

Agricoltura24

Primo piano

Il lievito cambia la genomica

la genomica cambia il lievito

Alessandra Biondi Bartolini, VigneVini



22 Ottobre 2014

La microbiologia enologica, nata con Pasteur nella seconda metà del XIX° secolo ha vissuto negli ultimi due decenni, insieme agli altri settori delle scienze della vita, una vera e propria rivoluzione.

La chiave di questo rinnovamento si identifica nell'avvento della genomica e nelle tecniche di analisi che ne fanno uso, che hanno portato non solo ad una maggiore e più dettagliata conoscenza dei processi biologici, ma anche ad una riduzione delle distanze tra le scienze pure e quelle applicate, tra le scoperte che si fanno nei laboratori e le tecniche delle quali si dispone e si potrà disporre in cantina. **Chris Curtin**, Research Manager dell'AWRI (Australian Wine Research Institute) di Adelaide è tra i ricercatori che sono stati protagonisti di questo processo e a lui abbiamo chiesto di raccontarcelo, quando lo abbiamo incontrato in occasione dell'incontro organizzato da Tebaldi e Maurivin presso le Cantine Bolla a Verona il 21 luglio.

***S.cerevisiae*, il pioniere**

Quando è cominciata la rivoluzione "genomica" per i microorganismi enologici?

«Se andiamo indietro nel tempo, nella cosiddetta era pre-genomica, negli anni '80 o '90 utilizzavamo già degli strumenti genetici, ma la loro risoluzione era piuttosto limitata e non ci permetteva per esempio di individuare gli aspetti che rendevano un lievito migliore di un altro.

La grossa fortuna è stata quella che *Saccharomyces cerevisiae* sia stato sempre utilizzato come sistema modello in molte discipline della ricerca di base, e questo è avvenuto anche quando è partito il progetto di sequenziamento del genoma umano: lo studio della genomica del lievito ha rappresentato il primo gradino nella genomica degli organismi complessi.

Il sequenziamento del genoma del lievito è stato completato nel 1996. Pochissimi anni dopo anche gli strumenti necessari per lo studio del genoma umano e di quello di altri organismi complessi sono stati sviluppati e validati a partire da *Saccharomyces cerevisiae*.

Così ad esempio il lievito è stato uno dei primi organismi complessi nel quale si sono potuti studiare i link di trascrizione (genomica trascrizionale), che ci hanno dato la visione reale di come le cellule rispondano al loro ambiente. L'altro fattore chiave che per il lievito si è realizzato molto presto, e che per molti altri organismi non è ancora possibile, è l'idea delle cosiddette *deletion libraries* sistematiche (librerie di delezione), nelle quali procedendo con la cancellazione di un gene alla volta si arriva a conoscere la funzione di ogni gene (genomica funzionale). Senza la genomica non avremmo avuto un vero e proprio catalogo dei geni che sappiamo essere importanti per i diversi processi della fermentazione alcolica.

La possibilità di studiare la trascrizione e la funzione dei geni hanno permesso approfondire aspetti fondamentali come la tolleranza all'alcol o alle elevate concentrazioni in zuccheri e agli stress osmotici o la risposta alle diverse quantità di composti azotati per fare solo alcuni esempi. Questa però è stata solo parte della strada fatta per ottenere strumenti che siano realmente applicabili».

Genomica in cantina: l'aroma di passionfruit

Quando è avvenuto il passaggio dal disporre di nuove conoscenze sulla biologia del lievito all'essere in grado di applicarle a livello industriale ed enologico?

«La riduzione dei costi di sequenziamento è stato uno degli aspetti più importanti ed è stato quello che ci ha permesso ad oggi, di avere almeno 15 ceppi di *Saccharomyces cerevisiae* di interesse enologico le cui sequenze sono state completamente pubblicate e altri 200 circa sui quali si sta lavorando e che saranno pubblicati entro la metà degli anni 20, ma dei quali già si conoscono i geni più importanti.

Grazie ad un intenso lavoro di ricerca oggi disponiamo di una grande quantità di sequenze geniche che ci permettono di studiare le diverse versioni di ogni gene presenti nei lieviti da vino e quanto questo sia da mettere in relazione con le loro performance.

Un ottimo esempio riguarda il rilascio dei tioli volatili, responsabili dell'aroma di frutto della passione. Recentemente è stato individuato un gene particolarmente importante per la

Lievito

Scarica il file:

VV_14_10_lievito.pdf

Visualizza articolo tratto da VigneVini n. 10/2014 completo di immagini e box informativi

Tag
vino

produzione di questi aromi, il gene IRC7, e si è visto che di questo gene esistono due diverse versioni.

Questo ci ha permesso di valutare quali e quanti siano i ceppi che hanno la versione più efficiente che lavora meglio nella sintesi di questo aroma e quanti quella che lavora peggio, e quindi di scegliere i ceppi di lievito utili ai diversi obiettivi in modo molto più facile.

È l'applicazione più semplice che possa interessare un produttore alla ricerca di un vino con uno stile definito: sapere quali tra i ceppi già disponibili dispongano della versione di quel gene che li rende in grado di dare buone performance su Sauvignon blanc».



**ADR
System**
Assali e
sospensioni
agricole



**Speciale
Ortomec**
Prova in
campo
(versione
italiana)



**I cloni
originali del
Moscato
Bianco,
Moscato**