

Микробные сообщества для производства вин типа херес: новые исследования

Виноделы работают с огромным разнообразием микроорганизмов (дрожжей и бактерий), которые играют важную роль в технологии изготовления вин, влияя на их качество и безопасность. Российские генетики изучили ключевые микробные сообщества для производства вин типа херес. Ученые из ФИЦ Биотехнологии РАН исследовали совместный геном (метагеном) дрожжей и других микроорганизмов, которые были обнаружены в дрожжевой пленке при изготовлении российских хересных вин, чтобы проверить стабильность производственных штаммов дрожжей. Статья об этом исследовании была опубликована в журнале *Fermentation*. Исследование проводилось в рамках проекта научного центра мирового уровня «Агротехнологии будущего»¹, который реализуется при поддержке национального проекта «Наука и университеты».

Крепость хересных вин выше 15% – дрожжевым клеткам трудно выжить при такой концентрации этанола. Поэтому они развиваются на поверхности вина, образуя флоу – складчатую пленку. За счет длительной выдержки



под хересной пленкой вино приобретает особые вкус и аромат, характерные для вин типа херес. Впервые херес стали делать в южной части Испании, но постепенно виноделы научились производить вина типа херес и в других регионах мира. Биологически выдержаный херес, как мансанилья и фино, вызревает под пленкой до требуемых кондиций, а херес типа амонтильядо какое-то время проводит без флора. Генетики ФИЦ Биотехнологии РАН исследовали микробные сообщества, которые присутствуют в пленке, и изучили, насколько стабильны производственные штаммы, используемые в Крыму для получения хересных вин.

«Главную роль в создании такой пленки играют дрожжи *Saccharomyces cerevisiae*-но. За длительный цикл жизни пленки в ней могут развиваться и другие микроорганизмы. В научной статье мы рассказываем о результатах метагеномного анализа флора на поверхности хересных вин. Также мы сравниваем геномы заводских образцов флора с исходным штаммом I-329, чтобы предположить сохранение его генетической стабильности и конкурентоспособность в стрессовых

условиях промышленных виноделен», – рассказал заведующий лабораторией геномики микроорганизмов и метагеномики ФИЦ Биотехнологии РАН, д.б.н., научный сотрудник НЦМУ «Агротехнологии будущего» Андрей Марданов.

Ученые использовали штамм дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* под названием I-329 (херес 96-КМ) из коллекции микроорганизмов виноделия «Магарач», которая более 60 лет поддерживается ВНИИ Виноградарства и виноделия «Магарач» РАН и используется на винодельнях Ореанды (Ялта, Крым). Первая серия была запущена в производство в 1962 году. Вино выдерживается в 500-литровых дубовых бочках (по 300 л в каждой) по три месяца, после чего треть объема сливают,

замения таким же количеством крепленого вина. От нее в конце созревания вина было получено два образца, которые ученые промаркировали M6 и M11. Вторая серия поддерживается с 1992 года. Вино этой серии делают в металлических бочках объемом 16,5 тыс. л, заполненных на 60%. Каждый день 100 л вина из бочки переливается в следующую по «старшин-

ству» бочку. При этом в первую добавляют свежее крепленое вино, а из последней в ряду сливают готовое вино. Образцы флора брали из первой бочки (M7 (M3)) и из предпоследней (M9 (M4)).

Обе серии поддерживались десятки лет без искусственной замены флора. Таким образом, можно было сравнить лабораторную версию (исходный образец) с двумя вариантами-потомками с разницей в 30 лет. Несмотря на долгий (по меркам дрожжей) период эволюции в стрессовых условиях, они накопили только несколько десятков «однобуквенных» мутаций. Метагеномный анализ также показал, что кроме основного вида дрожжей в образцах присутствовали небольшие количества *Pichia membranifaciens* и *Malassezia restricta*. Примерно 20% сообщества из 60-летнего образца в сумме составляли молочнокислые бактерии *Oenococcus oeni* и *Lentilactobacillus hilgardi*, но в 30-летнем образце их содержание было менее 1%.

«Штамм *Saccharomyces cerevisiae* I-329 имел тройной набор всех хромосом, помимо первой и третьей, которых у него две копии. Учитывая, что за 60 лет в используемых на винодельнях штаммах появилось всего 54 однонуклеотидных полиморфизма, это показывает высокую генетическую стабильность штамма в производственных условиях», – добавил Андрей Марданов.

Пресс-служба НЦМУ «Агротехнологии будущего», Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева

¹ НЦМУ «Агротехнологии будущего» создан в формате консорциума в рамках национального проекта «Наука и университеты». Входит в перечень научных центров мирового уровня (утвержден на основании распоряжения Правительства Российской Федерации от 24 октября 2020 года № 2744-р.), выполняющих исследования и разработки по приоритетам научно-технологического развития Российской Федерации.