vinetur

Los hongos del viñedo argentino dibujan un mapa oculto del terruño

Un estudio en Malbec y Cabernet vincula suelo, hojas y mosto con diferencias regionales y de altitud

sábado 6 de junio de 2026

Un estudio publicado este jueves, 4 de junio, en la revista científica OENO One analiza por primera vez de forma conjunta las comunidades de hongos presentes en suelo, hojas y mosto de viñedos argentinos de Malbec y Cabernet Sauvignon. El trabajo compara muestras de Mendoza, San Juan, Salta y Río Negro y aporta datos sobre cómo cambian esos microorganismos según la región, la altitud y el órgano de la planta.

La investigación ha sido firmada por Andrés Martin Toscani, Mónica Oyuela Aguilar, Constanza Rey, Ramiro Rocco Welsh, Denise Lajoinie, Alex Gobbi, María Florencia Del Papa, Liliana Semorile, Lars Hestbjerg Hansen y Mariano Pistorio. Los autores señalan que se trata del primer análisis integrado de este tipo en varias zonas vitícolas argentinas y plantean que estos resultados pueden ser útiles para la gestión del viñedo, la prevención de enfermedades y el estudio del llamado componente microbiano del terruño.

El trabajo parte de una idea conocida en viticultura: la vid convive con bacterias, levaduras y hongos que influyen en su salud y también en el fruto. En este caso, el foco está en el micobioma, es decir, el conjunto de hongos asociados a la planta y a su entorno inmediato. Para medirlo, los investigadores usaron metabarcoding ITS de alta capacidad, una técnica genética que permite identificar muchos microorganismos a partir del ADN presente en una muestra.

Las muestras se recogieron en 2016, una semana antes de la vendimia, en 14 viñedos repartidos entre cuatro provincias argentinas. En San Juan se trabajó en dos fincas del valle de Ullum. En Mendoza se tomaron muestras en Agrelo, en Luján de Cuyo. En Río Negro se incluyeron Mainqué, en el Alto Valle, y Viedma, cerca del Atlántico. En Salta se estudiaron viñedos de Molinos, Cafayate y Cachi, con altitudes entre 1.700 y 2.500 metros sobre el nivel del mar. Los investigadores analizaron vides sin injertar de las variedades Malbec y Cabernet Sauvignon.

El diseño incluyó suelo de rizosfera, hojas y mosto obtenido a partir de uvas sanas. Después se extrajo el ADN y se secuenció la región ITS1, una referencia habitual para estudiar diversidad fúngica. Con esos datos se comparó la composición de las comunidades y también sus redes de relación, es decir, cómo aparecen asociados unos grupos con otros dentro de cada ambiente muestreado.

Uno de los resultados principales es que la rizosfera, la franja de suelo influida por las raíces, alberga la mayor diversidad fúngica. Según los autores, ese compartimento está más condicionado por factores ambientales como las propiedades del suelo o el clima local. En cambio, las comunidades presentes en hojas y mosto muestran redes más estructuradas y centralizadas.

El estudio identifica además varios grupos fúngicos presentes de forma repetida en distintos órganos de la vid. Entre ellos figuran Cladosporiaceae, Pleosporaceae y Lophiostomataceae. Esa presencia común sugiere que puede haber intercambio microbiano entre el suelo y las partes aéreas de la planta. El trabajo no afirma un mecanismo único para ese paso, pero sí apunta a una conexión entre compartimentos que hasta ahora había sido poco estudiada a escala argentina.

También aparecen diferencias claras entre regiones. Los autores observaron patrones ligados a la altitud y al tipo de suelo. En los lugares más altos hubo mayor presencia relativa de Metschnikowiaceae y Aureobasidium. Este último género ya había aparecido en otros estudios internacionales sobre microbiota asociada a la vid y vuelve a figurar aquí como un componente frecuente en tejidos aéreos.

Otro punto relevante del artículo es el análisis de interacciones entre microorganismos. Los investigadores detectaron relaciones antagónicas entre Bacillus y hongos patógenos como Dactylonectria. Ese dato interesa porque Dactylonectria está vinculada a problemas sanitarios en la vid. La observación no equivale por sí sola a una aplicación directa en campo, pero sí abre la puerta a futuras estrategias basadas en biocontrol o vigilancia microbiológica.

Argentina ocupa una posición central en la producción mundial de vino y concentra gran parte de su viñedo en Mendoza y San Juan. Sin embargo, los autores recuerdan que otras zonas como Salta o Río Negro habían recibido menos atención en estudios con secuenciación masiva. Por eso uno de los valores del trabajo es reunir información comparable entre regiones muy distintas en clima, topografía y composición del suelo.

En Salta, por ejemplo, los suelos analizados presentaron un alto contenido de arena. Río Negro mostró diferencias internas entre Mainqué y Viedma, esta última influida por su cercanía al océano Atlántico. Mendoza y San Juan comparten rasgos áridos, aunque con manejos agronómicos propios de cada finca. El estudio no atribuye todos los cambios observados a un solo factor; plantea más bien que las variables edáficas y climáticas explican buena parte de la variación del micobioma.

Los autores relacionan estos resultados con una cuestión cada vez más presente en viticultura: si existe un componente microbiano capaz de contribuir al perfil propio de cada zona productora. La idea no sustituye al peso del clima, el suelo o las prácticas humanas, pero añade una capa biológica al concepto clásico de terruño. En este caso, el trabajo aporta pruebas de que las comunidades fúngicas no son iguales entre regiones ni entre órganos vegetales.

La investigación también tiene interés para bodega porque incluye mosto previo a fermentación. Estudios anteriores ya habían mostrado que parte de los microorganismos presentes en uva y mosto puede influir después en procesos fermentativos o en compuestos relacionados con el aroma. Este nuevo análisis no evalúa directamente el sabor ni la calidad sensorial del vino final, pero sí ofrece una base para conectar microbiología del viñedo y elaboración.

El artículo recuerda además que muchos trabajos previos se habían centrado sobre todo en patógenos concretos o en bacterias endófitas. Aquí se adopta una visión más amplia sobre hongos filamentosos y levaduras asociados a distintos órganos vegetales. Esa mirada permite comparar qué grupos son exclusivos del suelo, cuáles aparecen también en hojas o mosto y qué relaciones mantienen entre sí.

Para el sector vitivinícola argentino, esta información puede servir para afinar sistemas de previsión sanitaria o para diseñar prácticas agronómicas adaptadas a cada zona. También puede ayudar a seguir cómo cambian estas comunidades con variaciones térmicas o con modificaciones del manejo del viñedo. Los propios autores indican que sus datos sientan una base para futuros estudios orientados a mejorar el manejo vitícola y la calidad del vino mediante estrategias apoyadas en el microbioma.

El trabajo fue recibido por la revista el 16 de septiembre de 2025 y aceptado el 10 de mayo. Su publicación añade una referencia nueva a un campo que gana peso tanto en investigación básica como aplicada: entender qué microorganismos viven con la vid, cómo se distribuyen según el territorio y qué papel pueden tener en la salud vegetal y en la identidad de los vinos argentinos.