feifei Gao, Liang Zhang, Lin Wang, Hua Li, Hua Wang. "Community succession of the grape epidermis microbes of cabernet sauvignon (Vitis vinifera L.) from different regions in China during fruit development", International Journal of Food Microbiology, 2021 Publicación	<1 %
110	Wagner Abuchaibe, Carolina Mercedes. "Aislamiento y Caracterizacion Molecular de Amebas de Vida Libre en Venezuela", Universidad de La Laguna (Canary Islands, Spain), 2022 Publicación	<1 %
111	dspace.unitru.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
112	elcomercio.pe Fuente de Internet	<1 %
113	fdocuments.mx Fuente de Internet	<1 %
114	flore.unifi.it Fuente de Internet	<1 %
115	futur.upc.edu Fuente de Internet	<1 %
116	inba.info Fuente de Internet	<1 %
117	patents.google.com Fuente de Internet	<1 %
118	pcient.uner.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
119	repositorio.udec.cl Fuente de Internet	<1 %
120	repositorio.ug.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
121	ri-ng.uaq.mx Fuente de Internet	<1 %
	rodin.uca.es	

122	Fuente de Internet	<1 %
123	scholar.sun.ac.za Fuente de Internet	<1 %
124	sired.udenar.edu.co Fuente de Internet	<1 %
125	www.biorxiv.org Fuente de Internet	<1 %
126	www.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
127	www.slideshare.net Fuente de Internet	<1 %
128	www.veracruzenred.com Fuente de Internet	<1 %
129	zaguan.unizar.es Fuente de Internet	<1 %
130	"Yeasts in the Production of Wine", Springer Science and Business Media LLC, 2019 Publicación	<1 %
131	Guadalupe Medina, Victor Gabriel. "Comparacion De La Produccion De Compuestos Aromaticos Por Cepas De Levaduras Vinicas Comerciales", Pontificia Universidad Catolica de Chile (Chile), 2021 Publicación	<1 %
132	M. Perez. "ACTIVIDAD PREBIOTICA Y PROBIOTICA DE UN HIDROLIZADO ENZIMATICO DE CREMA DE DESTILERIA EN POLLOS DE CEBA PREBIOTIC AND PROBIOTIC ACTIVITY OF AN ENZYMATIC HYDROLYSED OF ALCOHOL DISTILLERY CREAM IN BROILERS ACTIVIDADE PREBIOTICA E PROBIOTICA DUN HIDROLIZADO ENZIMATICO DE CREMA DE DESTILERIA EN POLOS DE CEBA", CyTA - Journal of Food, 12/01/2005 Publicación	<1 %
133	Rossana Sidari, Katarína Ženišová, Blanka Tobolková, Elena Belajová et al. "Wine Yeasts	<1 %

Selection: Laboratory Characterization and Protocol Review", Microorganisms, 2021
Publicación

134	idus.us.es Fuente de Internet	<1 %
135	"Proceedings of the 4th Biotechnology World Symposium", Mexican Journal of Biotechnology, 2024 Publicación	<1 %
136	BEATRIZ AURELIA ESTABLÉS ORTIZ. "Estudio transcriptómico de los mecanismos implicados en la tolerancia inducida por el curado al daño de frío y por el etileno al colapso de la corteza en los frutos cítricos.", Universitat Politecnica de Valencia, 2008 Publicación	<1 %
137	Caceres Bustinza, Lycet Maria. "Evaluación del efecto de residuos de ciprofloxacino en agua potable destinada al proceso de elaboración de queso", Universidad Nacional del Altiplano de Puno (Peru) Publicación	<1 %
138	Costanza Geppert, Mariana da Cruz, Alberto Alma, Lucia Andretta et al. "Climate and landscape composition explain agronomic practices, pesticide use and grape yield in vineyards across Italy", Agricultural Systems, 2024 Publicación	<1 %
139	Bernardo Arriaza, Siân Halcrow, Arnoldo Vizcarra, Sebastián Gutiérrez, Juan Pablo Ogalde, Vivien Standen, Mariela Santos. "The potential hazards of smoking pots: Quantification of the black paint on the ceramics in the Atacama Desert", Journal of Archaeological Science: Reports, 2025 Publicación	<1 %

Excluir citas	Activo	Excluir coincidencias	Apagado
Excluir bibliografía	Activo		

Universidad Nacional de Moquegua

RESOLUCIÓN DE CONSEJO UNIVERSITARIO
N° 058-2026-CU

Moquegua, 05 de febrero de 2026

VISTOS:

El Proveído N° 394-2026-R de fecha 03 de febrero de 2026 emitido por el Rectorado, Informe N° D0046-2026-UNAM-R-SG de fecha 02 de febrero de 2026 emitido por el Secretario General, Informe Técnico N° D0008-2026-SEGE-GT de Grados y Títulos, el Acuerdo del Pleno del Consejo Universitario de Sesión Ordinaria N° 02-2026-SO-CU-UNAM, de fecha 04 de febrero de de 2026, y;

CONSIDERANDO:

Que, conforme al 4to párrafo del artículo 18, de la Constitución Política del Perú, dispone que cada Universidad es autónoma en su régimen normativo, de gobierno, académico, administrativo y económico. Y el artículo 8° de la Ley N° 30220-Ley Universitaria, establece que la referida autonomía inherente a las Universidades, se ejerce de conformidad con la Constitución y demás normativa aplicable. Concordante con el artículo 1, de la Ley N° 31520, Ley que restablece la autonomía y la institucionalidad de las universidades peruanas, así como la Ley N° 32141, Ley que modifica la Ley N° 30220-Ley Universitaria, a fin de fortalecer la institucionalidad de las Universidades Públicas licenciadas;

Que, el Artículo 58, de la Ley N° 30220-Ley Universitaria, establece que el Consejo Universitario es el máximo órgano de gestión, dirección y ejecución académica y administrativa de la Universidad. Concordante con el artículo 18° del Estatuto de la Universidad Nacional de Moquegua, aprobado bajo Resolución de Asamblea Universitaria N° 015-2025-AU-UNAM;

Que, el artículo 59 de la Ley Universitaria-Ley N° 30220, establece las atribuciones del Consejo Universitario, y específicamente el numeral 59.9, establece; Conferir los grados académicos y los títulos profesionales aprobados por las Facultades y Escuela de Posgrado, así como otorgar distinciones honoríficas y reconocer y revalidar los estudios, grados y títulos de universidades extranjeras, cuando la universidad está autorizada por la Superintendencia Nacional de Educación Superior Universitaria. Concordante con el numeral 14, del artículo 20° del Estatuto de la Universidad Nacional de Moquegua;

Que, el Sr. Rector es el personero y representante legal de la Universidad Nacional de Moquegua, conforme a lo dispuesto por la Ley Nº 30220-Ley Universitaria, tiene a su cargo la Dirección, Conducción y Gestión del Gobierno Universitario en todos sus ámbitos, concordante con el artículo 24° y numeral 2 del artículo 26° del Estatuto de la Universidad Nacional de Moquegua;

Que, mediante Informe Técnico N° D0008-2026-SEGE-GT de fecha 02 de febrero de 2026, e Informe N° D0046-2026-UNAM-R-SG de fecha 02 de febrero de 2026, el Secretario General de la UNAM, remite al Rectorado los expedientes para el trámite de Título Profesional de Ingeniero Agroindustrial a los Bachilleres: QUISPE YUCRA KATHERIN THALIA, MAMANI QUENTA ELY OMAR y ALVAREZ MAMANI JENNIFER DANIELA de la Escuela Profesional de Ingeniería Agroindustrial, quienes se encuentran aptos para la expedición del Título Profesional de Ingeniero Agroindustrial, al haber cumplido satisfactoriamente con los requisitos legales y reglamentarios, exigidos en el Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad Nacional de Moquegua, conforme lo señala la Dirección de Actividades y Servicios Académicos y la Dirección de la Escuela Profesional de Ingeniería Agroindustrial, razón por la cual, el señor Secretario General incluye dichos expedientes como punto de agenda para ser tratado en Sesión Ordinaria de Consejo Universitario de fecha 04 de febrero de 2026;

Que, el artículo 44° de la Ley N° 30220, Ley Universitaria señala que las universidades otorgan los grados académicos de Bachiller, Maestro, Doctor y los Títulos Profesionales que correspondan, a nombre de la Nación (...). Asimismo, la Ley N° 31803, modifica el artículo en mención adicionando; La Superintendencia Nacional de Educación Superior Universitaria (SUNEDU) determina los criterios, así como establece y supervisa el procedimiento administrativo para el reconocimiento de grados y títulos otorgados en el extranjero, en el marco de la normativa vigente;

Que, el numeral 45.2 del artículo 45° de la Ley Nº 30220, Ley Universitaria, precisa los requisitos mínimos para la obtención del título profesional, como son: el grado de Bachiller y la aprobación de una tesis o trabajo de suficiencia profesional. Asimismo, establece que el título profesional solo se puede obtener en la universidad en la cual se haya obtenido el grado de bachiller;

Que, mediante Resolución de Comisión Organizadora N° 1153-2021-UNAM, se aprobó el Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad Nacional de Moquegua, el mismo que fue modificado a través de las Resoluciones de Comisión Organizadora N° 410; 453 y 890-2022, N° 880-2023-UNAM y N° 081, 484-2024-UNAM el cual establece los requisitos y norma los procedimientos para la obtención de los grados académicos y títulos profesionales conferidos por esta Casa Superior de Estudios;

Domicilio Legal: Prolongación Av., Ancash S/N - Moquegua
RUC: 20449347448 - Teléfono: (053) 670168
Página Web: www.unam.edu.pe

RESOLUCIÓN DE CONSEJO UNIVERSITARIO
N° 058-2026-CU

Moquegua, 05 de febrero de 2026

Que, bajo el amparo de los considerandos precedentes, el Pleno del Consejo Universitario en Sesión Ordinaria N° 02-2026-SO-CU-UNAM, de fecha 04 de febrero de 2026, emitió, el siguiente, Acuerdo, POR UNANIMIDAD: CONFERIR, a nombre de la Nación el Título Profesional de Ingeniero Agroindustrial por la modalidad de sustentación de tesis a los Bachilleres: QUISPE YUCRA KATHERIN THALIA, MAMANI QUENTA ELY OMAR y ALVAREZ MAMANI JENNIFER DANIELA, de la Escuela Profesional de Ingeniería Agroindustrial, de la Facultad de Ingeniería y Arquitectura de la Universidad Nacional de Moquegua;

Que, mediante la Resolución Rectoral Nº 048-2026-R-UNAM de fecha 30 de enero de 2026, se resolvió ENCARGAR, al Dr. Alejandro Manuel Ecos Espino, en su calidad de Vicerrector Académico el Despacho de Rectorado de la Universidad Nacional de Moquegua, para que ejerza las funciones correspondientes en ausencia del Rector, durante los días 02 al 11 de febrero de 2026, por tanto, en aplicación de lo dispuesto por el numeral 5 del artículo 30 del Estatuto de la Universidad Nacional de Moquegua, y conforme a los considerandos del referido acto administrativo, el señor Vicerrector Académico asume el cargo, con todas las prerrogativas de la autoridad;

En uso de las facultades y atribuciones conferidas por el Art. 18, de la Constitución Política del Perú, la Ley N° 30220 Ley Universitaria, el Estatuto de la Universidad Nacional de Moquegua, y a lo acordado por el pleno del Consejo Universitario:

SE RESUELVE:

ARTÍCULO 1°: CONFERIR, A NOMBRE DE LA NACIÓN a los Bachilleres

- **QUISPE YUCRA KATHERIN THALIA**
  TESIS : "ESTUDIO DEL IMPACTO DE SOLVENTES ALTERNATIVOS EN LA RECUPERACIÓN DE POLIFENOLES CON EFECTOS INHIBIDORES DE ENZIMAS RELACIONADAS CON LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 A PARTIR DE SEMILLAS DE TUNA ROJA", cuyo asesor principal fue el Dr. Elias Escobedo Pacheco, y el Co - asesor fue el Dr. Nils Leander Huamán Castilla.
- **MAMANI QUENTA ELY OMAR**
  TESIS : "AISLAMIENTO, SELECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS AUTOCTONAS DE LA UVA VARIEDAD MOSCATEL DE ALEJANDRIA EN TRES ALTITUDES DIFERENTES DE MOQUEGUA: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR", cuyo asesor principal fue el Dr. César Augusto Napa Almeyda, y el Co - asesor fue el Ing. Raquel Allison Choquehuanca Pineda.
- **ALVAREZ MAMANI JENNIFER DANIELA**
  TESIS : "DESARROLLO DE GALLETAS CON REDUCCIÓN DE AZÚCAR E INCORPORACIÓN DE HARINA DE QUINUA: UN ENFOQUE INSTRUMENTAL Y SENSORIAL", cuyo asesor principal fue el Dr. Erick Manuel Saldaña Villa, y el Co - asesor fue la MSc. Karina Erika Eduardo Palomino.

El **TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERO AGROINDUSTRIAL.**

Por la modalidad de SUSTENTACIÓN DE TESIS, de la Escuela Profesional de Ingeniería Agroindustrial, de la Facultad de Ingeniería y Arquitectura de la Universidad Nacional de Moquegua.

ARTÍCULO 2°: ENCARGAR, al Secretario General a través de quien corresponda, para que realice las acciones pertinentes relacionadas con la inscripción correspondiente en el Registro de Grados y Títulos de la Superintendencia Nacional de Educación Superior Universitaria - SUNEDU.

ARTÍCULO 3°: DISPONER, el cumplimiento de la presente Resolución a todas las dependencias de la Universidad Nacional de Moquegua.

ARTÍCULO 4°: DISPONER la publicación de la presente resolución en el Portal Institucional de la Universidad Nacional de Moquegua www.unam.edu.pe

REGÍSTRESE, PUBLÍQUESE Y CÚMPLASE;

UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA SECRETARIA GENERAL

ABG. EDGAR PINTO HUANCA VILCA
SECRETARIO GENERAL

UNIVERSIDAD NACIONAL DE MOQUEGUA CONSEJO UNIVERSITARIO

DR. ALEJANDRO MANUEL ECOS ESPINO
RECTOR (e)
PRESIDENTE DEL CONSEJO UNIVERSITARIO

DISTRIBUCION. VRA VRI FACS EPGPDS GyT OGSA OTI Interesado c.c. Arch.

Domicilio Legal: Prolongación Av., Ancash S/N - Moquegua
RUC: 20449347448 - Teléfono: (053) 670168
Página Web: www.unam.edu.pe