



Modelado matemático de la producción de biomasa de levadura enológica nativa

Cristina Davies^{*1}, Carina Soldá¹, Gisela Goñi¹, Mónica Villalba¹, Liliana Gerard¹,
María Dalzotto^{1,2}, María Corrado¹

1. Laboratorio de Microbiología y Biotecnología de Alimentos (MIBIAL), Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos; Mons. Tavella 1450, Concordia, Entre Ríos, Argentina.
2. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

*E-mail: cristina.davies@uner.edu.ar

PALABRAS CLAVES

Propagación celular
Saccharomyces cerevisiae
nativa
Modelización.

RESUMEN

Ante el resurgimiento de la vitivinicultura entrerriana, este equipo de investigación aisló, seleccionó e identificó levaduras nativas para su uso como cultivos iniciadores. Con el objeto de determinar las condiciones nutricionales adecuadas para su propagación, se evaluaron diferentes formulaciones de sustratos con melaza de caña diluida como medio base, comparando dos fuentes de nitrógeno: extracto de levadura y sulfato de amonio suplementado con sales de Mg y K. Los ensayos se realizaron por duplicado, con *Saccharomyces cerevisiae* cepa OQ520880.1 (incorporada al Genbank), en biorreactor de 2 L. El crecimiento microbiano se monitoreó mediante recuento celular y los parámetros de crecimiento se calcularon ajustando los datos experimentales al modelo cinético de Gompertz modificado, mediante el software *Statgraphics Centurion XV Corporate*. Los criterios estadísticos de bondad de ajuste indicaron que este modelo resultó adecuado para la descripción de los datos. El análisis de varianza ($p < 0,05$) mostró que la fase lag y la velocidad específica máxima de crecimiento no difieren entre sustratos, pero sí la biomasa final y el crecimiento neto. Por lo tanto, el sustrato con sulfato de amonio y sales de K y Mg se consideró el más apropiado para la propagación de *S. cerevisiae* OQ520880.1.

Mathematical modeling of biomass production for a native enological yeast

KEYWORDS

Cell mass propagation
Indigenous *Saccharomyces cerevisiae*
Modeling

ABSTRACT

Due to the resurgence of viticulture in Entre Ríos, this research team isolated, selected, and identified native yeasts to be used as starter cultures for the production of wines with regional identity. To determine suitable nutritional conditions for their propagation, the effect of different substrates was evaluated. Diluted sugarcane molasses were used as the base medium, and two nitrogen sources were compared: yeast extract and ammonium sulfate supplemented with Mg and K salts. Experiments were performed in duplicate with *Saccharomyces cerevisiae* OQ520880.1 (GenBank) in 2-L bioreactor. Microbial growth was monitored by cell counts and growth parameters were estimated by fitting the experimental data to the modified Gompertz kinetic model using *Statgraphics Centurion XV Corporate*. Goodness-of-fit statistics indicated that the model provided an adequate description of the data. Analysis of variance ($p < 0.05$) showed that the lag phase duration and the maximum specific growth rate did not differ between substrates, whereas final biomass and net growth were significantly different. Therefore, the medium containing ammonium sulfate and salts was considered the most suitable for propagation of *S. cerevisiae* OQ520880.1.

1. Introducción

Entre 1907 y 1910, Entre Ríos se constituyó en la cuarta provincia vitivinícola del país, con importantes reconocimientos por la calidad de sus vinos. Sin embargo, a mediados de la década del '30, se sancionó la Ley Reguladora de Vinos N° 12137, por la cual se debieron erradicar los viñedos y bodegas. Recién en 1993, por ley 24037, se derogó la prohibición del cultivo de uva para vinificación y se liberó la plantación de vides y producción enológica en toda Argentina, lo que provocó, a partir de 1994, el resurgimiento del cultivo de vid y Entre Ríos se ha vuelto a posicionar como una provincia vitivinícola. Datos recientes del Instituto Nacional de Vitivinicultura (INV, 2024) indican que la elaboración de vinos tintos se incrementó un 740 % desde 2015 hasta los actuales 548 hL. Si bien un 39 % del volumen de uva cosechada en Entre Ríos se envía a otras provincias para su vinificación (INV, 2024), los productores locales están en constante búsqueda de oportunidades de mejora de los procesos de elaboración y de desarrollo de estrategias de diferenciación de la producción, atendiendo a las exigencias de un mercado nacional e internacional cada vez más competitivo y a la demanda de consumidores con nuevos estilos.

Durante mucho tiempo, el enfoque prioritario de los enólogos fue garantizar fermentaciones completas mediante el uso de cepas comerciales de *Saccharomyces cerevisiae*, lo que condujo a una producción estandarizada. No obstante, esta práctica derivó en vinos más uniformes y con menor diversidad sensorial, ocultando el aporte diferencial de las levaduras locales (Carrau et al, 2020). Tradicionalmente se ha aceptado que las características sensoriales del vino, como aroma y sabor, están vinculadas principalmente a la variedad de uva utilizada; sin embargo, el concepto de *terroir* ha emergido como un factor determinante en la calidad organoléptica del producto final. En 2010, la Organización Internacional de la Viña y el Vino (OIV) introdujo el concepto de “*terroir*” vitivinícola como “una zona en la que se desarrolla el conocimiento colectivo sobre las interacciones entre el entorno físico y biológico identificable y las prácticas vitivinícolas aplicadas, otorgando características distintivas a los productos procedentes de dicha área. El *terroir* incluye el suelo específico, la topografía, el clima, las características del paisaje y los rasgos de biodiversidad” (OIV, Res. OIV/VITI 333/2010). El *terroir* microbiano, por su parte, describe la comunidad propia de microorganismos del suelo y de la vid dentro de un ecosistema dado,

cuyo impacto en las características del vino fue escasamente valorado hasta hace pocos años, aunque en la actualidad se reconoce su contribución en la generación de atributos diferenciales (Bekris et al., 2025). En particular, la uva constituye la principal fuente de microbiota en el proceso de vinificación, ejerciendo una influencia decisiva sobre la calidad y el perfil de los vinos resultantes (Liu et al. 2020; Zao et al. 2020; Wei et al. 2022; Papadopoulou et al. 2023; Ge et al. 2024).

En Entre Ríos no se registran estudios científicos que reporten la utilización de microorganismos autóctonos, previamente identificados y caracterizados, en procesos de vinificación. Por ello, y ante la necesidad planteada por productores locales, en este grupo de investigación se aislaron, seleccionaron e identificaron levaduras nativas a partir de uvas de la zona (Gerard et al., 2023). Entre ellas, *S. cerevisiae* Q520880.1 (incorporada a Genbank), mostró propiedades enológicas favorables, convirtiéndose en la primera levadura destinada a la elaboración de vinos tintos entrerrianos a partir de levaduras nativas.

Por otra parte, el modelado matemático constituye una herramienta para el diseño, optimización y control de bioprocesos (Moimenta et al., 2025). Los modelos primarios describen la dinámica de crecimiento y, al integrarse con datos experimentales, permiten estimar parámetros cinéticos clave como la velocidad específica máxima de crecimiento (μ_{max}), duración de la fase de latencia (λ) y concentración máxima de biomasa (N), datos esenciales para la predicción y control de la fermentación (Ginovart et al., 2024). Existen varios modelos primarios adaptados a diferentes microorganismos y condiciones de cultivo como los de Gompertz, Buchanan, Baranyi y Roberts, Gibson y McKellar, entre otros (Ginovart et al., 2024). Entre los de forma sigmoidal se destacan las versiones del modelo de Gompertz, como las reparametrizaciones propuestas por Zwietering (Zwietering et al., 1990) y Lay (Lay et al., 1997), que lo consolidaron como referencia práctica para ajustar curvas de crecimiento y producción metabólica (Wang y Guo, 2024). La utilidad del modelo de Gompertz ha sido validada en numerosos bioprocesos y, específicamente en contextos enológicos en los que se han comparado las respuestas de diversas especies de *Saccharomyces* para valorar la idoneidad de los modelos cinéticos (Tronchoni et al. 2009; Karaoglan et al., 2021).

Mediante el empleo del modelo matemático de Gompertz y con el objeto de producir biomasa de

levadura para los procesos de vinificación, en este trabajo se evaluó el efecto de la composición de diferentes sustratos compuestos por melaza de caña de azúcar y diferentes fuentes de nitrógeno, con el fin de determinar las condiciones nutricionales que permitan obtener la mayor concentración celular de *S. cerevisiae nativa*, a la mayor velocidad.

2. Materiales y métodos

Sustratos para la propagación de levadura

Las melazas de caña de azúcar y de remolacha azucarera son residuos agrícolas e industriales ampliamente utilizados para la producción de biomasa de levadura (Lino et al, 2018). En este caso se empleó melaza de caña de azúcar cuya caracterización indicó un contenido de sólidos solubles de 79,2±0,5 °Bx (refractometría) y 41,0±0,5 % p/v de azúcares reductores totales (método de Fehling-Causse-Bonnans). Para evitar el estrés osmótico de las levaduras, a partir de un balance de materia para azúcares totales, se calculó el volumen necesario de agua destilada necesario para diluir la melaza hasta una concentración final de 12-13 % p/v de azúcares totales.

Por otro lado, puesto que las melazas de caña azucarera son deficientes en nitrógeno, magnesio, fósforo y vitaminas (Gómez Pastor et al., 2011), se evaluaron dos posibles fuentes de estos elementos para ser adicionados al sustrato. Una de las fuentes consideradas fue el extracto de levadura (EL) en concentración de 0,5 g/L, por su abundante contenido en aminoácidos, vitaminas, nucleósidos, polipéptidos y minerales (Tao et al., 2023). La otra incluyó una solución de sales de N, P, K, S y Mg (SAS) según se especifica a continuación: 10 g/L de sulfato diamónico (SO₄(NH₄)₂ anhidro), 1 g/L de sulfato de magnesio (SO₄Mg.7 H₂O) y 5 g/L de fosfato monopotásico (PO₄H₂K anhidro) (Vieira et al., 2013).

Luego de la dilución de la melaza se agregó EL o SAS, según la combinación de sustrato ensayada, en las cantidades necesarias de acuerdo a las concentraciones mencionadas previamente. El contenido de azúcares reductores totales en los mostos así obtenidos fue 13±0,5 % p/v, equivalentes a 25,4±0,9 °Bx. A continuación, se ajustó el pH a 5, óptimo para el crecimiento de esta levadura. Por último, cada combinación de sustratos se esterilizó por calor húmedo a 121 °C durante 15 min.

Preparación del inóculo

Se partió de un cultivo de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en caldo YPD (1% extracto de levadura, 2% peptona y 2% dextrosa) conservado a -18 °C con 20 % de glicerol. Una vez descongelado, 200 µL de esta suspensión fueron inoculados para su revitalización en un tubo con 2 mL del mismo caldo, a 30±1 °C durante 24-48 horas, hasta que se registraron recuentos celulares entre 6–9 x10⁷ cél/mL. En estas condiciones se realizó la primera transferencia de las dos etapas de propagaciones sucesivas, en las que cada una representaba el 10 % del volumen de la siguiente y en las que el sustrato utilizado fue la melaza de caña de azúcar diluida acondicionada tal como se especificó en el apartado anterior. De esta manera, el inóculo de 2 mL se transfirió a 18 mL de sustrato y luego de alcanzar la concentración celular mencionada (aproximadamente 24 horas), estos 20 mL se inocularon en 180 mL del mismo medio. De esta manera, se obtuvieron 200 mL de cultivo activo para ser inoculados en cada una de las diferentes combinaciones de sustratos (melaza con EL o melaza con SAS) contenidos en el biorreactor.

Proceso de obtención de biomasa

La propagación de *S. cerevisiae* OQ520880.1 se realizó en cultivo sumergido, en un biorreactor marca New Brunswick Cientific Co., Modelo Bioflo 2000, provisto de un vaso de vidrio borosilicato de 2 L de volumen de trabajo. La esterilidad del aire que ingresa al biorreactor, se asegura mediante un filtro hidrofóbico con diámetro de poro de 0,45 µm. Los ensayos se realizaron por duplicado, manteniendo las siguientes condiciones: temperatura: 30 °C, velocidad de agitación: 200 rpm, caudal de aire: 0,9 vvm. La concentración del inóculo inicial fue de 4 - 7x10⁶ cél/mL y el crecimiento microbiano se siguió mediante recuento celular en cámara de Neubauer mejorada (improved). Para este fin se tomaron muestras de 5 mL, por duplicado, a intervalos regulares, durante aproximadamente 36 h. La observación se realizó en microscopio óptico Leica DME con amplificación de 1000 X. Se contaron las células observadas en 20 recuadros de 0,00025 mm³ cada uno de la mencionada cámara, se calculó el promedio en ese volumen y por último se lo refirió a 1 mL de muestra. En los casos en que se registraron más de 6-8 levaduras en cada recuadro, la muestra fue diluida convenientemente. Como criterio de inclusión se contabilizaron aquellas células que tocaban las líneas centrales superior e izquierda de la cuadrícula mientras que se excluyeron las que tocaban las centrales inferior y derecha. Además, las

gemaciones cuyo tamaño era un 50 % mayor o igual al de la célula madre, se contó como una más. En todos los casos, estas lecturas fueron realizadas por el mismo analista, a fines de disminuir la dispersión de los resultados por variabilidad humana y garantizar la comparabilidad de los mismos.

Como controles adicionales del proceso se determinaron sólidos solubles y pH, mediante potenciometría.

Análisis de datos

Se verificó que los datos de recuento celular de cada formulación de sustrato se ajustaran al modelo de crecimiento celular de Gompertz mediante un modelo de regresión no lineal, según la ecuación parametrizada por Zwietering et al. (1990) (ec. 1):

$$y = A \times \exp \left\{ -\exp \left[\frac{\mu_{\max} \times e}{A} \times (\lambda - t) + 1 \right] \right\} = \ln \frac{N}{N_0}$$

$$y = \ln N = \ln N_0 + A \times \exp \left\{ -\exp \left[\frac{\mu_{\max} \times e}{A} \times (\lambda - t) + 1 \right] \right\} \quad (1)$$

Donde μ_{\max} : velocidad específica máxima de crecimiento microbiano (h^{-1}), λ : tiempo de fase lag (h), N: número de células/mL a un determinado tiempo t, N_0 : número de células/mL al inicio del

proceso ($t=0$), A: crecimiento celular neto ($\ln N - \ln N_0$).

La bondad de ajuste del modelo se evaluó mediante el coeficiente de correlación R^2 y el error estándar del estimado (RMSE).

A partir de la ecuación que entrega el modelo ajustado para cada variante de sustrato se determinaron los parámetros de crecimiento: λ : tiempo de fase lag (h), μ_{\max} : velocidad específica máxima de crecimiento microbiano (h^{-1}), concentración final de biomasa N (cél/mL) y crecimiento celular neto, es decir diferencia entre concentración final e inicial de levadura (cél/mL). Estos parámetros se compararon mediante análisis de varianza con un nivel de confianza de 95 %.

Todos los ensayos estadísticos mencionados se realizaron con *software Statgraphics Centurion XV Corporate*.

3. Resultados y Discusión

Crecimiento microbiano y modelado cinético

La evolución de cada ensayo se siguió mediante determinaciones de recuentos microbianos y sólidos solubles cuyos resultados se indican en las Tablas 1 y 2:

Tabla 1. Crecimiento microbiano de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en melaza de caña de azúcar + 0,5 g/L extracto de levadura (EL), con su réplica.

EL (1)			EL (2)		
t (h)	Recuento microbiano (cél/mL)	Sólidos Solubles (°Bx)	t (h)	Recuento microbiano (cél/mL)	Sólidos Solubles (°Bx)
0,00	6,00E+06	25,0±0,1	0,00	4,40E+06	25,7±0,1
2,00	6,80E+06	24,9±0,0	3,00	5,60E+06	25,6±0,0
4,00	1,80E+07	24,8±0,0	6,25	4,20E+07	24,9±0,1
7,00	4,04E+07	24,2±0,1	8,50	1,78E+08	24,7±0,1
9,50	1,74E+08	23,9±0,1	10,50	2,04E+08	23,9±0,1
22,00	3,90E+08	19,7±0,1	23,00	3,72E+08	20,1±0,1
31,00	3,92E+08	16,4±0,1	27,00	4,96E+08	19,0±0,1
33,00	4,28E+08	16,2±0,1	30,00	4,20E+08	18,0±0,0
--	--	--	32,50	4,24E+08	17,2±0,2

Tabla 2. Crecimiento microbiano de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en melaza de caña de azúcar + solución de 10 g/L de $\text{SO}_4(\text{NH}_4)_2$ anhidro, 1 g/L de $\text{SO}_4\text{Mg} \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$ y 5 g/L de $\text{PO}_4\text{H}_2\text{K}$ anhidro (SAS), con su réplica.

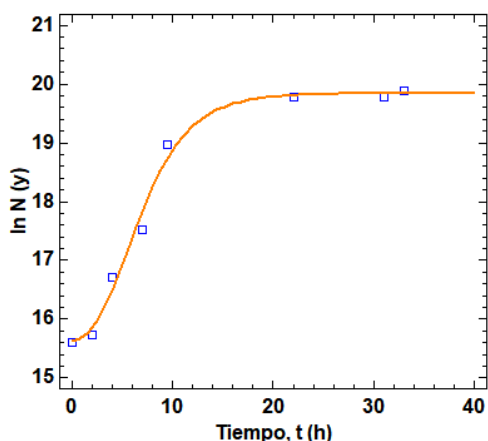
SAS (1)			SAS (2)		
t (h)	Recuento microbiano (cél/mL)	Sólidos Solubles ($^{\circ}\text{Bx}$)	t (h)	Recuento microbiano (cél/mL)	Sólidos Solubles ($^{\circ}\text{Bx}$)
0,00	5,20E+06	26,0 \pm 0,0	0,00	7,20E+06	24,7 \pm 0,0
1,50	4,40E+06	26,0 \pm 0,1	2,00	9,60E+06	24,6 \pm 0,0
4,00	1,04E+07	25,8 \pm 0,2	4,50	2,84E+07	24,1 \pm 0,1
6,00	1,76E+07	25,5 \pm 0,0	7,00	9,40E+07	23,8 \pm 0,1
8,00	4,48E+07	25,1 \pm 0,0	9,00	1,82E+08	23,3 \pm 0,1
10,00	9,80E+07	25,0 \pm 0,0	21,17	6,32E+08	18,1 \pm 0,1
11,00	1,72E+08	24,9 \pm 0,0	23,00	1,41E+09	16,2 \pm 0,1
23,75	5,48E+08	19,1 \pm 0,1	28,00	6,40E+08	13,9 \pm 0,0
26,75	5,52E+08	16,8 \pm 0,1	32,68	6,70E+08	13,6 \pm 0,0
30,50	8,40E+08	14,5 \pm 0,3	--	--	--

En cada condición experimental evaluada, los sólidos solubles muestran un descenso continuo, indicativo del consumo de los azúcares para las reacciones metabólicas de la levadura.

Con los datos de recuento microbiano obtenidos, y utilizando el *software* estadístico para el modelo de regresión no lineal, se construyeron las curvas de

crecimiento según el modelo matemático de Gompertz modificado (Figura 1). Los criterios estadísticos utilizados para analizar la bondad de ajuste del modelo para el sustrato EL fueron $R^2=99,03 \%$ y $\text{RMSE}=0,21$, y $99,50 \%$ y $0,15$ respectivamente para la réplica, lo que indica que el modelo resultó adecuado para la descripción de los datos.

Melaza + EL (1): gráfica del modelo ajustado



Melaza + EL (2): gráfica del modelo ajustado

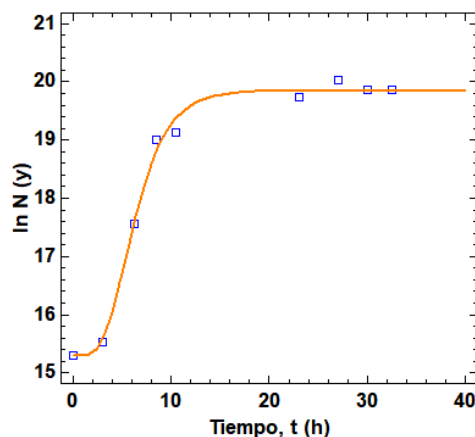
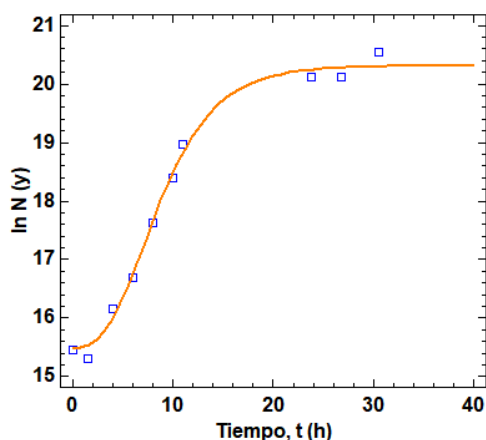


Figura 1. Modelo de crecimiento de *S. cerevisiae* OQ520880.1 ajustado según modelo de Gompertz modificado, en melaza de caña de azúcar + 0,5 g/L de extracto de levadura (EL), con su réplica. N: recuento celular, células/mL.

Análogamente, las gráficas de los modelos ajustados para el sustrato compuesto de melaza de caña + SAS se observan en la Figura 2. Los criterios estadísticos determinados fueron $R^2=99,39 \%$ y $\text{RMSE}=0,18$, y

$98,44 \%$ y $0,28$ respectivamente para la réplica. De la misma manera, el modelo de Gompertz modificado resultó adecuado para la descripción de los datos observados.

Melaza + SAS (1): gráfica del modelo ajustado



Melaza + SAS (2): gráfico del modelo ajustado

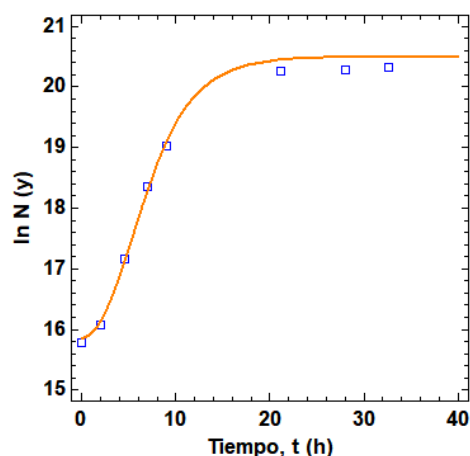


Figura 2. Modelo de crecimiento de *S. cerevisiae* OQ520880.1 ajustado según modelo de Gompertz modificado, en melaza de caña de azúcar + solución de 10 g/L de $\text{SO}_4(\text{NH}_4)_2$ anhidro, 1 g/L de $\text{SO}_4\text{Mg} \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$ y 5 g/L de $\text{PO}_4\text{H}_2\text{K}$ anhidro (SAS), con su réplica. N: recuento celular, cél/mL.

Parámetros cinéticos

Los resultados del ajuste del modelo de regresión no lineal de Gompertz para describir la relación entre $\ln N$ y el tiempo de cultivo, arrojaron las siguientes ecuaciones para cada modelo ajustado:

- Melaza + EL (1):

$$y = 15,6073 + (4,23366 \cdot \exp(-\exp(0,468648 \cdot 2,718281 \cdot (2,20087 - t)/4,23366 + 1))) \quad (2)$$

- Melaza + EL (2):

$$y = 15,2971 + (4,55127 \cdot \exp(-\exp(0,726023 \cdot 2,718281 \cdot (3,08718 - t)/4,55127 + 1))) \quad (3)$$

- Melaza + SAS (1):

$$y = 15,4642 + (4,84785 \cdot \exp(-\exp(0,460047 \cdot 2,718281 \cdot (3,22977 - t)/4,84785 + 1))) \quad (4)$$

- Melaza + SAS (2):

$$y = 15,7896 + (4,70738 \cdot \exp(-\exp(0,497542 \cdot 2,718281 \cdot (1,86282 - t)/4,70738 + 1))) \quad (5)$$

A partir de las ecuaciones (2), (3), (4) y (5) y teniendo en cuenta la ecuación modificada de Gompertz (1), se obtuvieron los parámetros cinéticos para cada combinación de sustrato según se indica en la Tabla 3:

Tabla 3. Parámetros cinéticos de crecimiento de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en diferentes composiciones de sustrato, según el modelo de Gompertz.

Sustrato	μ_{\max} (h ⁻¹)	λ (h)	N (cél/mL)	CN (cél/mL)
EL	0,60 ± 0,18 ^a	2,64 ± 0,63 ^a	4,16E+08 ± 2,12E+06 ^a	4,11E+08 ± 3,54E+06 ^a
SAS	0,48 ± 0,03 ^a	2,55 ± 0,97 ^a	7,30E+08 ± 9,48E+07 ^b	7,24E+08 ± 9,33E+07 ^b

La melaza de caña de azúcar + 0,5 g/L extracto de levadura, SAS: melaza de caña de azúcar + solución de 10 g/L de $\text{SO}_4(\text{NH}_4)_2$ anhidro, 1 g/L de $\text{SO}_4\text{Mg} \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$ y 5 g/L de $\text{PO}_4\text{H}_2\text{K}$ anhidro. λ : tiempo de fase lag (h), μ_{\max} : velocidad específica máxima de crecimiento microbiano (h⁻¹), N: concentración final de biomasa (cél/mL) y CN: crecimiento celular neto,

es decir diferencia entre concentración final e inicial de levadura (cél/mL). Letras distintas en la misma columna indican diferencias significativas ($p < 0,05$) entre las medias de los sustratos de cada parámetro cinético.

Según se observa en la Tabla 3, el análisis de varianza de los parámetros obtenidos en los cuatro ensayos permitió determinar que no había diferencias estadísticas significativas ($p < 0,05$) en la duración de la fase lag como tampoco en la μ_{\max} . Sin embargo, la concentración final de biomasa (N) y por ende el crecimiento neto (CN) resultaron aproximadamente un 76 % superiores en los sustratos compuestos con SAS (Figura 3).

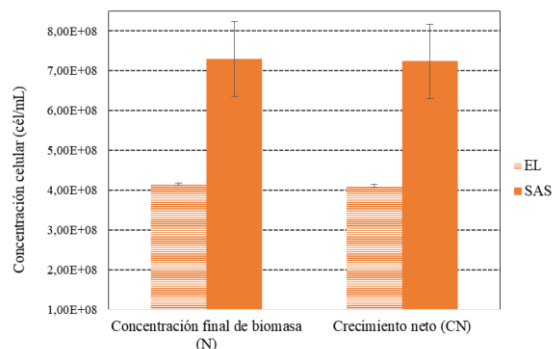


Figura 3. Concentración final de biomasa y crecimiento neto de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en diferentes sustratos: melaza de caña de azúcar + extracto de levadura (EL) y melaza de caña de azúcar + sales (SAS).

Estos resultados podrían indicar que, si bien el extracto de levadura constituye una fuente rica en nutrientes, su composición variable puede afectar la disponibilidad real de compuestos esenciales (Tao et al., 2023), reduciendo en consecuencia el rendimiento en biomasa. En contraste, un medio suplementado con sales definidas como el sulfato de amonio que aporta nitrógeno inorgánico fácilmente asimilable, el magnesio que es un cofactor esencial en numerosas enzimas que actúan en la síntesis de macromoléculas y el potasio y fosfato que mantienen el balance osmótico, el transporte iónico y la síntesis de ácidos nucleicos (Ribeiro-Filho et al., 2022), contribuye a optimizar la fisiología celular y a maximizar la producción de biomasa.

4. Conclusiones

Las curvas de crecimiento microbiano de los sustratos evaluados fueron ajustadas utilizando el modelo de Gompertz modificado, el cual describió con alta precisión el comportamiento de *S. cerevisiae* OQ520880.1 en ambas condiciones. A partir de las ecuaciones ajustadas se obtuvieron los parámetros cinéticos microbiológicos, que permitieron identificar las variables con diferencias significativas y, en consecuencia, establecer las condiciones de sustrato que mejoran la producción de biomasa.

Aunque la velocidad de producción de biomasa y la duración de la fase lag no mostraron diferencias significativas entre los sustratos, la concentración final de biomasa y el crecimiento neto de la levadura fueron un 76 % superiores en el sustrato formulado con melaza y SAS, por lo que dicho sustrato se consideró el más apropiado al proporcionar la mayor producción de biomasa de *S. cerevisiae* OQ520880.1.

5. Agradecimientos

Este trabajo se realizó en el marco del proyecto PICTO-UADER-UNER 00008 “Desarrollo de vinos de la variedad Tannat (*Vitis vinifera* L.) de diferentes viñedos de la región del río Uruguay elaborados con microorganismos nativos”, cofinanciado por la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCYT) y Universidad Nacional de Entre Ríos.

Las integrantes del Laboratorio de Microbiología y Biotecnología de Alimentos (MIBIAL) de la Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER, agradecen a la Reserva y Viñedo Pampa Azul por el aporte de las uvas utilizadas para los ensayos.

6. Referencias

- Bekris, F., Papadopoulou, E., Vasileiadis, S., Karapetsas, N., Theocharis, S., Alexandridis, T. K., Koundouras, S. y Karpouzias, D. G. (2025). Vintage and terroir are the strongest determinants of grapevine carposphere microbiome in the viticultural zone of Drama, Greece. *FEMS Microbiology Ecology*, 101(2), fiae008.
- Carrau, F., Boido, E. y Ramey, D. (2020). Yeasts for low input winemaking: microbial terroir and flavor differentiation. *Advances in applied microbiology*, 111, 89-121.
- Ge, X., Liu, Y., Wang, X., Gao, C., Mu, J., Wang, W. y Wang, J. (2024). Correlations between microbes with volatile compounds and physicochemical indicators of Cabernet Sauvignon wines fermented with different starters. *LWT*, 198, 115918.
- Gerard, L. M., Corrado, M. B., Davies, C. V., Soldá, C. A., Dalzotto, M. G. y Esteche, S. (2023). Isolation and identification of native yeasts from the spontaneous fermentation of grape musts. *Archives of Microbiology*, 205(9), 302.
- Ginovart, M., Carbó, R. y Portell, X. (2024). Adaptation of *Saccharomyces* to high

- glucose concentrations and its impact on growth kinetics of alcoholic fermentations. *Microorganisms*, 12(7), 1449.
- Gómez-Pastor, R., Pérez-Torrado, R., Garre, E. y Matallana, E. (2011). Recent advances in yeast biomass production. *Biomass–Detection, Production and Usage*, 201-222.
- INV (2024): Informe anual de cosecha y elaboración 2024. Disponible en: <https://www.argentina.gob.ar/inv/estadisticas-vitivincolas/cosecha/anuarios>
- Karaoglan, H. A., Ozcelik, F., Musatti, A. y Rollini, M. (2021). Mild pretreatments to increase fructose consumption in *Saccharomyces cerevisiae* wine yeast strains. *Foods*, 10(5), 1129.
- Lay, J. J., Li, Y. Y. y Noike, T. (1997). Influences of pH and moisture content on the methane production in high-solids sludge digestion. *Water Research*, 31(6), 1518-1524.
- Lino, F. S. D. O., Basso, T. O. y Sommer, M. O. A. (2018). A synthetic medium to simulate sugarcane molasses. *Biotechnology for biofuels*, 11(1), 221.
- Liu, D., Chen, Q., Zhang, P., Chen, D. y Howell, K. S. (2020). The fungal microbiome is an important component of vineyard ecosystems and correlates with regional distinctiveness of wine. *Msphere*, 5(4), 10-1128.
- Moimenta, A. R., Minebois, R., Henriques, D., Querol, A. y Balsa-Canto, E. (2025). Temperature-Dependent Kinetic Modeling of Nitrogen-Limited Batch Fermentation by Yeast Species. *Mathematics*, 13(9), 1373.
- Organización Internacional de la Viña y el Vino. (2010). Resolución OIV/VITI 333/2010. OIV. <https://www.oiv.int>
- Papadopoulou, E., Bekris, F., Vasileiadis, S. Krokida, A., Rouvali, T., Veskoukis, A. S., Liadaki, K., Kouretas, D. y Karpouzas, D. G. (2023). Vineyard-mediated factors are still operative in spontaneous and commercial fermentations shaping the vinification microbial community and affecting the antioxidant and anticancer properties of wines. *Food Research International*, 173, 113359.
- Ribeiro-Filho, N., Linforth, R., Bora, N., Powell, C. D. y Fisk, I. D. (2022). The role of inorganic-phosphate, potassium and magnesium in yeast-flavour formation. *Food Research International*, 162, 112044.
- Tao, Z., Yuan, H., Liu, M., Liu, Q., Zhang, S., Liu, H., Jiang, Y., Huang, D. y Wang, T. (2023). Yeast extract: characteristics, production, applications and future perspectives. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 33(2), 151.
- Tronchoni, J., Gamero, A., Arroyo-López, F.N., Barrio, E. y Querol, A. (2009). Differences in the glucose and fructose consumption profiles in diverse *Saccharomyces* wine species and their hybrids during grape juice fermentation. *International Journal of Food Microbiology*, 134(3), 237-243.
- Vieira, É. D., Andrietta, M. D. G. S. y Andrietta, S. R. (2013). Yeast biomass production: a new approach in glucose-limited feeding strategy. *Brazilian Journal of Microbiology*, 44, 551-558.
- Wang, J. y Guo, X. (2024). The Gompertz model and its applications in microbial growth and bioproduction kinetics: Past, present and future. *Biotechnology Advances*, 72, 108335.
- Wei, R., Ding, Y., Chen, N. Wang, L., Gao, F., Zhang, L., Song, R., Liu, Y., Li, H. y Wang, H. (2022). Diversity and dynamics of microbial communities during spontaneous fermentation of Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) from different regions of China and their relationship with the volatile components in the wine. *Food Research International*, 156, 111372.
- Zhao, C., Su, W., Mu, Y. Jiang, L. y Mu, Y. (2020). Correlations between microbiota with physicochemical properties and volatile flavor components in black glutinous rice wine fermentation. *Food Research International*, 138, 109800.
- Zwietering, M. H., Jongenburger, I., Rombouts, F. M., y Van't Riet, K. J. A. E. M. (1990). Modeling of the bacterial growth curve. *Applied and environmental microbiology*, 56(6), 1875-1881.