Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América

Dirección General de Estudios de Posgrado
Facultad de Ciencias Biológicas
Unidad de Posgrado

Microbiota de bayas de ocho variedades de uvas pisqueras de Ica y Arequipa como contribución a sus identidades regionales

TESIS

Para optar el Grado Académico de Doctora en Ciencias Biológicas

AUTOR

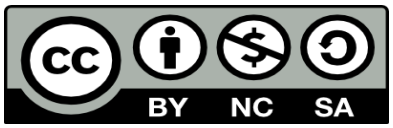
Raquel Mercedes SOTOMAYOR PARIAN

ASESOR

Dra. Mónica ARAKAKI MAKISHI

Lima, Perú

2026



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Sotomayor, R. (2026). *Microbiota de bayas de ocho variedades de uvas pisqueras de Ica y Arequipa como contribución a sus identidades regionales*. [Tesis de doctorado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Unidad de Posgrado]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Raquel Mercedes Sotomayor Parian
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	44273907
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0003-2123-0123
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Mónica Arakaki Makishi
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	08136445
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0003-1081-2507
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Joaquina Adelaida Albán Castillo
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	08555549
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Liz Erika Cruz Pio
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	41509033
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Mario David Cueva Távara
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	43821341
Datos de investigación	

Línea de investigación	Biodiversidad y Ecología de Ecosistemas terrestres
Grupo de investigación	"-"
Agencia de financiamiento	Gen Lab del Perú S.A.C. "Programa de Incentivos GenLab 2019"
Ubicación geográfica de la investigación	CITEagroindustrial Ica País: Perú Departamento: Ica Provincia: Ica Distrito: Guadalupe Latitud: -13.997500 Longitud: -75.767500 Viñedo Álvarez País: Perú Departamento: Ica Provincia: Ica Distrito: Subtanjalla Latitud: -14.021389 Longitud: -72.745556 Viñedo Majes Tradición País: Perú Departamento: Arequipa Provincia: Castilla Distrito: Uraca Latitud: -16.300000 Longitud: -72.495000
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2020 - 2022
URL de disciplinas OCDE	Biotecnología agrícola, Biotecnología alimentaria https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#4.04.01 Biología celular, Microbiología https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.01 Bioquímica, Biología molecular https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.03

Exp. N.º 067-UPG-FCB-2025

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR AL GRADO ACADÉMICO DE DOCTORA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Siendo las 9:00 horas del día 26 de mayo de 2026, en el auditorio del Museo de Historia Natural de la UNMSM, el Jurado de Tesis conformado por:

Dra. Joaquina Adelaida Albán Castillo	(Presidente)
Dra. Liz Erika Cruz Pio	(Miembro)
Dr. Mario David Cueva Távara	(Miembro)
Dra. Mónica Arakaki Makishi	(Asesora)

Se reunió para la sustentación oral y pública de la Tesis para optar al Grado Académico de Doctora en Ciencias Biológicas, que solicitara la señorita Magister **RAQUEL MERCEDES SOTOMAYOR PARIAN.**

Después de darse lectura al **Expediente N.º 067-UPG-FCB-2025,** en el que consta haberse cumplido con todas las disposiciones reglamentarias, los señores miembros del Jurado presenciaron la exposición de la Tesis Titulada:

"Microbiota de bayas de ocho variedades de uvas pisqueras de Ica y Arequipa como contribución a sus identidades regionales", y formuladas las preguntas, éstas fueron absueltas por la graduando.

UNIDAD DE POSGRADO

Acto seguido el Jurado procedió a la deliberación la que dio como resultado el calificativo de: ... Bueno .... con la nota de ... 16 (Dieciséis) .....

A continuación, la Presidente del Jurado de Tesis recomienda que la Facultad proponga que la Universidad le otorgue el grado académico de Doctora en Ciencias Biológicas, que solicitara la señorita Magíster **RAQUEL MERCEDES SOTOMAYOR PARIAN.**

Siendo las 11:34 se levantó la sesión, recibiendo la graduando las felicitaciones de los señores miembros del Jurado y público asistente.

Se extiende la presente acta en Lima, el día 26 de mayo del año 2026

Dra. Joaquina A. Albán Castillo
Profesora Principal a D.E.
PRESIDENTE
jalbanc@unmsm.edu.pe
RENACYT P0002366

Dra. Mónica Arakaki Makishi
Profesora Principal a D.E.
ASESORA
marakakim@unmsm.edu.pe
RENACYT P0003852

Dra. Liz Erika Cruz Pio
Profesora Asociada a T. C.
MIEMBRO
lcruzp1@unmsm.edu.pe
RENACYT P0043932

Dr. Mario D. Cueva Távara
Profesor Auxiliar a D.E.
MIEMBRO
mcuevata@unmsm.edu.pe
RENACYT P0020764

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE
SAN MARCOS
Universidad del Perú, Decana de América

Anexo 1

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, Mónica Arakaki Makishi en mi condición de asesora acreditada mediante Dictamen de la UPG N.º 000078-2026-UPG-VDIP-FCB/UNMSM de la tesis, cuyo título es **"Microbiota de bayas de ocho variedades de uvas pisqueras de Ica y Arequipa como contribución a sus identidades regionales",** presentado por la Magíster **RAQUEL MERCEDES SOTOMAYOR PARIAN** para optar el grado académico de **Doctora en Ciencias Biológicas.**

CERTIFICO que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con el **8%** de similitud, nivel PERMITIDO para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional.**

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del grado académico de Doctora en Ciencias Biológicas.

Lima, 18 de junio de 2026

Firma del Asesor 

Nombres y Apellidos del asesor: **DRA. MÓNICA ARAKAKI MAKISHI**
DNI**: 08136445**

* Según corresponda: bachiller, magíster, doctor; título profesional o título de segunda especialidad

La vigencia del presente certificado corresponde a un período de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia.

AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar un profundo agradecimiento a mi asesora, la Dra. Mónica Arakaki Makishi, por su incansable acompañamiento a lo largo de esta investigación desde su concepción, habiendo atravesado momentos difíciles en la búsqueda del financiamiento, admiro y agradezco su paciencia, exigencia y ánimo para concluir esta investigación con éxito.

A la Empresa Gen Lab del Perú S.A.C., que gracias a su Programa de Incentivos 2019, brindó el financiamiento para esta investigación, aportando así en el campo de la biotecnología agroindustrial en un tema de mucho interés para el país.

Al CONCYTEC por su flexibilidad hacia mis pedidos de vacaciones que en estos últimos años los utilicé para el desarrollo y redacción de la tesis doctoral.

Al Ing. Marcos Zúñiga, gerente del Viñedo Majes Tradición, por apostar por la investigación, mostrando interés y predisposición en todo momento que necesité de su ayuda y orientación; a la Dra. Hanna Cáceres por su apoyo para la obtención de las muestras en el CITEagroindustrial Ica, y a la Sra. Mirtha Álvarez del Viñedo Álvarez por poner a disposición su viñedo para tomar muestras de una variedad de uva pisquera escasa en Ica, como es la variedad Mollar.

Un especial agradecimiento al Dr. Frank Guzmán por su gran soporte en los análisis bioinformáticos de la tesis y a la Bach. Oksana Huerta, por su asistencia en la recolección de las muestras. Así como al Dr. Pablo Ramírez por facilitar el uso de una centrífuga del laboratorio a su cargo.

A todo el equipo del Laboratorio de Sistemática y Diversidad Vegetal, por ser de gran apoyo en todo momento con aportes y sugerencias para la tesis doctoral; con especial agradecimiento a Pamela Aroni, Elmer Ramos, Fiorella Chávez y Alejandra Huamán por el apoyo en diversas tareas.

A mi familia por su apoyo constante y gran comprensión de mi ausencia mientras desarrollaba la tesis doctoral.

A Astrid Criales, Bryan Lucero, David Lujan, Rocío Cabrera, Tania Peña, Martin Soto y Angela Salguero, por su apoyo incondicional y moral en todo momento y a toda hora para lo que necesitara.

DEDICATORIA

A Dios, por guiar mi camino y colocar a personas de bien de las que he aprendido mucho.

A mis padres, Julián y Noemí, por su amor incondicional y sobre todo por su gran esfuerzo para brindarme mis estudios.

A mis hermanos Giovana y Samuel, y a mi cuñada Zoleyda, por escucharme en todo momento y alentarme a seguir adelante.

A mis sobrinos Thamara y Adrián, por brindarme esa alegría con sus ocurrencias en mis momentos de estrés.

A los viticultores y empresarios del sector pisquero que buscan conocer la identidad regional del Pisco para una mejor valoración de la bebida emblemática del Perú.

A cada una de los amigos apreciados que hoy ya no están a causa del COVID-19 y otras circunstancias, pero que siempre me animaron a cumplir mis sueños.

CONTENIDO

ÍNDICE DE FIGURAS vi
ÍNDICE DE TABLAS vii
ÍNDICE DE ANEXOS viii
Resumen ix
Abstract x
I. INTRODUCCIÓN 11
II. ANTECEDENTES 13
2.1. Denominación de Origen del Pisco 13
2.2. Origen y características de las uvas pisqueras 13
2.3. El *terroir* microbiano y su importancia en la industria del vino y Pisco 14
2.4. Las uvas pisqueras en la elaboración del Pisco 16
2.5. La microbiota en los viñedos 17
2.6. El avance de la biotecnología en la industria vitivinícola 18
III. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS 21
3.1. Hipótesis 21
3.2. Objetivos 21
IV. MATERIALES Y MÉTODOS 22
4.1. Material biológico 22
4.2. Área de estudio 23
4.3. Colecta de muestras 24
4.4. Preparación de la muestra 25
4.5. Extracción de ADN 26
4.6. Preparación de bibliotecas de genes ARNr 16S e ITS 26
4.7. Secuenciación 27
4.8. Procesamiento bioinformático 27
4.9. Análisis estadístico 28
V. RESULTADOS 29
5.1. Caracterización ampelográfica de las ocho variedades de uvas pisqueras 29
5.2. Diversidad microbiana en bayas de uvas pisqueras 311
5.3. Perfil microbiano de bayas de uvas pisqueras y su diferenciación regional 44
5.4. Composición y disimilitud de las comunidades microbianas asociadas a bayas de uvas pisqueras 49

5.5. Riqueza e índices de diversidad de la microbiota de bayas de uvas pisqueras 50
5.6. Caracterización cualitativa del *terroir* del Pisco en función de las áreas geográficas (regiones), factores climáticos y manejo agronómico de las zonas de estudio. 53
VI. DISCUSIÓN 57
6.1. La diversidad microbiana y su importancia en la microbiota de las variedades de uvas pisqueras 58
6.2. Diferenciación de la riqueza y diversidad de la microbiota de las uvas pisqueras 611
6.3. Rol de los factores edafoclimáticos, geográficos y manejo agronómico en la generación del *terroir* microbiano del Pisco.....62
6.4. Contribución de la microbiota de las uvas pisqueras a la identidad regional del Pisco 64
VII. CONCLUSIONES 64
8. RECOMENDACIONES 66
9. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS 67

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Factores que influyen en la determinación del *terroir* microbiano del Pisco ….....16

Figura 2. Área de estudio……..... 23

Figura 3. Diseño de toma de muestras de bayas y agrupación en compósitos…24

Figura 4. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de las familias bacterianas en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio..…….…….....34

Figura 5. Gráfico de barras agrupadas que muestra la abundancia relativa de los géneros bacterianos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio……..37

Figura 6. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de los géneros bacterianos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio...……..…….….....38

Figura 7. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de las familias fúngicas en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio..... 40

Figura 8. Gráfico de barras agrupadas que muestra la abundancia relativa de los géneros fúngicos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio……...……...43

Figura 9. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de los géneros fúngicos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio……..…….....44

Figura 10. Ordenamiento de escala multidimensional no métrica (NMDS)…....50

Figura 11. Riqueza y diversidad bacteriana. …….....52

Figura 12. Riqueza y diversidad fúngica……..…….....53

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Variedades de uvas pisqueras: descripción y distribución……..14

Tabla 2. Variedades de uvas pisqueras no aromáticas (Mollar, Negra Criolla, Quebranta, Uvina) y aromáticas (Albilla, Italia, Moscatel, Torontel) de Ica y Arequipa ……..…….....22

Tabla 3. Características de las ocho variedades de uvas pisqueras…… 29

Tabla 4. Porcentajes de familias de bacterias predominantes en muestras de bayas de uvas pisqueras por región de estudio……...31

Tabla 5. Porcentajes de géneros predominantes de bacterias en muestras de bayas de uvas pisqueras por región de estudio……...34

Tabla 6. Porcentajes de familias predominantes de hongos y levaduras en muestras de bayas de uvas pisqueras, por región de estudio……..... 38

Tabla 7. Porcentajes de géneros predominantes de hongos en muestras de uvas pisqueras por región de estudio.....41

Tabla 8. Actividades biológicas de géneros predominantes registrados en muestras de bayas, por variedad de uva pisquera……..46

Tabla 9. Características edafoclimáticas de los viñedos en las regiones de estudio……54

Tabla 10. Descripción de la biodiversidad y manejo del viñedo (prácticas culturales) en las zonas de estudio……56

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Glosario de términos ……..... 92

Anexo 2: Diagrama de flujo de la elaboración del Pisco, según la Norma Técnica Peruana - NTP 212.034:2007……..……93

Anexo 3: Registro de parámetros de clima – Estación Tacama…….....94

Anexo 4: Registro de parámetros de clima – Estación Aplao …….....95

Anexo 5: Géneros bacterianos identificados en las uvas pisqueras de las Regiones Arequipa e Ica …….....96

Anexo 6: Géneros fúngicos identificados en las uvas pisqueras de las Regiones Arequipa e Ica…… 107

Anexo 7: Artículo publicado, Revista OENO One – Q1……..... 113

Resumen

Las uvas pisqueras, y la microbiota asociada a ellas, son insumos fundamentales para la elaboración del Pisco, por lo que conocer la composición de esta microbiota tiene un alto valor para el soporte técnico en el conocimiento de la identidad regional. Para ello, la aplicación de herramientas moleculares, en este caso *metabarcoding*, permite una exploración más amplia del microbioma de las bayas. El objetivo de la presente investigación fue analizar la microbiota de las ocho uvas pisqueras de dos regiones con Denominación de Origen (Ica y Arequipa), como contribución al desarrollo de sus identidades regionales. Se realizó el análisis, por *metabarcoding* de los loci 16S rRNA e ITS1, de 16 muestras compósito de bayas procedentes de estas regiones, para la determinación de comunidades bacterianas y fúngicas. En bacterias, los géneros predominantes fueron *Ralstonia, Gluconobacter, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium, Komagataeibacter* y algunas especies no clasificadas pertenecientes a la familia *Orbaceae*. A su vez, en los hongos se identificaron los géneros *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps, Alternaria* y algunas especies no clasificadas del orden Saccharomycetales; identificándose a su vez su importancia enológica o fitosanitaria, así como su riqueza y diversidad. Además, se determinó que las áreas geográficas (Ica y Arequipa), factores edafoclimáticos y manejo agronómico contribuyen al terroir del Pisco y al desarrollo de sus identidades regionales. Estos resultados exploratorios han develado la composición de la microbiota de las uvas pisqueras, lo que contribuirá a la comprensión y desarrollo de sus identidades regionales.

Palabras claves: Microbiota, *metabarcoding*, uvas pisqueras, *terroir*, identidad regional, denominación de origen

Abstract

Pisco grapes and their associated microbiota, are fundamental ingredients in the production of Pisco. Therefore, understanding the composition of this microbiota is highly valuable for providing technical support in understanding regional identity. To this end, the application of molecular tools, in this case *metabarcoding*, allows for a broader exploration of the microbiome of the berries. The objective of this research was to analyze the microbiota of the eight pisco grapes from two regions with Designation of Origin (Ica and Arequipa) through *metabarcoding*, as a contribution to the development of their regional identities. *Metabarcoding* analysis of the 16S rRNA and ITS1 loci was performed on 16 composite berry samples from these regions to identify bacterial and fungal communities. In bacteria, the predominant genera were *Ralstonia, Gluconobacter, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium, Komagataeibacter*, and some unclassified species belonging to the *Orbaceae* family. In turn, in fungi, the predominant genera were *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps, Alternaria*, and some unclassified species of the order Saccharomycetales; their oenological or phytosanitary importance, as well as their richness and diversity, were also identified. In addition, it was determined that geographical areas (Ica and Arequipa), soil and climate factors, and cultivation practices contribute to the terroir of Pisco and the development of its regional identities. These exploratory results have revealed the composition of the microbiota of Pisco grapes, which will contribute to the understanding and development of their regional identities.

Keywords: Microbiota, *metabarcoding*, Pisco grapes, *terroir*, regional identity, designation of origin.

INTRODUCCIÓN

La viticultura en el país es una de las actividades frutícolas más importantes, por su extensión, valor de producción y aporte crucial a la industria vitivinícola nacional. Así, parte de este cultivo está conformado por las uvas pisqueras, las cuales constituyen la principal materia prima para la elaboración del Pisco, bebida emblemática peruana; representando el 56% de las exportaciones del sector "Pisco, vino, ron y demás aguardientes" del país (Asociación de Exportadores [ADEX] 2024). Entre el 2024 y 2025, las exportaciones peruanas de Pisco se incrementaron, específicamente se reportó la variación de enero a agosto 2025/2024 en un 12.59% ascendente (PromPerú 2025), si bien la industria vitivinícola aporta alrededor del 1% al PBI nacional, en los últimos años la industria del Pisco ha tenido un crecimiento notable (Sotomayor 2016) con el impulso de acciones para posicionar la bebida bandera en mercados internacionales.

Bajo ese enfoque, conocer la microbiota de las bayas de uvas pisqueras resulta fundamental. Por otro lado, las ciencias ómicas se han aplicado a una amplia variedad de áreas del conocimiento, y la industria vitivinícola es una de ellas (Welke *et al*. 2024). Particularmente, en el campo de la enología, existe una tendencia a establecer relaciones entre la composición de los metabolitos y la información proteómica, transcriptómica y genética de microorganismos claves en el proceso de elaboración del vino, como las levaduras y bacterias (Wang *et al*. 2023; Moura *et al*. 2024). En los últimos diez años, el *metabarcoding* ha sido utilizado para comparar regiones de ADN compartidos y distinguir taxones (Bunbury-Blanchette, 2024). Para la mayoría de aplicaciones, la metodología aplicada es la misma que la de otros enfoques metagenómicos (Melcher *et al*. 2014; Welsh *et al*. 2023), y en el caso de la microbiota de plantas, permiten mayor claridad en los perfiles de organismos que no son cultivables y que por lo tanto son casi desconocidas en los niveles taxonómicos y metabólicos (Campanaro *et al*. 2014).

Si bien es cierto que existen estudios biotecnológicos en el campo de la enología, con la aplicación de herramientas de secuenciación de nueva generación (NGS), entre ellas *metabarcoding*, la mayoría están enfocados a la producción del vino,

contribuyendo en la mejora de la calidad de los cultivos de uvas vineras (James *et al*. 2023). Varios estudios han demostrado que la composición de las comunidades microbianas de las uvas, o mostos en fermentación, difiere en función de la región donde se cultiva la vid (Bokulich *et al*. 2014; Belda *et al*. 2017; Nanetti *et al*. 2023); en otros casos, la composición de las poblaciones microbianas en mostos es influenciada por el entorno nativo que rodea el viñedo (Morrison-Whittle y Goddard 2018; García-Izquierdo *et al*. 2024). Las investigaciones relacionadas a la industria pisquera aún hacen uso limitado de herramientas biotecnológicas, y considerando que el Pisco está protegido con denominación de origen (INDECOPI 2007), se destaca la necesidad de conocer la microbiota nativa de las uvas pisqueras para comprender sus peculiaridades y heterogeneidad, factores que contribuyen a la identidad regional

Además, existen otros factores que afectan los cultivos de uva y su microbiota asociada, como la ubicación geográfica y el entorno en el que se cultivan las vides, los que influyen en la formación del *terroir* del Pisco. Se entiende por *terroir* al resultado de interacciones complejas entre biodiversidad, características edafoclimáticas, paisajes, interrelaciones bióticas y manejo agronómico (Leal *et al*. 2024; Onetto *et al*. 2024), las cuales ayudarán a describir la huella única del Pisco con patrones regionales.

En ese contexto, esta tesis tiene como objetivo analizar la microbiota de las ocho variedades de uvas pisqueras de dos regiones con Denominación de Origen (Ica y Arequipa), a través de *metabarcoding*, como contribución al desarrollo de sus identidades regionales. Se busca aportar al conocimiento de los patrones microbianos regionales (aún desconocidos). La evidencia de su interacción permitiría entender mejor la configuración de las calidades regionales del Pisco que inician desde las bayas. Así también, se espera que este estudio represente un insumo para la industria pisquera y que, en próximas investigaciones pueda ser replicada en las uvas pisqueras cultivadas en las otras regiones con denominación de origen.

ANTECEDENTES

2.1. Denominación de Origen del Pisco

La denominación de origen está conformada por el nombre de un lugar (ámbito geográfico) que distingue productos cuyas características se deben a factores ambientales de la zona (clima, horas de sol, precipitación, agua, tipo de suelo, entre otros), así como factores humanos asociados, tales como las formas tradicionales de elaboración, conocimientos ancestrales y costumbres de los productores de dicho ámbito geográfico (OMPI 2023).

La titularidad de esta Denominación de Origen en el Perú es el Estado Peruano y se puede conceder la autorización de uso a los productores de la zona geográfica de origen a fin que distingan sus productos empleando dicha denominación, siempre que cumplan con los requisitos obligatorios por la normativa vigente. La utilidad práctica de este reconocimiento es que refuerza la protección contra una amplia gama de actos que representen un aprovechamiento de la reputación del Pisco dentro y fuera de territorio nacional (INDECOPI 2024). El Pisco fue declarado Denominación de Origen mediante Resolución Directoral N° 072087-DIPI, del 12 de diciembre de 1990, ratificada por Decreto Supremo N° 001-91-ICTI/IND del 16 de enero de 1991.

Así, se denomina Pisco al producto obtenido exclusivamente por destilación de mostos frescos de uvas pisqueras recientemente fermentados, utilizando métodos que mantengan los principios tradicionales de calidad y producidos en la costa de los departamentos de Lima, Ica, Arequipa, Moquegua y los Valles de Locumba, Sama y Caplina de Tacna (INDECOPI 2007).

2.2. Origen y características de las uvas pisqueras

La introducción de las vides *Vitis vinifera* en Perú data de principios del siglo XVI con la llegada de los españoles (Aliquó *et al*. 2017). Desde entonces, Perú se convirtió en un importante centro secundario para el cultivo de la vid a nivel de Sudamérica, siendo Listán Prieto la variedad española predominante en estos

cultivos por más de 300 años. Otra de las variedades con representación significativa en la producción del Pisco ha sido el Moscatel de Alejandría (Italia). Diversos estudios han demostrado que estas dos variedades fueron las progenitoras de las demás variedades y cultivares sudamericanos (Boursiquot *et al*. 2014). Es así que, a partir del siglo XVII se inicia la producción de aguardientes en el Perú (Palma *et al*. 2025), con la adaptación de la uva Italia para la elaboración del Pisco y con el nacimiento de la uva pisquera Quebranta que surge como resultado del cruce de los cultivares Listan Prieto y Mollar Cano (This *et al*. 2006). Posteriormente, se fueron adaptando otras variedades pisqueras como la Negra Criolla y Albilla, y a su vez surgieron nuevas variedades como Mollar, Moscatel y Torontel, todas registradas en el Catálogo Internacional de Variedades de *Vitis*, excepto la Uvina, la cual no tuvo asociación por ser un híbrido, producto del cruzamiento de *Vitis aestivalis* M. x *Vitis cinerea* E. x *Vitis vinifera* L., sin embargo, sí está considerada dentro del Reglamento de la Denominación de Origen del Pisco (INDECOPI, 2007).

Asimismo, el nombre principal de las uvas pisqueras a nivel internacional en su mayoría difiere del nombre local, por lo tanto, es necesario conocer, además, el origen de éstas y los países de distribución de estas variedades (Tabla 1).

Tabla 1. Variedades de uvas pisqueras: descripción y distribución.

Elementos descriptivos	**Uvas Pisqueras**							
Nombre local	**Mollar**	**Negra Criolla**	**Quebranta**	**Uvina**	**Albilla**	**Italia**	**Moscatel**	**Torontel**
Nombre principal	Mollar de Ica	Listán Prieto	Quebranta	Jacquez	Palomino Fino	Moscatel de Alejandría	Moscatel Negro de Perú	Torontel Peruano
Origen	Perú	España	Perú	Estados Unidos	España	Grecia	Perú	Perú
Cultivo en otros países	Chile, Argentina	Chile, Argentina, Perú, USA, México	-	España, Brasil, Perú	Ecuador, España, Perú	Chile, Argentina, Bolivia, España, Perú, y otros	Chile, Argentina	Chile

Fuente: Adaptado de Palma *et al*. (2025).

2.3. El *terroir* microbiano y su importancia en la industria del vino y Pisco

El *terroir* microbiano es la combinación de múltiples factores como clima, suelo, geografía, manejo agronómico, entre otros, en interacción con comunidades

microbianas que brindan características regionales de sabor único, resaltando cualidades sensoriales a los productos elaborados (Rezende *et al*. 2024) (Anexo 1). El valor económico proporcionado por esa identidad regional puede ser un incentivo para la preservación de la biodiversidad de los suelos (Bokulich *et al*. 2016), por lo que mediante la gran cantidad de datos que se pueden obtener utilizando las técnicas de secuenciación masiva y su interpretación mediante la bioinformática, es posible estudiar las relaciones entre el microbioma y las propiedades del *terroir*, tales como lo demuestra el estudio realizado por Griggs *et al*. (2021), donde indica que comprender el origen de la microbiota en los viñedos es fundamental para conocer el *terroir* microbiano, siendo un factor clave en el carácter del vino regional.

La industria vitivinícola generalmente maneja variedades con diferentes características a nivel de bayas (tamaño, forma, color, sabor, rendimiento, etc.) asociadas a variaciones en la estructura y composición del suelo, clima, manejo del riego y manejo agronómico (Oyuela *et al*. 2020). Sin embargo, las comunidades de microorganismos coexistentes con la planta también juegan un rol importante para determinar las características del viñedo (Liu y Howell 2021). Por ello, los factores físicos (clima, suelo) y biológicos (variedad de uva, flora y fauna asociada), así como las técnicas enológicas, trabajan juntos para determinar las características sensoriales de un fermentado o destilado de una región en particular, estableciendo el concepto de *terroir* (Pretorius 2020; Zhou *et al*. 2021).

Así también, los resultados de Burns *et al*. (2015) y Grangeteau *et al*. (2017) correlacionan el manejo agronómico en viñedos con la composición de la microbiota del suelo y la uva, así como su comportamiento posterior en la bodega, lo que refuerza la estrecha relación entre las prácticas antropogénicas y microbiológicas del *terroir*; reforzándose el rol indispensable del *terroir* en la identidad y la valorización de un producto (Tonietto y Carbonneau 2004; Cadot *et al*. 2012; Johnston-Monje *et al*. 2023).

Los antecedentes sobre los factores que constituyen el *terroir* del vino, son aplicables al caso de la viticultura pisquera, pues el desarrollo de las bayas pasa por el mismo proceso de crecimiento y maduración. Asimismo, la distancia geográfica, ya sea entre variedades de uvas pisqueras pertenecientes a un mismo viñedo (intraviñedo) o diferentes viñedos (interviñedo) de una o más regiones con

denominación de origen, es importante en el caso del Pisco, porque contribuyen a describir los patrones microbianos de una región (*terroir*) (Fig. 1).

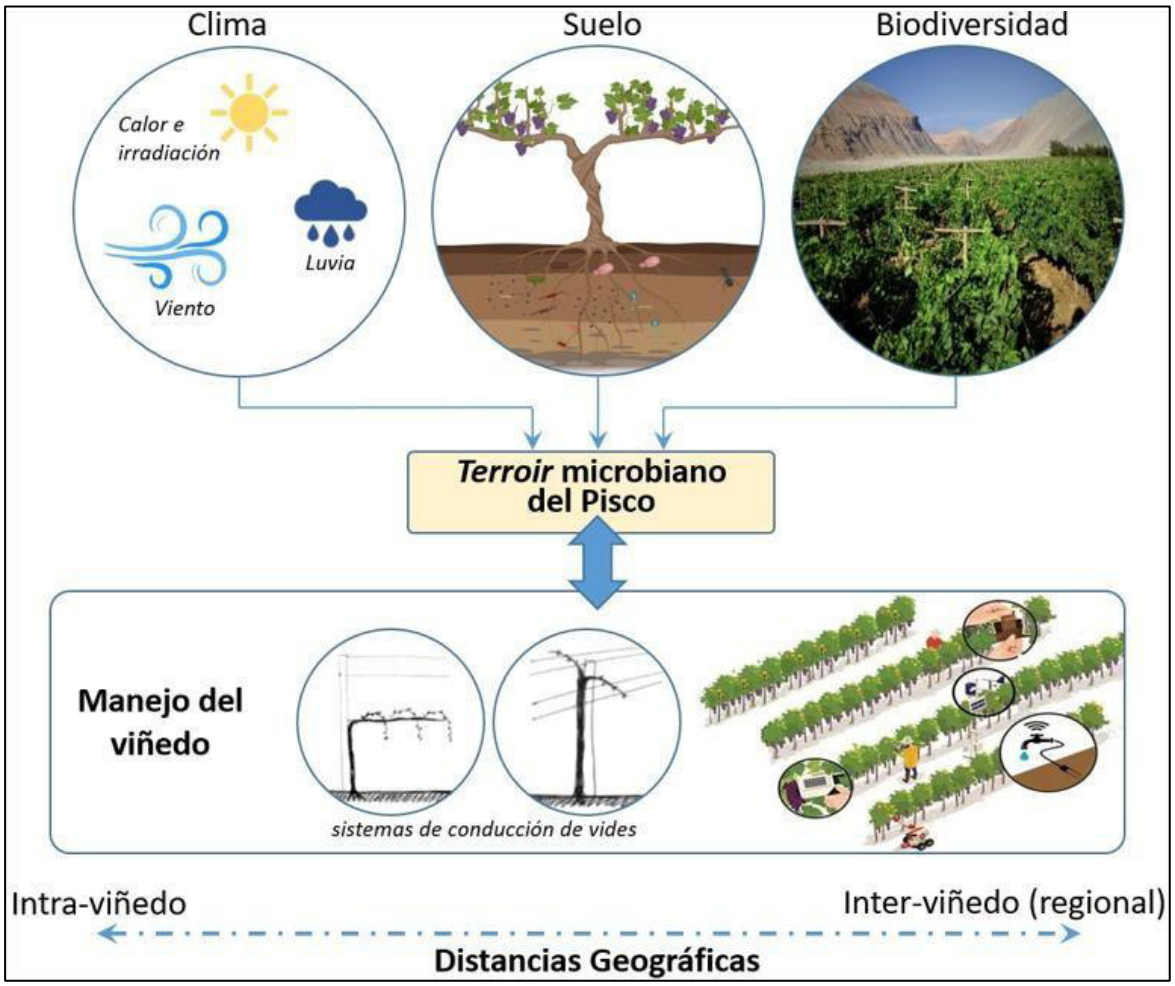


Figura 1. Factores que influyen en la determinación del *terroir* microbiano del Pisco en los viñedos (Adaptado de García-Izquierdo *et al*. 2024).

2.4. Las uvas pisqueras en la elaboración del Pisco

Las uvas pisqueras están representadas por las variedades Albilla, Italia, Mollar, Moscatel, Negra Criolla, Quebranta, Torontel y Uvina (Cáceres *et al*. 2017), son las únicas autorizadas para la elaboración del Pisco, y deben ser cultivadas únicamente en la costa de los departamentos de Lima, Ica, Arequipa, Moquegua, y los valles de Locumba, Sama y Caplina en el departamento de Tacna (INDECOPI 2024).

Diversos estudios han caracterizado muestras de viñedos en los Valles de Ica y Cañete, usando microsatélites y descriptores morfológicos (Mendoza *et al*. 2019). Otros estudios se enfocaron principalmente en la fase de fermentación y destilado

del Pisco, usando la técnica de micro extracción por fase sólida (SPME) en combinación con cromatografía de gases (GC-MS), a través de lo cual se detectaron tres grupos químicos principales, como terpenos, ésteres y alcohol superior (alcohol feniletílico), además de otros compuestos en menor proporción (Jiménez 2014). Otra investigación se enfocó en la identificación de cepas de levaduras nativas para la elaboración del Pisco Quebranta, empleando técnicas microbiológicas y moleculares, para la identificación del perfil taxonómico y análisis fisicoquímico y organoléptico para la evaluación de aislados del destilado, donde se reportó que la cepa *UNA SC-49,* aportó características enológicas relevantes en el Pisco Quebranta (Almanza *et al*. 2023). Por otro lado, se ha realizado el aislamiento y caracterización de cepas de levaduras "No *Saccharomyces*" encontradas en uvas pisqueras Italia y Negra Criolla de la región Moquegua. Se caracterizaron los compuestos volátiles y atributos sensoriales del Pisco a partir del destilado de estas muestras, registrándose diferencias químicas en las levaduras "No *Saccharomyces*" según su variedad, así como diferencias en los perfiles volátiles (Napa-Almeyda *et al*. 2023).

No obstante, el conocimiento sobre la microbiota de las ocho uvas pisqueras en las diferentes regiones del Perú, que cuentan con denominación de origen, es aún limitado, por lo que identificar la composición de las comunidades microbianas resulta clave para el sector pisquero, adicionalmente esta información contribuirá a mejorar el manejo fitosanitario de las plantas, teniendo en cuenta que, aparte de identificar microorganismos benéficos que mejoran la productividad de las uvas pisqueras, también informa sobre fitopatógenos, que podrían ocasionar pérdidas o afectar los frutos trayendo como consecuencia una baja calidad del destilado (Patel y Jha 2024; Jumbam *et al*. 2025)

2.5. La microbiota en los viñedos

La mayoría de investigaciones están referidas al análisis de las comunidades microbianas, pero centradas en la uva de vinificación. Por ejemplo, caracterización de microorganismos patógenos de la vid (Bubeck *et al*. 2020), caracterización cultivo-dependiente de microorganismos endofíticos y epifíticos de la vid (Zhou *et al*. 2020; Ranade *et al*. 2023; Bekris *et al*. 2025; Guo *et al*. 2025; Zhao *et al*. 2026), caracterización y diversidad de microorganismos en diferentes etapas de la

fermentación del vino (Mandakovic *et al*. 2020; Aleynova *et al*. 2023; Martiniuk *et al*. 2023; Shimizu *et al*. 2023; Liu *et al.* 2025) y diversidad microbiológica asociada a patrones geográficos y manejo agronómico de la uva (Vitulo *et al*. 2019; Blanco *et al*. 2024), entre otros.

Complementariamente, se identificaron estudios comparativos de la microbiota de diferentes variedades de uva o diferentes regiones, enfocados en la composición de la microbiota epífita (Gao *et al*. 2019; Hall *et al*. 2019); etapa de fermentación (Zhang *et al*. 2019; Bagheri *et al*. 2019; Bouki *et al*. 2025) y factores geográficos (Papadopoulou *et al*. 2022), entre otros.

Otra aplicación del análisis de la microbiota en bayas se enfoca en prevenir la contaminación microbiana en el proceso de elaboración de vinos y destilados, pues generalmente, esta contaminación está asociada a problemas de fermentación, incremento de acidez volátil, presencia de sabores y aromas desagradables, producción de aminas biógenas, entre otros (Barbero 2017). Un mayor entendimiento del microbioma del viñedo permite al viticultor identificar estrategias de control oportunas y sostenibles, reduciendo así el uso de tratamientos químicos y empleando aplicaciones focalizadas (Gobbi *et al*. 2022). Además, a nivel de bodega, conocer el microbioma permite al enólogo reducir la concentración de compuestos sulfurosos y la adición de enzimas y nutrientes, incluso determinar la necesidad de inoculación de algún tipo de levadura o bacteria (Belda *et al*. 2017).

Por lo tanto, descifrar el potencial del microbioma y su relación con los cultivos es un desafío actual que resulta crucial para el desarrollo de nuevas aplicaciones tecnológicas, que permitan incrementar la productividad agrícola de forma sostenible, así como conocer la influencia de los patrones biogeográficos en la diversidad microbiana (Cachón *et al*. 2019; Griggs *et al.* 2025).

2.6. El avance de la biotecnología en la industria vitivinícola

En la última década se ha visto un salto significativo en la comprensión de la ecología microbiana de destilados vitivinícolas, ya que se han aplicado diferentes métodos moleculares para explorar aún más los sistemas microbianos presentes en otras etapas de la cadena vitivinícola además de la fermentativa (Mills *et al*. 2008; Anagnostopoulos *et al*. 2019; Liu *et al*. 2021). La prospección de la biodiversidad contribuye al descubrimiento de vínculos entre las poblaciones

microbianas y el desarrollo del sabor, lo que permite conocer mejor el origen de las propiedades organolépticas (Bokulich *et al*. 2013). Las llamadas tecnologías de secuenciación de nueva generación (*Next Generation Sequencing* - NGS) han dado paso a una nueva era de vigilancia de la biodiversidad, que permite el análisis de alto rendimiento de comunidades microbianas complejas a través de amplicones cortos (Urra *et al*. 2023), así como el estudio de genomas de comunidades microbianas completas, incluidas las de organismos no cultivables, proporcionando por lo general una profundidad de secuenciación adecuada para caracterizar el 99.99% de la microbiota (García-Izquierdo *et al*. 2024). Esto ha facilitado el análisis ecológico comparativo a gran escala y, con una sensibilidad muy superior a la de las tecnologías de primera generación, lo cual proporciona comparaciones relativamente cuantitativas de comunidades microbianas a profundidades previamente inalcanzables (Flörl *et al*. 2025a; Legesse *et al*. 2025).

De manera específica, el uso de técnicas basadas en la secuenciación de alto rendimiento, como el *metabarcoding*, han traído consigo nuevas oportunidades de investigación en viticultura y enología, mediante la secuenciación de marcadores específicos amplificados directamente a partir de ADN ambiental, sin necesidad de enriquecimiento o cultivo previo de la muestra (Morgan *et al*. 2017; Martins *et al*. 2024; Pinto *et al*. 2025)

Entre las aplicaciones destacables están: el perfil de las comunidades microbianas y la composición de nutrientes del suelo en dos viñedos y tres variedades de uvas (Rezende *et al*. 2024), análisis en vino botritizado, que permitieron explorar las comunidades bacterianas de la fermentación del vino (Bubeck *et al*. 2020); caracterización del microbioma de la vid en relación a factores bióticos y abióticos en tres regiones vitivinícolas argentinas (Oyuela 2019), monitorización del microbioma de un viñedo, para detección de enfermedades y aplicación de tratamiento y control de microorganismos (Bouki *et al*. 2020; Teixeira *et al*. 2024;). Estas investigaciones muestran la contribución de la caracterización mediante *metabarcoding* para estudios descriptivos y comparativos en las primeras etapas de la producción del vino (Belda *et al*. 2020; Ding *et al*; 2026). Del mismo modo, se destaca el uso de *metabarcoding* en la identificación exhaustiva de microorganismos presentes en muestras complejas (uvas, mostos y fermentados),

resaltando un papel fundamental en la disección de la contribución del entorno del viñedo a la fermentación del vino (Stefanini y Cavalieri 2018; Zhao *et al*. 2025), así como aquellos referentes al aporte de la microbiota de la vid nativa en la elaboración de vinos de regiones específicas (Bokulich *et al*. 2016; Flörl et al. 2025b).

De esta manera, el enfoque de *metabarcoding*, ha demostrado ser adecuado para el análisis de las comunidades microbianas, sin dependencia del cultivo, y otras ventajas asociadas al bajo costo, accesibilidad a amplias bases de datos (Morgan *et al*. 2017; Berbegal *et al*. 2019; Villano *et al*. 2022; Fernandes *et al*. 2023; Yao 2023). Por otro lado, es importante anotar que no todos los microorganismos se amplifican por PCR con la misma eficacia bajo un mismo sistema de cebadores, lo cual puede conllevar a sesgos sistemáticos que excluyan algunos taxones importantes en las vides, mosto y destilado (Di Gianvito *et al.* 2025). En algunos casos, la identificación taxonómica de las secuencias generadas no es sencilla, puesto que puede existir una sobrerrepresentación en la amplificación de las regiones 16S o ITS (Sirén *et al*. 2019).

I. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS

3.1. Hipótesis

La composición de la microbiota de las ocho variedades de uvas pisqueras en las regiones con Denominación de Origen Ica y Arequipa respondería principalmente a diferencias regionales, mientras que las diferencias varietales tendrían un rol secundario.

3.2. Objetivos

Objetivo General

Analizar la microbiota de las ocho variedades de uvas pisqueras de dos regiones con Denominación de Origen (Ica y Arequipa), a través de *metabarcoding*, como contribución al desarrollo de sus identidades regionales.

Objetivos Específicos

1. Determinar la composición bacteriana y fúngica presentes en las bayas de uvas pisqueras mediante *metabarcoding*.
2. Contrastar la microbiota en las bayas de las ocho uvas pisqueras procedentes de las regiones de Ica y Arequipa.
3. Describir cualitativamente los factores edafoclimáticos y el manejo agronómico de las localidades de estudio en Ica y Arequipa, como contribución al *terroir* del Pisco y el desarrollo de sus identidades regionales.

II. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1. Material biológico

El estudio se realizó a partir de bayas de *Vitis vinifera* L. “uva” en sus ocho variedades: Mollar, Negra Criolla, Quebranta y Uvina (no aromáticas), Albilla, Italia, Moscatel y Torontel (aromáticas), identificadas de acuerdo al Catálogo Ampelográfico de Variedades de Uvas Pisqueras de la Denominación de Origen Pisco - Perú (CITEagroindustrial Ica 2011), (Cáceres *et al*. 2017) (Tabla 2).

Tabla 2. Variedades de uvas pisqueras no aromáticas (Mollar, Negra Criolla, Quebranta, Uvina) y aromáticas (Albilla, Italia, Moscatel, Torontel) de Ica y Arequipa. Fuente: R. Sotomayor.

	Variedades	Ica	Arequipa
NO AROMATICA	Mollar (Mol) *Vitis vinifera* L.		
	Negra Criolla (NeC) *Vitis vinifera* L.		
	Quebranta (Que) *Vitis vinifera* L.		
	Uvina (Uvi) *Vitis aestivalis* M. – *Vitis cinerea* E. x *Vitis vinifera* L.		
AROMATICA	Albilla (Alb) *Vitis vinifera* L.		

	Italia (Ita) *Vitis vinifera* L.		
	Moscatel (Mos) *Vitis vinifera* L.		
	Torontel (Tor) *Vitis vinifera* L.		

4.2. Área de estudio

Los viñedos de donde se obtuvieron las muestras biológicas se ubican en el CITEagroindustrial Ica (13°59'51"S, 75°46'03"O, 407 msnm), y Viñedo Álvarez (14°01'17"S, 72°44'44"O, 407 msnm), de la Región Ica; así como el Viñedo Majes Tradición (16°18'00"S, 72°29'42"O, 618 msnm), de la región Arequipa, dos regiones del Perú protegidas con denominación de origen para el Pisco (INDECOPI 2007) (Fig. 2).

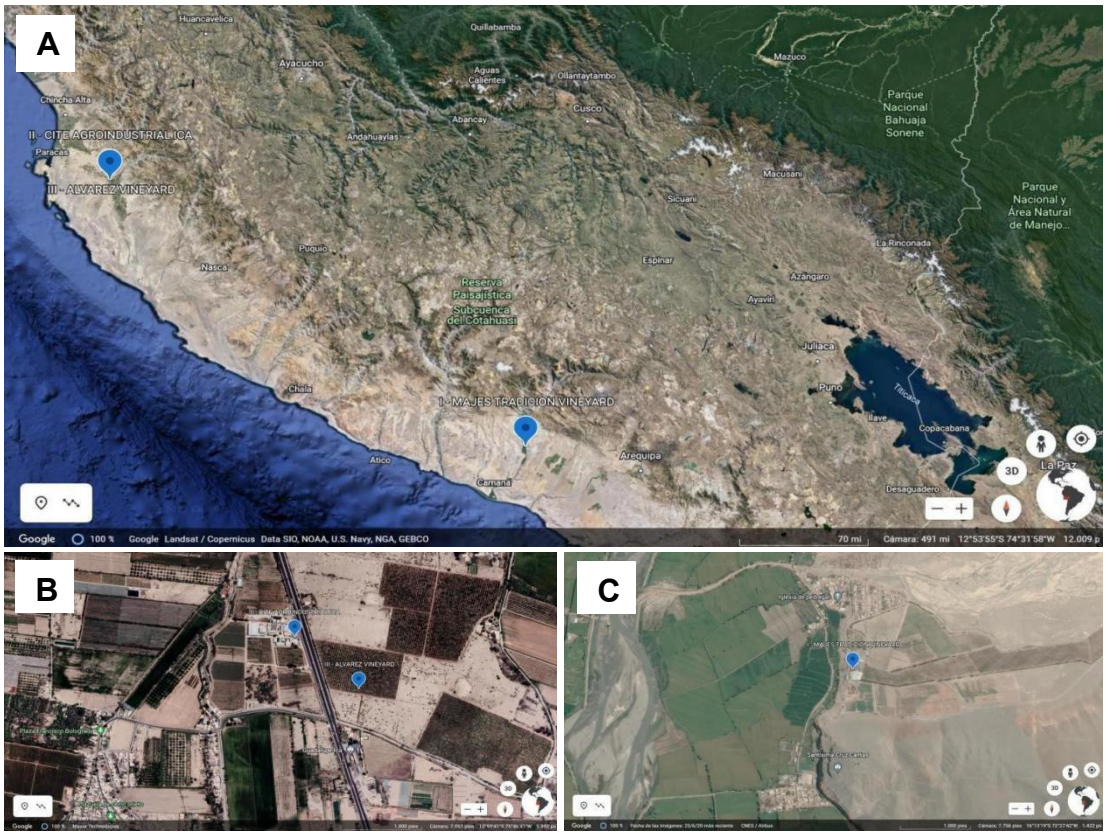


Figura 2. Área de estudio: A) Vista topográfica de las áreas de muestreo, B) CITEagroindustrial Ica y Viñedo Álvarez, Ica, C) Viñedo Majes Tradición, Arequipa.

Las muestras provenientes del CITEagroindustrial Ica y Viñedo Álvarez (en Ica), así como las del Viñedo Majes Tradición (en Arequipa), corresponden a colecciones ampelográficas destinadas a investigación y comprenden las ocho uvas pisqueras empleadas en la elaboración del Pisco en el Perú. Se resalta la relevancia del muestreo para facilitar el análisis comparativo, dado que solo en las áreas de estudio mencionadas se cultivan juntas las ocho uvas pisqueras, bajo las mismas condiciones ambientales y de manejo, en áreas destinadas a investigación.

4.3. Colecta de muestras

La colecta se realizó en la etapa pre-cosecha, durante el mes de febrero del 2020, a partir de 9 plantas delimitadas a un cuadrante de 49 m^2 (7x7m). Las muestras se agruparon en 3 compósitos, teniéndose 3 réplicas técnicas por sitio (adaptado de Oyuela 2019) y estuvieron distribuidas en el total del área cultivada de cada variedad de uva pisquera y disponible para el estudio (Fig. 3). Las zonas de muestreo de Ica y Arequipa son las únicas que cuentan con las ocho variedades de uvas pisqueras creciendo bajo las mismas condiciones en áreas destinadas a investigación y con tamaños de parcelas comparables. El manejo de los viñedos estuvo alineado a las buenas prácticas agrícolas para la producción de uvas pisqueras (INACAL 2017a), con métodos convencionales de cultivos. Las muestras de bayas se colectaron asépticamente, utilizando tijeras desinfectadas y guantes. Todas las muestras fueron preservadas en bolsas de primer uso, etiquetadas con su respectiva nomenclatura, y transportadas en cadena de frío al laboratorio, manteniéndolas a -20ºC hasta su procesamiento.

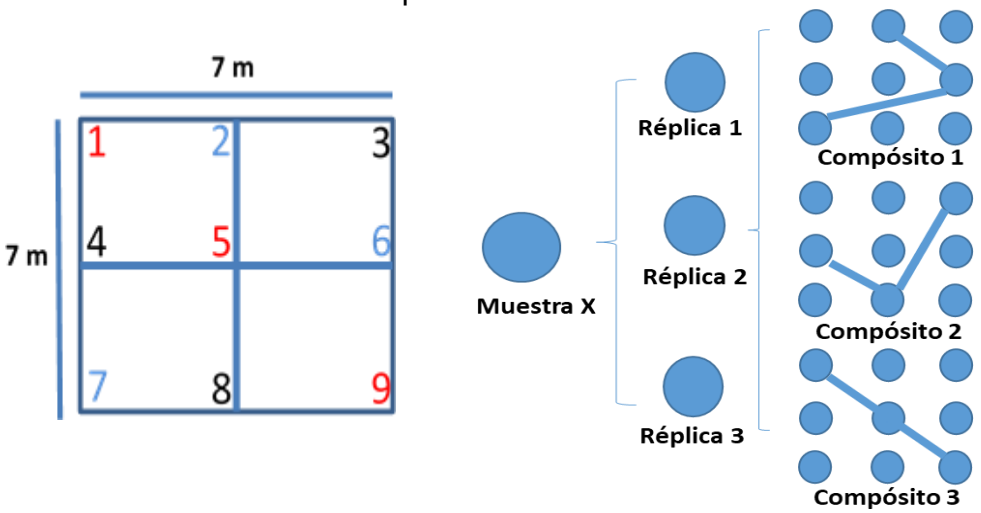


Figura 3. Diseño de colecta de bayas y agrupación en compósitos (Adaptado de Oyuela 2019). Cada punto es una parte de la muestra compuesta que se mezcla y homogeniza para generar 3 réplicas biológicas. Réplica biológica 1 (rojo): se genera mezclando los puntos 1, 5, 9; Réplica biológica 2 (azul): se genera mezclando los puntos 2, 6, 7; Réplica biológica 3 (negro): se genera mezclando los puntos 3, 4, 8.

Para los datos climáticos, solo se consideraron temperatura, precipitación y humedad relativa, debido a su disponibilidad. Estos fueron recopilados de las estaciones meteorológicas más cercanas a los viñedos (Estación Tacama en Ica y Estación Aplao en Arequipa) y se obtuvieron del Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú (SENAMHI). Los datos utilizados corresponden a valores promedios de la data registrada durante todo el mes de febrero (mes de cosecha) del 2020 (Anexos 3 y 4); de manera similar, los parámetros de altitud fueron obtenidos de los registros oficiales del SENAMHI. En relación al pH del suelo, estos datos se registraron *in situ*. Adicionalmente, se describió el entorno, identificando cultivos aledaños y fauna visible, los mismos que fueron contrastados con los responsables del viñedo. En relación al manejo del viñedo, la información fue brindada por el personal a cargo, considerándose las aplicaciones fitosanitarias (aplicaciones de insumos químicos a nivel de hojas y bayas), sistemas de conducción (parronales, poda) y riego (por goteo o tecnificado) como parte del manejo agronómico que son importantes en la determinación cualitativa de la microbiota (Flörl *et al*. 2025b; Wang *et al*. 2025; Bahlouli *et al*. 2025).

4.4. Preparación de la muestra

Cada muestra consistió en un compósito de bayas de 9 individuos, distribuidos en 3 grupos o réplicas técnicas por variedad, por región (Fig. 4). Al compararse dichas réplicas y evidenciarse una alta homogeneidad en términos de concentración y calidad del ADN, estas fueron combinadas para generar una muestra compuesta por variedad, con el fin de cumplir con las condiciones del financiamiento otorgado por Gen Lab del Perú S.A.C. (secuenciación NGS de 16 muestras).

Cada muestra estuvo representada por 100 g de bayas (provenientes de compósitos), las cuales se lavaron con 100 mL de agua destilada. Esta agua fue centrifugada a 10,000 x *g* (RCF, ≈ 9,500 rpm) por 5 minutos en frío y el

sobrenadante fue eliminado. Las uvas fueron trituradas en morteros, con arena fina estéril, a fin de obtener una masa homogénea, la que fue distribuida en tubos de 2mL y centrifugada a 4,000 x *g* (RCF, ≈ 6000 rpm) por 10 minutos. El sobrenadante fue conservado para su posterior uso.

El pellet resultante del lavado y la solución obtenida de las uvas trituradas, se unieron en proporción de 1:1 para su concentración final y posterior almacenamiento a -20 °C hasta la extracción del ADN (Siguiendo a Oyuela 2019).

4.5. Extracción de ADN

El ADN de las muestras fue extraído siguiendo el protocolo CTAB (Doyle y Doyle 1987), modificado por Li *et al*. (2013) al optimizar la purificación mediante una mayor concentración de sales y agentes antioxidantes. La integridad del ADN obtenido se evaluó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.2%. La cuantificación se realizó con un fluorómetro Qubit®2.0 155 (Thermo Scientific™) y el control de calidad con un espectrofotómetro NanoDrop™ 2000/2000c (Thermo Fisher Scientific) (Cruz-Silva *et al*. 2023). Para evaluar la pureza se midieron las relaciones de absorbancia espectrofotométrica 260/280 nm y 260/230 nm.

4.6. Preparación de bibliotecas de genes ARNr 16S e ITS

La preparación de las bibliotecas se realizó siguiendo el protocolo estándar de Illumina utilizando un enfoque de *metabarcoding*, basada en la amplificación y secuenciación masiva de regiones génicas específicas. Para las regiones variables V3, V4 del gen del ARNr 16S, se consideró dos etapas de limpieza de PCR y la cuantificación y normalización de la biblioteca. Se emplearon los cebadores bacterianos específicos, 16SF = 5'- TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAG ACAGCCTACGGGNGGCWGCAG -3’ y 16SR = 5'- GTCTCGTGGGCTCGGAGA TGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTATCC -3’. El juego de primers contiene los adaptadores de Illumina adecuados para crear un único amplicón de aproximadamente ~ 550 pb (Pinto *et al*. 2014). Una vez concluida la amplificación de muestras, se procedió a la limpieza de PCR empleando perlas AMPure XP, que purifican el amplicón 16S V3 y V4 de dímeros y cebadores no usados; a continuación, se añadieron índices duales y adaptadores de secuencia de Illumina, mediante el Kit de índice Nextera XT. Luego se procedió a una limpieza final, con perlas AMPure XP, antes de la cuantificación.

Durante la etapa de cuantificación, las bibliotecas finales se cuantificaron por fluorometría. Las bibliotecas concentradas fueron diluidas utilizando tampón de resuspensión (RSB). Posteriormente, se tomaron alícuotas de 5 µL de ADN diluido de cada biblioteca para la normalización y agrupamiento de aquellas bibliotecas que contenían índices únicos (*unique dual indexes*), con el fin de obtener la mezcla final para secuenciación. Las bibliotecas agrupadas fueron desnaturalizadas mediante la adición de 5 µL de NaOH 0,2 N a 5 µL de la mezcla de bibliotecas, incubándose durante 5 minutos a temperatura ambiente. Posteriormente, las bibliotecas desnaturalizadas se diluyeron con tampón de hibridación y se sometieron a una desnaturalización térmica a 96°C durante 2 minutos antes de la secuenciación en MiSeq. Cada corrida incluyó un mínimo de 5% de PhiX, como control interno de estas bibliotecas diversas.

Para preparar la biblioteca de genes ITS, se amplificó la región ITS1 mediante PCR de ciclo limitado (25 ciclos) y, seguidamente se agregó los adaptadores de secuenciación de Illumina y códigos de barras de doble índice al objetivo del amplicón. El procedimiento fue similar al que se realizó para bacterias, es decir, también tuvo dos etapas de limpieza de PCR y la cuantificación y normalización de la biblioteca.

Las secuencias específicas de genes utilizados en este protocolo correspondieron a la región fúngica ITS1 entre los genes de ARNr 18S y 5.8S. Incluyeron los cebadores ITS1-F = 5'- CTTGGTCATTTAGAGGAAGTA A-3' e ITS2 5'- GCTGCG TTCTTCATCGATGC -3' de Bellemain *et al*. (2010), los cuales se utilizan ampliamente para estudios de códigos de barras de hongos.

4.7. Secuenciación

Se realizó la secuenciación masiva. Las 16 muestras (8 variedades de uvas pisqueras por 2 regiones geográficas) se procesaron en una sola ejecución en la plataforma Illumina MiSeq mediante química de extremos emparejados de 2 x 300 pb. La secuenciación se realizó en la empresa Gen Lab del Perú S.A.C.

4.8. Procesamiento bioinformático

Los datos de secuenciación fueron organizados y separados en archivos individuales, facilitando el análisis específico de cada uno (Boutchot *et al*. 2014).

Se realizó el demultiplexado, que consiste en la asignación de las lecturas de secuenciación a sus respectivas muestras de origen mediante el reconocimiento de los índices o códigos de barras incorporados durante la preparación de las bibliotecas; para ello se aplicó el software bcl2fastq V.2.17.1.14 (Illumina). Asimismo, el procesamiento de datos y los análisis preliminares se trabajaron en el Sistema Miseq, utilizando el software *MiSeq Reports* (MSR) (Illumina).

La clasificación de organismos considera la base de datos de Greengenes (http://greengenes.lbl.gov/). A partir de los datos preliminares, se realizó una limpieza y descontaminación de la data general tanto para 16S como ITS, seleccionando así los resultados de interés para la investigación.

4.9. Análisis estadístico

Las métricas de diversidad alfa y diversidad beta se calcularon utilizando *R package Phyloseq* v.1.26.1 (Swift *et al*. 2021), para las muestras bacterianas y fúngicas se calcularon tres métricas de diversidad Alfa: 1) Índice de riqueza Chao1, basado en la abundancia, que requiere datos pertinentes a la abundancia de muestras individuales pertenecientes a una categoría específica, donde su valor más alto sugiere una diversidad de especies relativamente mayor dentro de la muestra; 2) Índice de diversidad Shannon, basado en la estimación del nivel de incertidumbre asociado a la predicción de la identidad de la especie de un individuo seleccionado aleatoriamente de un conjunto de datos. Un valor de Shannon más alto indica una mayor diversidad en la comunidad; 3) Índice de uniformidad Simpson, que es la probabilidad de que dos individuos, seleccionados aleatoriamente de un conjunto de datos de interés, representen la misma especie. Este enfoque demuestra la capacidad del concepto para reflejar de manera conjunta la riqueza y la uniformidad de las especies dentro de una comunidad. (Tong-Lu *et al*. 2023; Pizzi *et al*. 2025).

Para examinar las relaciones multivariadas entre las comunidades de hongos y bacterias asociadas a bayas se empleó el método de Escalamiento No Métrico Multidimensional (NMDS), empleando la distancia de Bray-Curtis (Bakker 2024), para evaluar similitudes o diferencias entre comunidades microbianas según las variedades de uvas pisqueras aromáticas y no aromáticas.

Todos los análisis estadísticos fueron realizados con el software libre R (R Core Team 2021).

III. RESULTADOS

5.1. Caracterización ampelográfica de las ocho variedades de uvas pisqueras

En esta investigación, se trabajó con las bayas de uvas pertenecientes a la especie *Vitis vinifera* L., familia *Vitaceae*, orden Vitales (APG IV 2016), específicamente con las ocho variedades de uvas pisqueras que cuentan con Denominación de Origen en el Perú: Mollar, Negra Criolla, Quebranta y Uvina (no aromáticas), Albilla, Italia, Moscatel y Torontel (aromáticas) (Tabla 3).

Su distribución se limita a la zona de producción autorizada, la cual abarca la costa de los departamentos de Lima, Ica, Arequipa, Moquegua y los valles de Locumba, Sama y Caplina en Tacna.

Tabla 3. Características de las ocho variedades de uvas pisqueras.

Variedad	Descripción[1]	Origen	Imagen referencial[2]	Características[2]
Mollar (Mol) *Vitis vinifera* L.	Aunque morfológicamente similar a la Quebranta, posee un perfil de antocianinos y taninos diferenciados, aportando estructura al destilado	Variedad introducida (Mollar Cano)		• Longitud de racimo: corta • Forma del racimo: cilíndrico • Compacidad del racimo: medio • Longitud de la baya: mediana • Forma de la baya: elíptica corta • Color de la epidermis: rosa
Negra Criolla (NeC) *Vitis vinifera* L.	Posee una alta plasticidad fenotípica y es el ancestro genético de muchos cultivares locales	Variedad introducida (Listán Prieto)		• Longitud de racimo: media • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: compacto • Longitud de la baya: mediana • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: roja violeta oscuro

[1] Compilado de Palma *et al*. 2025; INDECOPI, 2019; INDECOPI, 2024; INACAL 2017a; INACAL 2017b

[2] Catálogo ampelográfico de variedades de uvas pisqueras de la denominación de origen Pisco: https://docs.google.com/file/d/0B-fhfoYCAIkYeXF3ZzN6NWQ1RTA/edit?resourcekey=0-v21qqpQSmQ-6lMu69Wt6Gg

Quebranta (Que) *Vitis vinifera* L.	Destaca por su alta resiliencia al estrés hídrico y su gran vigor vegetativo, siendo la base del Pisco puro más consumido.	Cruce Natural (Negra Criolla x Mollar)		• Longitud de racimo: media • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: compacto • Longitud de la baya: mediana • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: rosa
Uvina (Uvi) *Vitis aestivalis* M. – *Vitis cinerea* E. x *Vitis vinifera* L.	Su cultivo está restringido a los distritos de Lunahuaná, Pacarán y Zúñiga, caracterizándose por una alta concentración de materia colorante y resistencia a filoxera	Híbrido foráneo		• Longitud de racimo: larga • Forma del racimo: cilíndrico • Compacidad del racimo: compacto • Longitud de la baya: corta • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: azul negra
Albilla (Alb) *Vitis vinifera* L.	Se caracteriza por su elegancia y suavidad en boca, siendo la variedad menos extendida debido a su delicadeza frente a patógenos fúngicos	Variedad introducida (Albillo Real)		• Longitud de racimo: larga • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: medio • Longitud de la baya: mediana • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: verde amarilla
Italia (Ita) *Vitis vinifera* L.	Referente de las uvas aromáticas. En el Perú, su adaptación alcanza niveles superiores de precursores aromáticos debido a la alta radiación solar	Variedad introducida (Moscatel de Alejandría)		• Longitud de racimo: largo • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: medio • Longitud de la baya: larga • Forma de la baya: ovoide inversa • Color de la epidermis: verde amarilla

Moscatel (Mos) *Vitis vinifera* L.	Variedad de baja productividad, pero de alta complejidad aromática.	Variedad introducida (Moscatel Rosada)		• Longitud de racimo: largo • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: medio • Longitud de la baya: mediana • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: roja
Torontel (Tor) *Vitis vinifera* L.	Aunque existen variedades con nombres similares en otros países, la Torontel peruana tiene su propia identidad genotípica vinculada a la geografía peruana.	Cruce natural (Italia x Negra Criolla)		• Longitud de racimo: largo • Forma del racimo: cónico • Compacidad del racimo: medio • Longitud de la baya: larga • Forma de la baya: esférica • Color de la epidermis: verde amarilla

5.2. Diversidad microbiana en bayas de uvas pisqueras

Se analizó la diversidad microbiana de 16 muestras de bayas de uvas pisqueras provenientes de las dos zonas de estudio: Viñedo Majes Tradición (región Arequipa) y CITEagroindustrial Ica y Viñedo Álvarez (región Ica), se realizó el análisis de abundancia relativa de familias y géneros bacterianos y fúngicos (mayores a 1%) identificados en cada variedad pisquera, agrupados por zona de estudio (Fig. 2).

Las similitudes y diferencias con respecto a la abundancia por variedad fueron claramente visibles. A nivel de familias bacterianas dentro de las predominantes en ambas regiones destacan *Acetobacteriaceae*, *Burkholderiaceae*, *Bradyrhizobiaceae*, *Erwiniaceae* y *Orbaceae* (Tabla 4, Fig. 4).

Tabla 4. Porcentajes de familias de bacterias predominantes en muestras de bayas de uvas pisqueras por región de estudio.

Uva pisquera	Arequipa	Porcentaje	Ica	Porcentaje
Albilla	*Erwiniaceae*	47.0	*Acetobacteraceae*	44.0
	Acetobacteraceae	20.0	*Orbaceae*	37.0
	Weeksellaceae	13.0	*Erwiniaceae*	12.0
	Orbaceae	5.0	*Gammaproteobacteria*	2.0

	Burkholderiaceae	4.0	no clasificado	
	Yersiniaceae	2.4		
Italia	*Acetobacteraceae*	84.0	*Acetobacteraceae*	74.0
	Orbaceae	6.0	*Orbaceae*	17.0
	Burkholderiaceae	5.0	*Burkholderiaceae*	2.0
Mollar	*Burkholderiaceae*	65.0	*Acetobacteraceae*	63.0
	Acetobacteraceae	6.0	*Orbaceae*	26.0
	Bradyrhizobiaceae	5.0	*Erwiniaceae*	3.0
	Sphingomonadaceae	3.0	*Burkholderiaceae*	2.0
	Erwiniaceae	2.0	*Rhodanobacteraceae*	1.1
	Proteobacteria no clasificado	2.0		
	Rhizobiaceae	1.5		
	Isosphaeraceae	1.3		
Moscatel	*Acetobacteraceae*	62.0	*Burkholderiaceae*	46.0
	Erwiniaceae	28.0	*Bradyrhizobiaceae*	14.0
	Burkholderiaceae	4.0	*Sphingomonadaceae*	4.0
	Orbaceae	2.0	*Moraxellaceae*	4.0
			Reyranellaceae	3.0
			Boseaceae	2.3
			Rhizobiaceae	1.6
			Proteobacteria no clasificado	1.4
			Planctomycetaceae	1.4
			Isosphaeraceae	1.2
			Bacillaceae no clasificado	1.1
Negra Criolla	*Acetobacteraceae*	55.0	*Burkholderiaceae*	39.0
	Erwiniaceae	23.0	*Bradyrhizobiaceae*	17.0
	Orbaceae	15.0	*Weeksellaceae*	9.0
			Sphingomonadaceae	4.0
			Planctomycetaceae	3.0
			Reyranellaceae	3.0
			Bacillaceae	2.0
			Proteobacteria no clasificado	2.0
			Boseaceae	2.0
			Rhizobiaceae	1.3
			Isosphaeraceae	1.2
Quebranta	*Burkholderiaceae*	32.0	*Burkholderiaceae*	45.0
	Erwiniaceae	45.0	*Bradyrhizobiaceae*	13.0
	Bradyrhizobiaceae	3.0	*Moraxellaceae*	8.0
	Sphingomonadaceae	1.6	*Sphingomonadaceae*	3.0
	Rhizobiaceae	1.4	*Proteobacteria* no clasificado	2.0
			Reyranellaceae	2.0
			Rhizobiaceae	2.0
			Bacillaceae	2.0
			Boseaceae	1.3
			Planctomycetaceae	1.2

Torontel	*Acetobacteraceae*	74.0	*Burkholderiaceae*	45.0
	Burkholderiaceae	13.0	*Bradyrhizobiaceae*	19.0
	Erwiniaceae	5.0	*Sphingomonadaceae*	4.0
			Reyranellaceae	2.0
			Rhizobiaceae	2.0
			Bacillaceae	2.0
			Planctomycetaceae	2.0
			Boseaceae	2.0
			Proteobacteria no clasificado	2.0
			Isosphaeraceae	1.3
			Rhizobiales no clasificado	1.1
Uvina	*Acetobacteraceae*	50.0	*Burkholderiaceae*	41.0
	Burkholderiaceae	13.0	*Bradyrhizobiaceae*	10.0
	Proteobacteria no clasificado	10.0	*Bacillaceae*	5.0
			Lactobacillaceae	4.0
	Orbaceae	35.0	*Sphingomonadaceae*	3.0
	Erwiniaceae	2.0	*Proteobacteria* no clasificado	2.0
			Rhizobiaceae	2.0
			Reyranellaceae	1.4
			Isosphaeraceae	1.3
			Planctomycetaceae	1.3
			Yersiniaceae	1.2
			Neisseriaceae	1.2

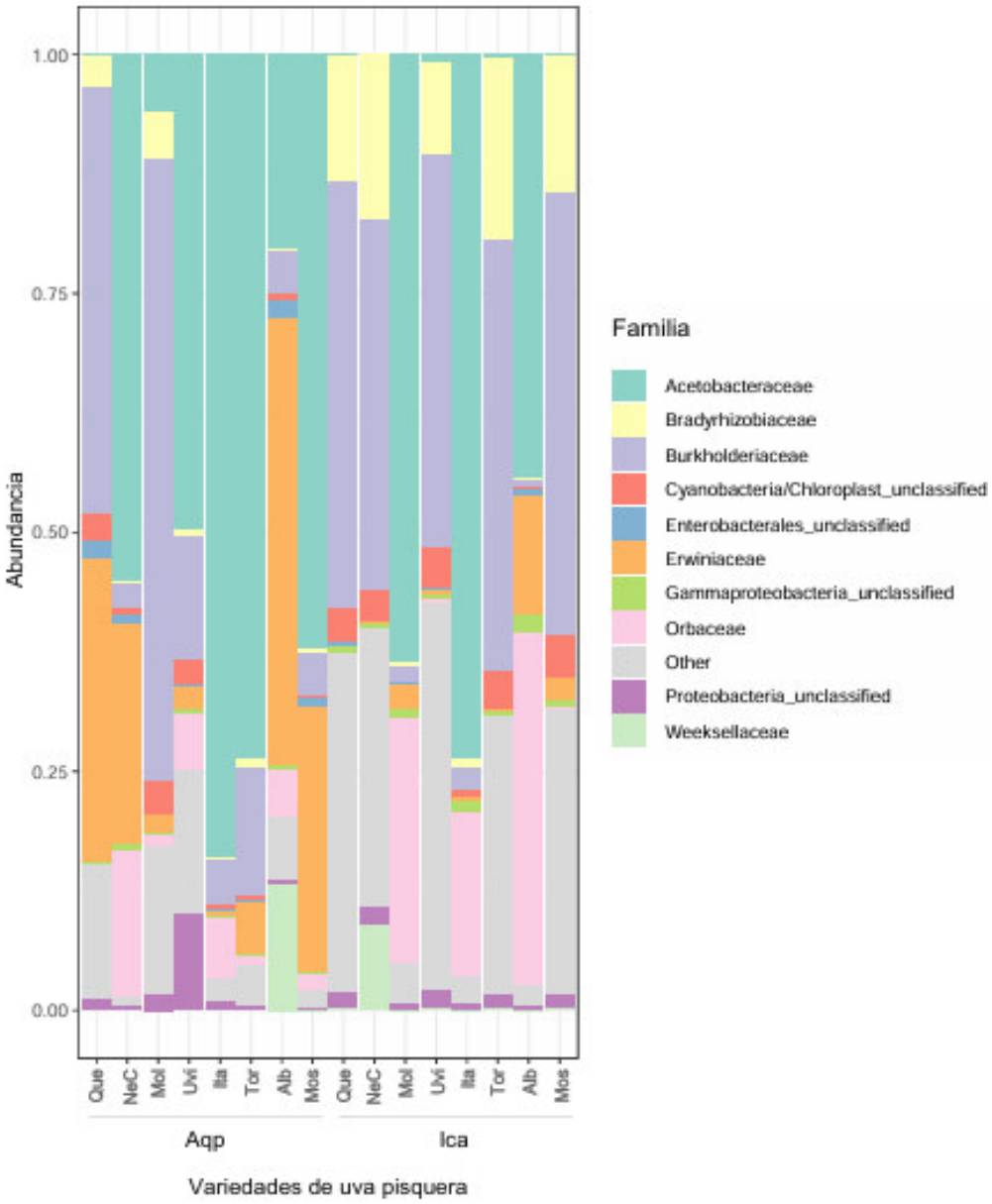


Figura 4. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de las familias bacterianas en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

Entre los géneros predominantes de bacterias, se identificaron a *Gluconobacter, Ralstonia, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium* y *Komagataeibacter*, y algunas especies no clasificadas de la familia Orbaceae (Tabla 5, Figs. 5 y 6).

Tabla 5. Porcentajes de géneros predominantes de bacterias en muestras de bayas de uvas pisqueras por región de estudio.

Uva pisquera	Arequipa	Porcentaje	Ica	Porcentaje
Albilla	*Tatumella*	40.0	*Orbaceae* no	37.0
	Gluconobacter	18.0	clasificado	
	Apibacter	13.0	*Gluconobacter*	36.0
	Pantoea	6.0	*Tatumella*	12.0

	Ralstonia	4.0	*Acetobacter*	5.0
	Orbaceae no clasificado	4.0	*Acetobacteraceae* no clasificado	2.0
	Yersiniaceae no clasificado	2.3	Gammaproteobacteria no clasificado	2.0
	Bombella	2.0		
	Orbus	1.3		
Italia	*Gluconobacter*	78.0	*Gluconobacter*	68.0
	Orbaceae no clasificado	6.0	*Orbaceae* no clasificado	17.0
	Ralstonia	5.0		
	Acetobacter	3.0	*Acetobacter*	3.0
	Acetobacteraceae no clasificado	3.0	*Ralstonia*	2.4
			Acetobacteraceae no clasificado	2.4
Mollar	*Ralstonia*	65.0	*Gluconobacter*	62.0
	Gluconobacter	6.0	*Orbaceae* no clasificado	26.0
	Bradyrhizobium	4.0		
	Sphingomonas	3.0	*Tatumella*	2.5
	Proteobacteria no clasificado	2.0	*Ralstonia*	2.0
			Acetobacteraceae no clasificado	2.0
	Rhizobium	1.5		
	Pantoea	1.2		
	*Orbaceae*_no clasificado	1.1		
Moscatel	*Gluconobacter*	60.0	*Ralstonia*	46.0
	Tatumella	27.0	*Bradyrhizobium*	13.0
	Ralstonia	4.5	*Acinetobacter*	4.0
	Orbaceae no clasificado	1.7	*Sphingomonas*	3.0
	Acetobacteraceae no clasificado	1.4	*Bosea*	2.3
			Erwinia	2.2
			Blastomonas	1.5
			Proteobacteria no clasificado	1.4
			Rhizobium	1.4
			Planctomycetaceae no clasificado	1.3
			Bradyrhizobiaceae no clasificado	1.3
Negra Criolla	*Gluconobacter*	43.0	*Ralstonia*	38.0
	Tatumella	22.0	*Bradyrhizobium*	15.0
	Orbaceae no clasificado	15.0	*Apibacter*	9.0
	Komagataeibacter	9.0	*Planctomycetaceae* no clasificado	3.0
	Ralstonia	3.0		
	Acetobacteraceae no clasificado	2.2	*Sphingomonas*	2.5
			Proteobacteria no clasificado	2.0
			Bosea	1.8
			Bacillaceae no clasificado	1.7
			Blastomonas	1.5
			Bradyrhizobiaceae no clasificado	1.5
			Rhizobium	1.1
Quebranta	*Ralstonia*	44.0	*Ralstonia*	44.0
	Pantoea	30.0	*Bradyrhizobium*	12.0
	Bradyrhizobium	3.0	*Acinetobacter*	8.0
	Sphingomonas	1.4	*Sphingomonas*	2.0
	Rhizobium	1.4	Proteobacteria no clasificado	2.0

			Rhizobium	2.0
			Bacillaceae no clasificado	1.2
			Bosea	1.2
			Planctomycetaceae no clasificado	1.2
Torontel	*Gluconobacter*	71.0	*Ralstonia*	45.0
	Ralstonia	13.0	*Bradyrhizobium*	17.0
	Tatumella	5.0	*Sphingomonas*	3.0
			Rhizobium	2.0
			Planctomycetaceae no clasificado	2.0
			Bosea	2.0
			Proteobacteria no clasificado	2.0
			Bacillaceae no clasificado	1.5
Uvina	*Gluconobacter*	27.0	*Ralstonia*	41.0
	Komagataeibacter	20.0	*Bradyrhizobium*	9.0
	Ralstonia	13.0	*Bacillaceae* no clasificado	4.0
	Proteobacteria no clasificado	10.0	*Lactobacillus*	3.0
	Orbaceae no clasificado	5.0	*Sphingomonas*	2.0
	Bacillaceae no clasificado	4.0	Proteobacteria no clasificado	2.0
	Acetobacteraceae no clasificado	3.0	*Rhizobium*	2.0
			Planctomycetaceae no clasificado	1.3

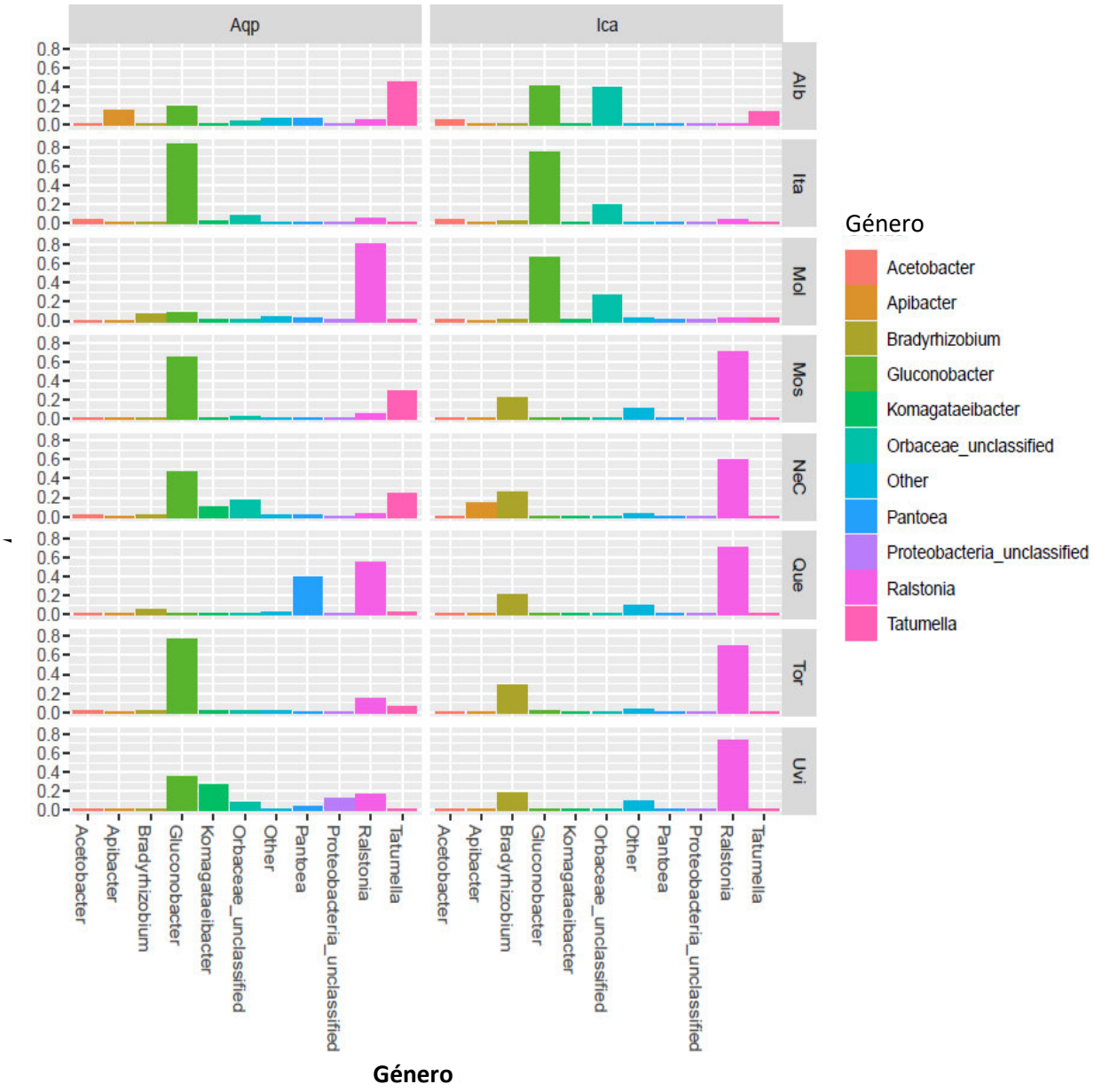


Figura 5. Gráfico de barras agrupadas que muestra la abundancia relativa de los géneros bacterianos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

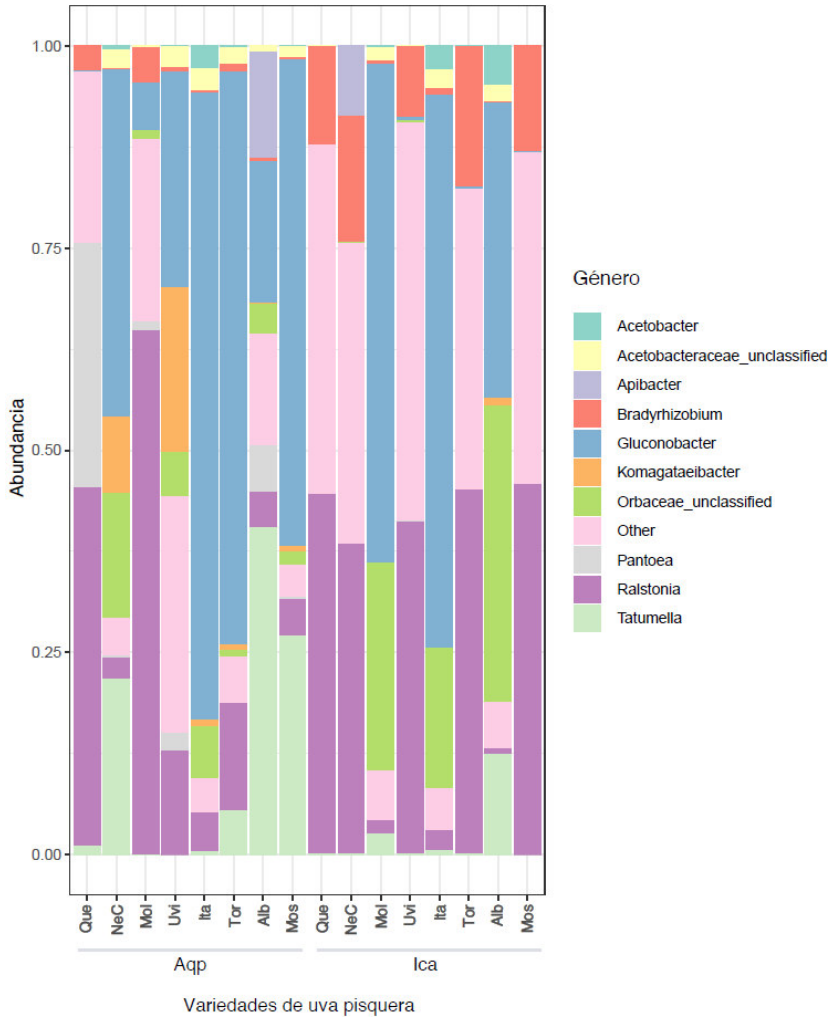


Figura 6. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de los géneros bacterianos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

Respecto a la abundancia relativa, a nivel de las familias predominantes de la microbiota fúngica, se registraron *Cladosporiaceae Pichiaceae, Ascomycota,* y un gran porcentaje de Saccharomycetales fam. *Incertae sedis* (Tabla 6, Fig. 7).

Tabla 6. Porcentajes de familias predominantes de hongos y levaduras en muestras de bayas de uvas pisqueras, por región de estudio.

Uva pisquera	Arequipa	Porcentaje	Ica	Porcentaje
Albilla	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	24.0	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	50.0
	Ascomycota no clasificado	23.0	*Saccharomycodaceae*	18.0
	Pleosporaceae	21.0	Ascomycota no clasificado	14.0
	Saccharomycodaceae	14.0	*Pichiaceae*	14.0
	Saccharomycetales no clasificado	5.0	*Cladosporiaceae*	1.2

	Cladosporiaceae	4.0		
	Pichiaceae	3.0		
	Pyronemataceae	2.5		
Italia	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	84.0	*Pichiaceae*	51.0
			Saccharomycodaceae	24.0
	Saccharomycodaceae	6.0	Saccharomycetales fam	11.0
	Cladosporiaceae	5.0	*Incertae sedis*	
	Pichiaceae	8.0	*Cladosporiaceae*	8.0
	Saccharomycopsidaceae	5.0	*Saccharomycopsidaceae*	3.0
Mollar	*Cladosporiaceae*	82.0	*Cladosporiaceae*	69.0
	Pleosporaceae	6.0	*Saccharomycodaceae*	9.0
	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	3.0	*Pichiaceae*	9.0
			Mycosphaerellaceae	2.0
	Pichiaceae	3.0	*Saccharomycopsidaceae*	2.0
	Filobasidiaceae	1.4	*Erysiphaceae*	1.5
Moscatel	*Cladosporiaceae*	44.0	*Cladosporiaceae*	83.0
	Ascomycota no clasificado	24.0	*Wallemiaceae*	10.0
			Aspergillaceae	4.0
	Saccharomycodaceae	10.0	*Bulleribasidiaceae*	1.2
	Saccharomycetales fam Incertae sedis	5.0		
	Pichiaceae	5.0		
	Saccharomycetales no clasificado	4.0		
	Pleosporaceae	3.0		
Negra Criolla	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	48.0	*Cladosporiaceae*	88.0
			Clavicipitaceae	4.0
	Saccharomycodaceae	22.0	*Wallemiaceae*	3.0
	Cladosporiaceae	15.0	*Aspergillaceae*	2.0
	Pichiaceae	6.0		
	Saccharomycopsidaceae	6.0		
	Pleosporaceae	2.0		
Quebranta	*Cladosporiaceae*	92.0	*Cladosporiaceae*	68.0
	Pleosporaceae	2.0	*Wallemiaceae*	19.0
			Aspergillaceae	9.0
			Bulleribasidiaceae	2.0
Torontel	*Cladosporiaceae*	35.0	*Cladosporiaceae*	75.0
	Saccharomycodaceae	24.0	Saccharomycetales no clasificado	11.0
	Saccharomycetales *fam_Incertae_sedis*	18.0		
			Aspergillaceae	5.0
	Ascomycota no clasificado	11.0	*Wallemiaceae*	2.0
			Pleosporaceae	1.5
	Pichiaceae	4.0		
	Pleosporaceae	3.0		
	Saccharomycetales no clasificado	2.0		
Uvina	Saccharomycetales fam *Incertae sedis*	42.0	*Cladosporiaceae*	85.0
			Pleosporaceae	2.0
	Cladosporiaceae	35.0	*Wallemiaceae*	2.0
	Sclerotiniaceae	10.0	*Pichiaceae*	1.5
	Pichiaceae	5.0	*Bulleribasidiaceae*	1.3
	Saccharomycodaceae	2.0		
	Pleosporaceae	2.0		

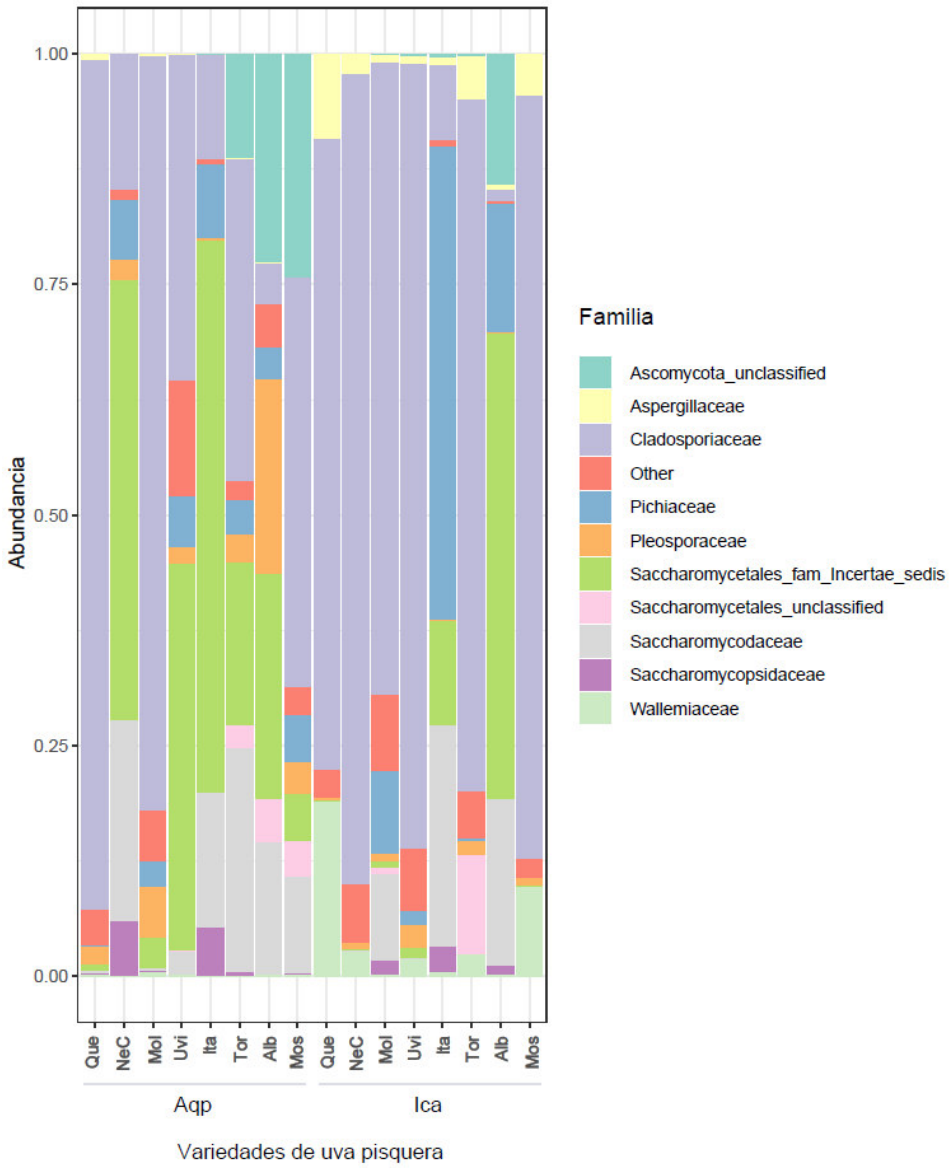


Figura 7. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de las familias fúngicas en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

A nivel de géneros predominantes, se identificó *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps* y *Alternaria*, así como algunas especies no clasificadas del orden Saccharomycetales y otras de la división Ascomycota (Tabla 7, Figs. 8 y 9). Entre los géneros se reportó un gran número de otros con porcentajes menores a 1%.

Tabla 7. Porcentajes de géneros predominantes de hongos en muestras de uvas pisqueras por región de estudio.

Uva pisquera	Arequipa	Porcentaje	Ica	Porcentaje
Albilla	*Starmerella*	24.0	*Starmerella*	50.0
	Ascomycota no clasificado	23.0	*Hanseniaspora*	18.0
	Hanseniaspora	14.0	Ascomycota no clasificado	14.0
	Alternaria	11.0	*Pichia*	14.0
	Stemphylium	10.0	*Cladosporium*	1.2
	Saccharomycetales no clasificado	5.0		
	Cladosporium	4.0		
	Pichia	3.5		
	Aleurina	2.5		
Italia	*Starmerella*	60.0	*Pichia*	50.0
	Hanseniaspora	15.0	*Hanseniaspora*	24.0
	Cladosporium	11.0	*Starmerella*	11.0
	Pichia	8.0	*Cladosporium*	8.0
	Saccharomycopsis	5.0	*Saccharomycopsis*	3.0
Mollar	*Cladosporium*	82.0	*Cladosporium*	68.0
	Alternaria	4.0	*Hanseniaspora*	9.0
	Stemphylium	1.5	*Pichia*	9.0
			Saccharomycopsis	1.6
			Erysiphe	1.5
Moscatel	*Cladosporium*	44.0	*Cladosporium*	83.0
	Ascomycota no casificado	24.0	*Wallemia*	10.0
			Penicillium	4.0
	Hanseniaspora	10.0	*Vishniacozyma*	1.2
	Starmerella	5.0		
	Pichia	5.0		
	Saccharomycetales no clasificado	4.0		
	Alternaria	2.5		
Negra Criolla	*Starmerella*	48.0	*Cladosporium*	88.0
	Hanseniaspora	22.0	*Claviceps*	4.0
	Cladosporium	15.0	*Wallemia*	3.0
	Pichia	6.0	*Penicillium*	2.0
	Saccharomycopsis	6.0		
	Alternaria	2.0		
Quebranta	*Cladosporium*	92.0	*Cladosporium*	68.0
	Alternaria	1.3	*Wallemia*	19.0
			Penicillium	9.0
			Vishniacozyma	2.0

Torontel	*Cladosporium*	35.0	*Cladosporium*	75.0
	Hanseniaspora	24.0	Saccharomycetales no clasificado	11.0
	Starmerella	18.0		
	Ascomycota no clasificado	11.0	*Penicillium*	5.0
			Wallemia	2.2
	Pichia	4.0	*Vishniacozyma*	2.0
	Saccharomycetales no clasificado	2.4		
	Alternaria	2.0		
	Stemphylium	1.1		
Uvina	*Starmerella*	42.0	*Cladosporium*	85.0
	Cladosporium	35.0	*Alternaria*	2.0
	Botrytis	10.0	*Wallemia*	2.0
	Pichia	5.0	*Pichia*	1.5
	Hanseniaspora	1.1	*Vishniacozyma*	1.3

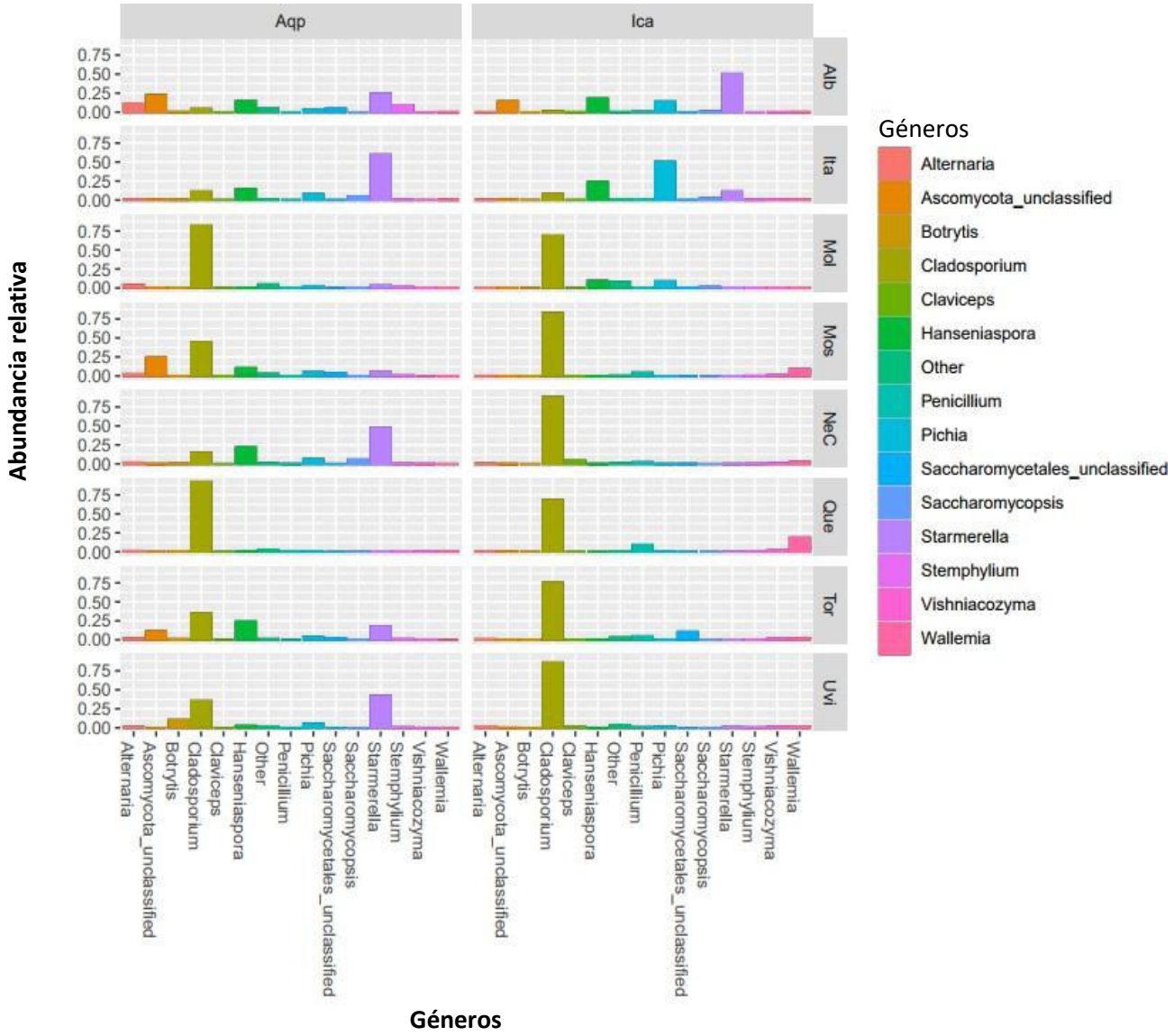


Figura 8. Gráfico de barras agrupadas que muestra la abundancia relativa de los géneros fúngicos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

.

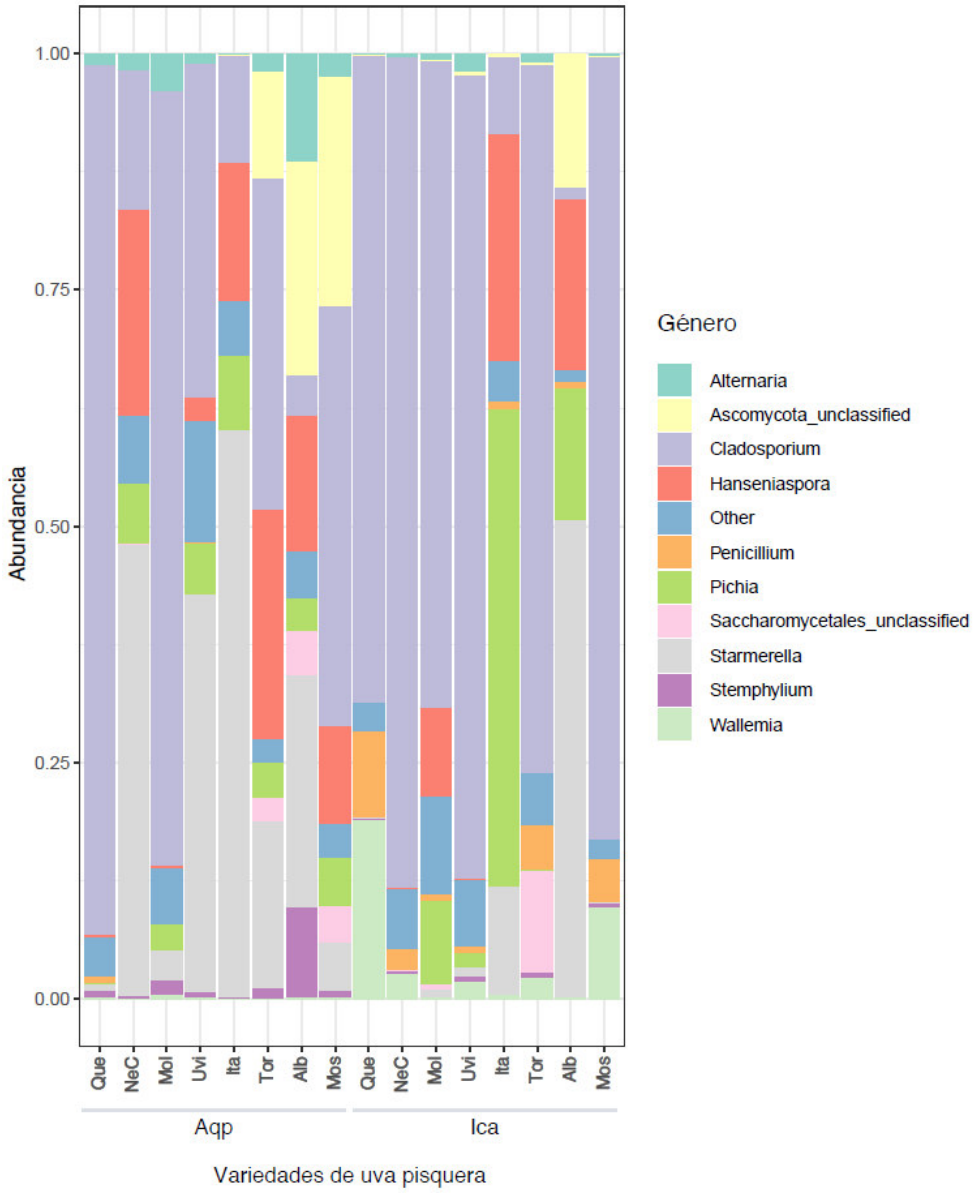


Figura 9. Gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa de los géneros fúngicos en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras, por región de estudio.

5.3. Perfil microbiano de bayas de uvas pisqueras y su diferenciación regional

A partir del análisis de las muestras bacterianas y fúngicas, se identificó y describió el rol de los géneros predominantes, tanto en Arequipa como en Ica (Tabla 8).

Las bacterias identificadas en las bayas de uva se caracterizan principalmente por cumplir roles fermentativos como es el caso de *Gluconobacter* y *Tatumella*; sin embargo, la falta de control del crecimiento de ciertas especies de los géneros

mencionados podría deteriorar los productos (Berbegal *et al*. 2019). En el caso de *Ralstonia*, este género destaca como bacteria endofítica en vides y puede sobrevivir en ambientes de fermentación (Pacífico *et al*. 2019; Pizzi *et al.* 2025). En este estudio, para la región Arequipa, el género predominante fue *Gluconobacter,* presente en siete (7) variedades (en porcentajes del 18 - 78 %), excepto en la variedad Quebranta, donde se registró *Ralstonia* (44%) y *Pantoea* (30%). Asimismo, se registró la presencia de los géneros *Ralstonia* (13 – 65%) y *Tatumella* (22 – 40%) en al menos tres (3) variedades. Asimismo, se identificaron tres géneros que fueron predominantes solo en la región Arequipa: *Tatumella, Pantoea* y *Komagataeibacter*, reforzando la singularidad de ser bacterias típicas de la fermentación inicial de las uvas.

En la región Ica, destacaron como predominantes los mismos géneros de bacterias (*Gluconobacter* y *Ralstonia*), además de un tercer género, *Bradyrhizobium*, exclusivo de la región Ica y presente en cinco variedades de uvas pisqueras, mostrándose así su importante rol como parte de la microbiota de las bayas. Antes su función estaba asociada a la fijación de nutrientes como nitrógeno y fósforo (Darriaut *et al*. 2019).

Los hongos predominantes en bayas para la región Arequipa fueron: *Cladosporium* (en porcentajes del 12–84%) y *Alternaria* (1.3%), presente únicamente en la variedad Quebranta. Para la región Ica, además de los dos géneros mencionados, se registró también la presencia de *Wallemia* y *Claviceps*, estos dos últimos presentes solo en muestras de uvas pisqueras de Ica, algunas especies de *Claviceps* pueden producir micotoxinas en vides (Zhang *et al*. 2020) o tener características de resistencia al estrés osmótico como es el caso de *Wallemia* (Azpiazu-Muniozguren *et al.* 2021), o incrementar su abundancia frente a cambios en las condiciones climatológicas de precipitación y temperatura, como es el caso de *Cladosporium*.

Tabla 8. Actividades biológicas de géneros predominantes registrados en muestras de bayas, por variedad de uva pisquera.

Microorganismos	Género	Uvas pisqueras								Características	Referencias
		No aromáticas				Aromáticas					
		Mol	NeC	Que	Uvi	Alb	Ita	Mos	Tor		
Bacterias	*Gluconobacter*									Bacteria del ácido acético, involucrado en fase inicial de la fermentación, se le conoce como bacteria del deterioro, de importancia enológica	Bubeck *et al*. 2020; Morgan *et al*. 2017, Hall *et al*. 2019; Berbegal *et al*. 2019.
	Ralstonia									Bacteria endofítica, de suelos ácidos, propia de viñedos que cuentan con manejo integrado de plagas. Están asociadas al deterioro de la uva y el vino.	Campisano *et al*. 2014; Pacífico *et al*. 2019; Hall *et al*. 2019.
	Pantoea									Bacteria típica de la epidermis de uvas, presentes al inicio de la fermentación; tienen propiedades promotoras de crecimiento. Algunas son antagonistas de fitopatógenos en tallos de vides, debido a sus propiedades de biocontrol	An *et al*. 2024; Ferreira *et al.* 2019; Ashgari *et al*. 2020
	Tatumella									Enterobacteriaceae fermentativa, típica de destilados o vinos blancos; pueden encontrarse al inicio, medio o final de la fermentación e interactuar con levaduras fermentadoras.	Nisiotou *et al*. 2011; Bubeck *et al*. 2020; Pinto *et al*. 2015.
	Bradyrhizobium									Bacterias biomarcadoras de la madurez de uvas, promueven su crecimiento. Tienen un rol activo en el metabolismo de proteínas, fijación del nitrógeno y la solubilización del fosfato.	Ding *et al*. 2024; Darriaut *et al*. 2019.

	Komagataeibacter									Bacterias del ácido acético, predominantes en la primera etapa de fermentación, disminuye la calidad del vino debido a su capacidad para oxidar azúcares y alcoholes, excretar exopolisacáridos y tolerar altas concentraciones de ácido acético	Bokulich *et al*. 2013; Zhang *et al*. 2017
Hongos (No levaduras)	*Cladosporium*									Género común en la colonización superficial y endógena de la baya. La precipitación y la temperatura se correlacionan con su abundancia.	Felšöciová y Kačániová 2019; Deshpande, 2019; Liu *et al*. 2019.
	Alternaria									Hongo dominante de la carpósfera de la uva, presentes en suelos de viñedos, se asocia a producción de compuestos volátiles de ésteres en vinos; pueden producir micotoxinas con el alternariol.	Zhang *et al*. 2019; Welke *et al*. 2019
	Wallemia									Hongo xerófilo, puede resistir el estrés osmótico y crecer en ambientes saturados de NaCl. Género predominante en tratamientos de crecimiento de vides con déficit hídrico severo.	Zalar *et al*. 2005; Leal *et al*. 2024.
	Claviceps									Hongo filamentoso que produce micotoxinas, entre ellos alcaloides.	Johnston-Monje *et al*. 2024;
	Hanseniaspora									Levadura típica de las cáscaras de uvas maduras y también presente al inicio de la fermentación del mosto de uvas. Pese a ser llamada “levadura de descomposición” por su capacidad para producir ácido acético, acetaldheído y acetato de etilo, que en exceso podrían causar fallas en el vino; por el contrario, algunas especies de *Hanseniaspora*	van Wyk *et al*. 2024; Escott *et al*. 2017; Moreira *et al*. 2011, Romano *et al*. 2003; *Valera et al*. 2021.

Hongos: Levaduras (No *Saccharomyces*)										cuando participan en asociatividad con *S. cerevisiae* en una fermentación de cultivo mixto generan un impacto positivo en el producto del vino final. Su mayor contribución es hacia el perfil aromático.	
	Pichia									Se desarrollan en cáscaras de uvas, mostos y vinos. Presenta un metabolismo oxidativo, forma velos y pseudomicelios, no asimila nitratos. Pueden alterar la calidad del vino por sus propiedades específicas de biopelícula. En fermentación mixta con S. *cerevisiae* asegura el progreso suave de la fermentación alcohólica del vino ayudando a mejorar la estabilidad del color del vino.	Lorenzini *et al*. 2023; Liu *et al*. 2023; Zhao *et al*. 2022.
	Starmerella									Esta levadura se origina en la superficie de la baya de uva, con uso potencial como agente biocontrol en viñedos, se desarrolla principalmente al inicio de la fermentación, debido a su intolerancia al bajo oxígeno, al alto etanol, y al débil metabolismo fermentativo. En los últimos años, se ha demostrado que, produce metabolitos secundarios deseables (terpenos, lactonas) en el vino, mejorando potencialmente la calidad del vino, de allí su importancia enológica.	Englezos *et al*. 2017; Nadai *et al*. 2021; Huang *et al*. 2023.

Géneros relevantes con ≥ 10% de predominancia en uva pisquera

Géneros relevantes < 10% de predominancia en uva pisquera

Las levaduras no *Saccharomyces* son de interés enológico y están representadas por aquellas levaduras distintas de *Saccharomyces cerevisiae*, se constituyen como una herramienta clave para la diferenciación enológica moderna, ya que no solo preservan la identidad del viñedo sino que ofrecen soluciones naturales a la demanda de productos vinos y destilados con menos intervención química (al liberar precursores aromáticos de la uva).

De acuerdo a la literatura, se encuentran principalmente en los viñedos, sobre la superficie de la epidermis de las bayas, de acuerdo al estado fenológico de éstas y se caracterizan por estar presentes en las bayas como indicadores del inicio de la fermentación (Wei *et al.* 2022; Cui *et al*. 2024) (Tabla 8).

En las variedades pisqueras de la presente investigación, tanto en la región Arequipa como en Ica, se identificaron los mismos géneros predominantes: *Hanseniaspora, Pichia* y *Starmerella*; destacándose el importante rol que cumplen estas levaduras "No *Saccharomyces*" presentes en las bayas desde la cosecha, las cuales están relacionadas a la mejora de la calidad del vino con más *terroir* y características distintivas; cuyo uso en inoculación secuencial (Primero levaduras No *Saccharomyces* y después levaduras S*accharomyces*) o fermentaciones espontáneas controladas, permitirá desarrollar de forma óptima la complejidad sensorial del destilado.

5.4. Composición y disimilitud de las comunidades microbianas asociadas a bayas de uvas pisqueras

Para determinar la relación de similitudes y diferencias entre las comunidades microbianas según variedades de uvas pisqueras, se realizó un análisis de Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS) en bacterias (valor de estrés: 0.111) y en hongos (valor de estrés: 0.116) (Fig. 10), utilizando la matriz de distancias de Bray-Curtis. Este análisis reveló una relación entre estructura de la comunidad y la clasificación de las variedades de uvas pisqueras: aromática/no aromática; así, las uvas pisqueras aromáticas tienen comunidades cercanas entre sí (Italia, Moscatel y Torontel) con excepción de la variedad Albilla, independientemente de si son de Arequipa o Ica (círculo y triángulo respectivamente). El patrón se repite tanto en bacterias (Fig. 10A) como en hongos (Fig. 10B). Asimismo, se identificó que, el efecto de agrupamiento fue débil en las

comunidades de las uvas pisqueras no aromáticas, por encontrarse más dispersas, lo cual responde principalmente a la baja concentración de terpenos en la epidermis de las bayas, presentando así una comunidad microbiana mas heterogénea, donde las bacterias lácticas y una mayor variedad de levaduras fermentativas pueden establecerse con menos resistencia química (Napa-Almeyda *et al*. 2023).

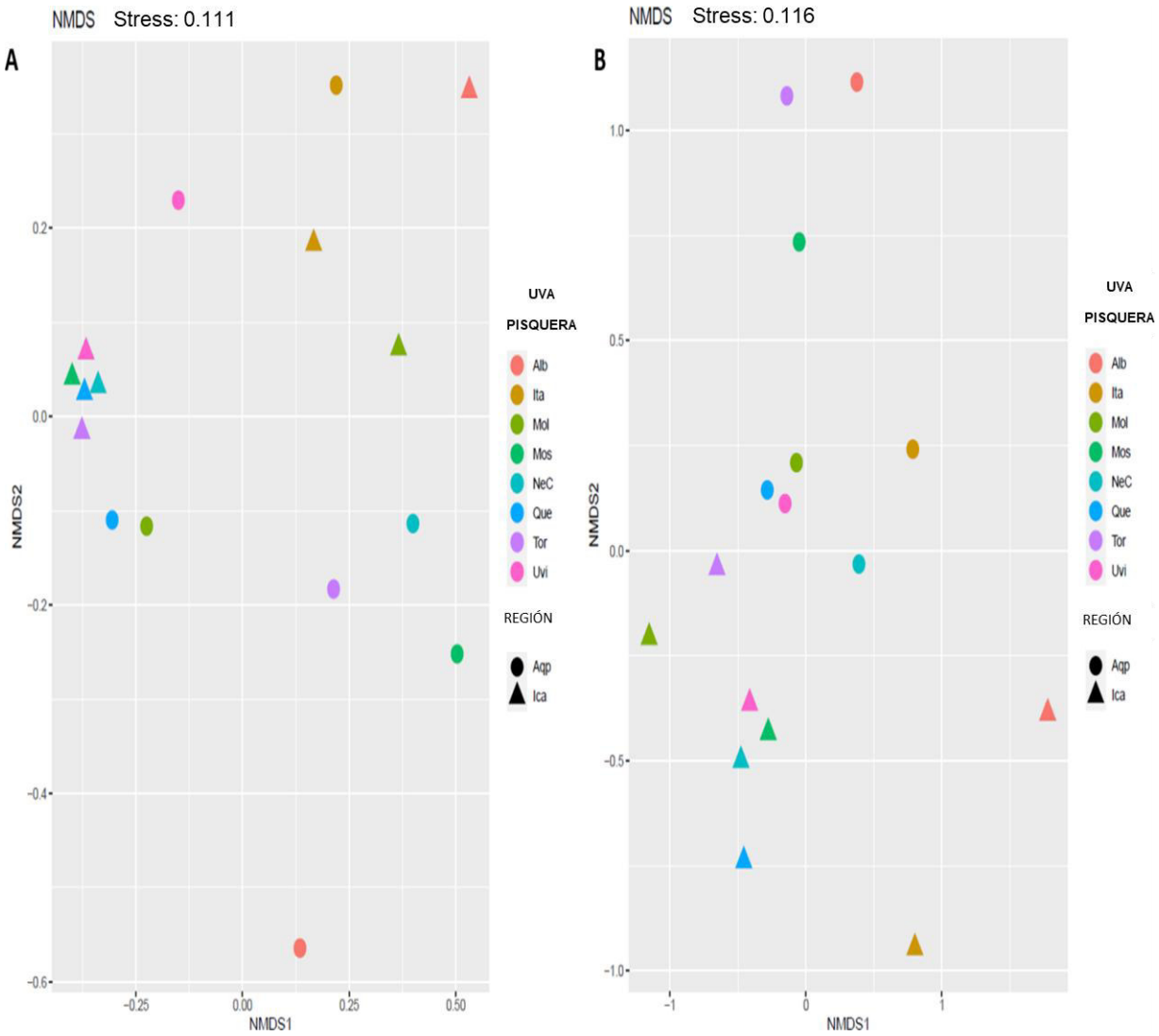


Figura 10. Ordenamiento en escala multidimensional no métrica (NMDS) A) Microbiota bacteriana de bayas a nivel género, B) Microbiota fúngica de bayas a nivel género en regiones Arequipa e Ica (uvas pisqueras aromáticas: Albilla, Italia, Moscatel y Torontel; y no aromáticas: Quebranta, Negra Criolla, Mollar y Uvina).

5.5. Riqueza e índices de diversidad de la microbiota de bayas de uvas pisqueras

Para estimar la riqueza de especies esperada de las muestras analizadas, se utilizó el índice Alfa Chao1. En el caso de las bacterias (Fig. 11A), un hallazgo importante

en ambas regiones fue que las variedades Italia, Negra Criolla, Quebranta y Uvina no mostraron diferencias significativas; es decir, presentaron microorganismos similares, a diferencia de las otras cuatro variedades analizadas. En el caso de los hongos (Fig. 12A), las uvas pisqueras que no presentaron diferencias significativas fueron Albilla, Moscatel, Quebranta y Torontel, a diferencia de las variedades Italia, Mollar, Negra Criolla y Uvina, que mostraron mayor heterogeneidad.

Otro índice que mide la diversidad, riqueza y similitud es el índice de Shannon. Para la diversidad bacteriana (Fig. 11B), el índice varió entre 1,32 y 4. Los resultados indican que las variedades de uva pisquera de la región de Ica presentan una menor diversidad bacteriana, independientemente de su carácter aromático o no aromático, con la dominancia de un número reducido de taxones. En contraste, en la región Arequipa la distribución es más uniforme y diversa. En cuanto al análisis del índice de Shannon a nivel de la diversidad fúngica (Fig. 12B), las muestras de bayas de uva, variaron entre 0,70 y 2,02. Aquí, a diferencia del análisis en bacterias (tanto de Arequipa como de Ica), la riqueza y abundancia de especies tuvieron dispersiones similares.

Asimismo, otro índice de diversidad alfa utilizado fue el de Simpson. Según este índice, la diversidad de especies fue mayor en las variedades de uvas pisqueras de la región Arequipa Torontel, Italia y Moscatel, mientras que en la región Ica, las variedades que más destacaron fueron Italia, Mollar y Albilla (Fig. 11C).

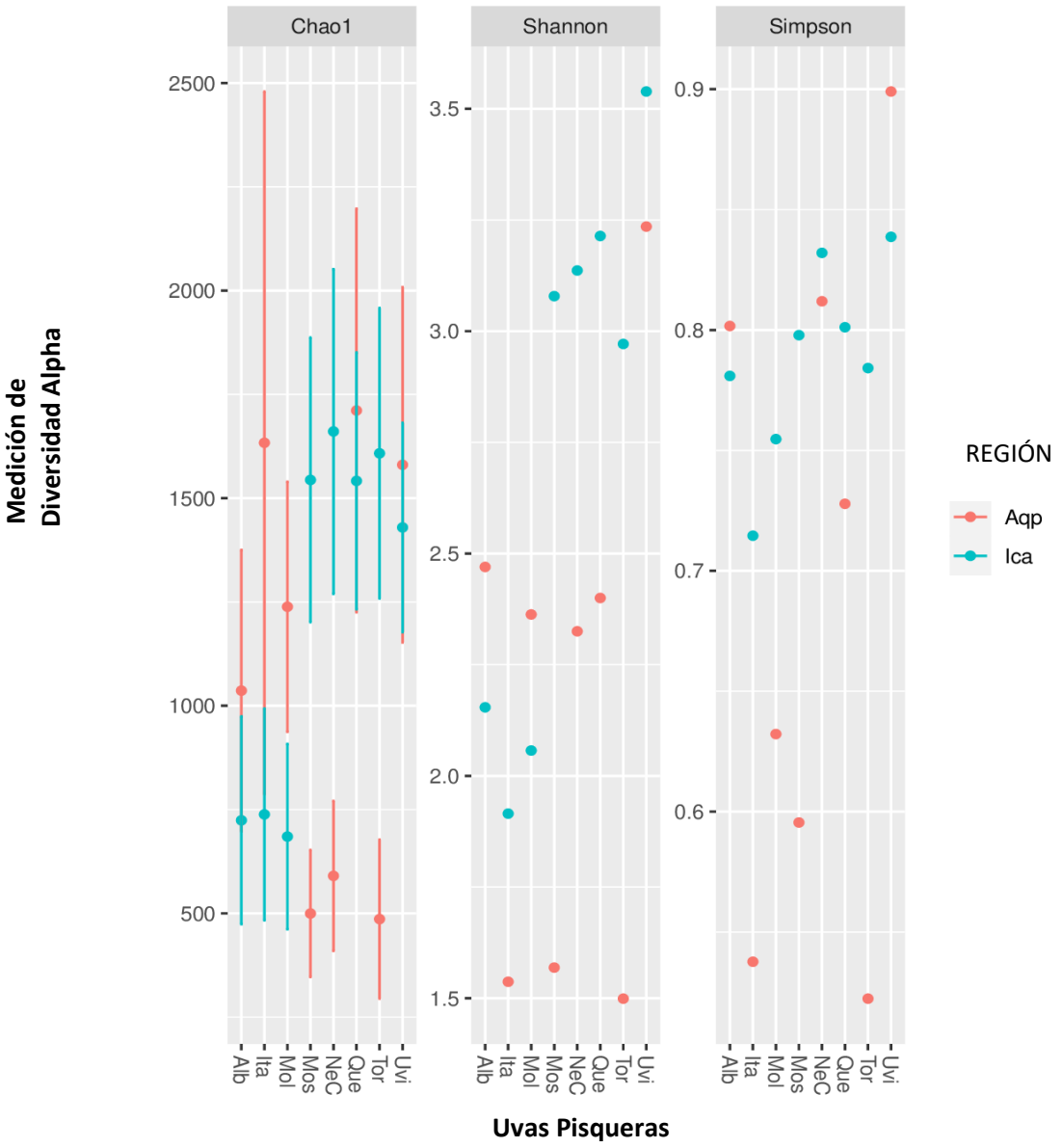


Figura 11. Riqueza y diversidad bacteriana. A) Índice de Diversidad Alfa Chao1, B) Índice de Diversidad Shannon, C) Índice de Diversidad Simpson

Además, a nivel de la comunidad fúngica, en la región Arequipa, las variedades con mayor diversidad, según el índice de Simpson, fueron Italia, Quebranta y Mollar. Entre tanto, en la región Ica fueron Negra Criolla, Uvina y Albilla (Fig. 12C).

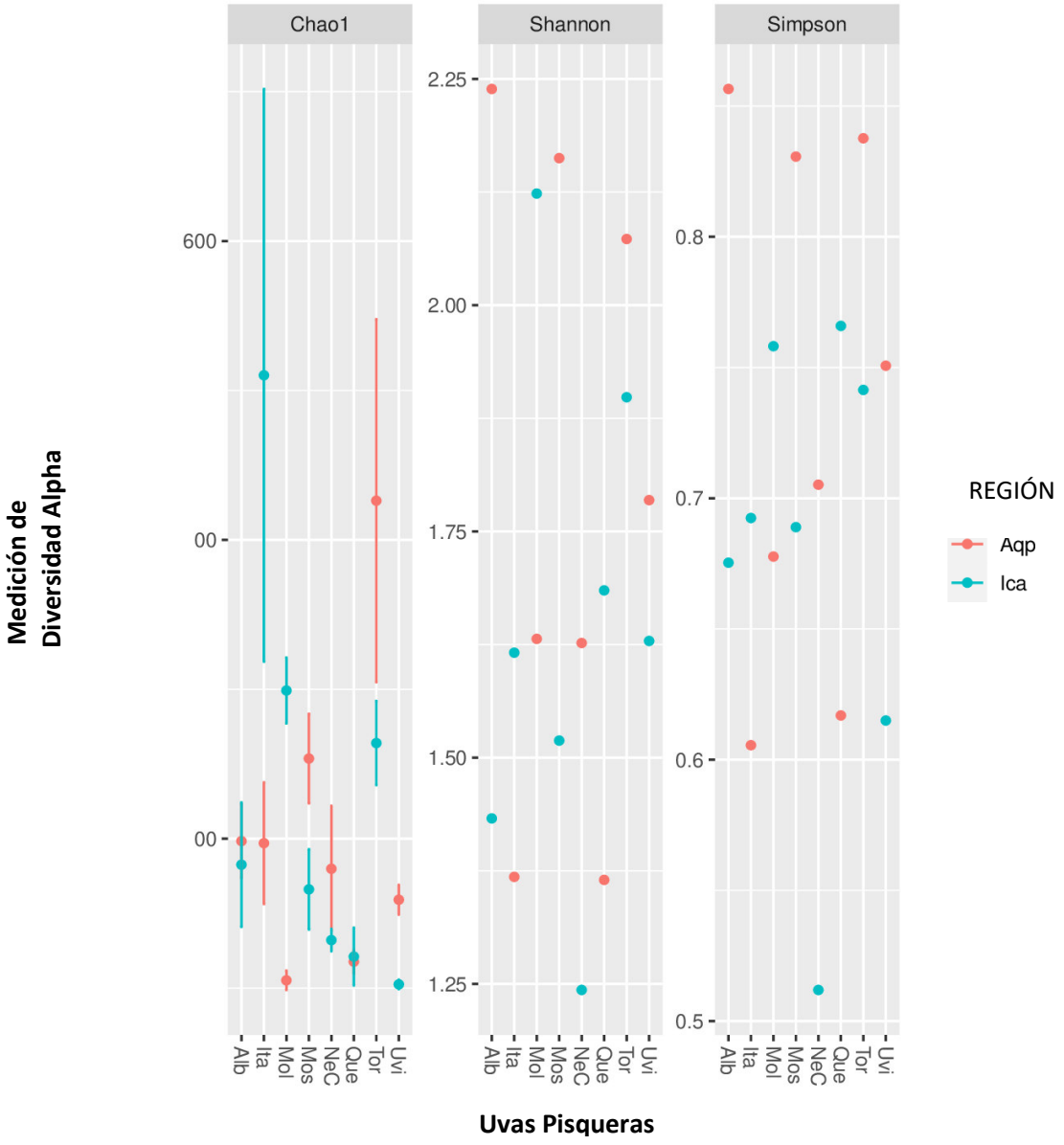


Figura 12. Riqueza y diversidad fúngica. A) Índice de Diversidad Alfa Chao1, B) Índice de Diversidad Shannon, C) Índice de Diversidad Simpson

5.6. Caracterización cualitativa del *terroir* del Pisco en función de las áreas geográficas (regiones), factores climáticos y manejo agronómico de las zonas de estudio

La identidad regional del Pisco representa una información aun incompleta para el sector pisquero peruano, por lo que la caracterización es un primer paso para identificar las similitudes y diferencias de las diferentes variables que le dan esa característica única al Pisco de cada región. Es así que, la microbiota presente en cada una de las variedades de uvas pisquera de las regiones Arequipa e Ica está

influenciada por los factores edafoclimáticos, elementos de la biodiversidad, prácticas de cultivo, y biodiversidad aledaña.

Si bien los factores edafoclimáticos analizados en ambas regiones presentaron una homogeneidad relativa, la diferencia en la altitud se sumaría a brindar la especificidad del *terroir*, teniendo en cuenta que una diferencia de 211 msnm genera condiciones diferentes en función a la microbiota presente, biodiversidad circundante y geografía del lugar, como es el caso del Viñedo Majes Tradición de Arequipa, marcando una diferencia a pesar que ambas regiones cumplen las buenas prácticas vitivinícolas (INACAL 2017a) (Tabla 9).

A su vez, diversos estudios en vides han demostrado que la composición de la microbiota está fuertemente influenciada por la interacción de las vides con el paisaje aledaño (Belda *et al*. 2017; Morrison-Whittle y Goddard 2018). Las variaciones observadas en la biodiversidad circundante (Tabla 9), no solo alteran la carga microbiana directa de las bayas, sino que además modifican el microclima y la disponibilidad de nutrientes en la superficie de las bayas, convirtiéndose en un punto crucial de diferenciación del *terroir* microbiano en entornos similares.

Tabla 9. Características edafoclimáticas de los viñedos en las regiones de estudio.

Variable	Viñedo Majes Tradición - Arequipa	CITEagroindustrial Ica / Viñedo Álvarez - Ica
Clima		
● Temperatura (máx. y min.)	30.9 °C 19.8 °C	32.2 °C 19.6 °C
● Precipitación	0.1 mm	0.0 mm
● Humedad relativa	74.1 %	79.2 %
● Altitud	618 msnm	407 msnm
Suelo		
● pH	7.2	7.1

Por ello, el registro de la biodiversidad aledaña, permite una mejor comprensión de la presencia de microorganismos, propios de animales y plantas, que interactúan con las bayas, así como otras bacterias, hongos y levaduras traídas por polinizadores o efectos de corrientes de aire. Así, en este estudio, la vegetación aledaña mostró ser un factor importante, ya que el viñedo en Arequipa colindaba con laderas cubiertas de vegetación silvestre, caracterizada por plantas del desierto, algunas de ellas utilizadas como cercos vivos. Por otro lado, las muestras

de Ica no estaban rodeadas de vegetación nativa, sino de árboles frutales y otros cultivos.

Adicionalmente, en ambas regiones, la biodiversidad circundante a los viñedos —incluyendo tanto la vegetación nativa y asociada, así como la fauna local (artrópodos, insectos y aves)— constituye un reservorio ambiental y vector de inóculos, facilitando la dispersión de taxones fúngicos y bacterianos hacia la superficie de la baya (epífitos), lo cual puede contribuir al *terroir* microbiano. Diversos estudios han demostrado que las comunidades microbianas presentes en uvas no se originan exclusivamente en la vid, sino que resultan de procesos de dispersión y colonización desde el entorno inmediato, mediados por vectores bióticos y abióticos. En este sentido, la biodiversidad aledaña influye indirectamente en la estructura y diversidad de la microbiota asociada a la uva, reforzando el carácter territorial y ecológico del *terroir* microbiano (Bokulich *et al.* 2014; Morrison-Whittle y Goddard 2018).

Con respecto al manejo de los viñedos (Tabla 10), las actividades realizadas por los viticultores influyen en la composición de la microbiota. Así, en los Viñedos Tradición Majes en Arequipa, se registraron aplicaciones sanitarias de fungicidas sobre variedades blancas, como Albilla, Italia y Torontel; práctica que no está presente en el CITEAgroindustrial Ica ni en el Fundo Álvarez de Ica. Por otro lado, una diferencia importante se da en los sistemas de conducción de las vides, en el caso de la zona de estudio de Arequipa, los parronales tienen un soporte de tipo “triple T”, a diferencia de la zona de estudio de Ica, donde la disposición de las vides se da principalmente en el formato de “galera iqueña”. Este tipo de práctica cultural, influye en la microbiota, debido al contacto cercano de las hojas con la rizósfera, lo cual se evidencia por la presencia de géneros propios del suelo de viñedos de Ica (*Bradyrhizobium, Sphingomonas, Rhizobium, Bosea*), no encontrándose con la misma frecuencia en los viñedos de Arequipa.

Tabla 10. Descripción de biodiversidad y manejo de los viñedos en las zonas de estudio.

Variable	Viñedo Majes Tradición - Arequipa	CITEagroindustrial Ica / Viñedo Álvarez - Ica
Biodiversidad		
● Vegetación alrededor	Vegetación escasa, debido al clima desértico. Familias presentes *Portulacaceae* y eventualmente *Chenopodiaceae*, gramíneas, aromo (como cerco vivo), etc.	Plantaciones de *Neltuma pallida "*huarango", uva de mesa, mangos y pastos.
● Fauna e insectos	Arañas, grillos y Paseriformes (palomas).	Arañas, abejas y *Mimus longicaudatus "*chaucatos".
Manejo agronómico del viñedo		
● Aplicaciones fitosanitarias	Aplicaciones de "azufre floable" micronizado (1 ó 2 aplicaciones al año). Eventualmente aplicación de fungicidas (azoles) particularmente en variedades blancas. Abonos foliares a base de nitrógeno, fósforo, potasio y microelementos.	Aplicación sanitaria de azufre a racimos y hojas. Abonos foliares de nitrógeno, fósforo y potasio y microelementos.
● Sistema de conducción	Parronales en triple T, poda de formación, poda de producción.	Patrón español, galera iqueña. Poda de formación, poda de producción.
● Sistema de irrigación	Riego tecnificado por goteo	Riego por goteo y gravedad

Si bien, la microbiota identificada a nivel de cada región no estuvo dominada por ningún género en particular, si existieron diferencias regionales, donde además, se obtuvieron hallazgos interesantes, como la presencia de *Chryseobacterium* (en el viñedo de Arequipa), una bacteria típica de las cenizas volcánicas y *Wallemia* (en las zonas costeras), un hongo que se caracteriza por habitar en suelos salinos; esta información confirma la importancia del estudio de la microbiota en bayas, puesto que al conocer su composición podrían aplicarse herramientas biotecnológicas que permitan cultivos de vides resilientes a diferentes factores climáticos y de suelo (Anexos 5 y 6).

IV. DISCUSIÓN

En los últimos años, diferentes estudios han demostrado la importancia del estudio de la microbiota en bayas para su aplicación en la industria vitivinícola, especialmente por su contribución al *terroir* (Zhang *et al*. 2020) y su aporte al conocimiento de las comunidades microbianas que guían la fermentación alcohólica (Kamilari *et al*. 2021). A diferencia de la mayoría de las investigaciones realizadas con uvas para vinificación, en esta investigación los análisis se realizaron en bayas de uvas pisqueras, principal insumo para la elaboración del Pisco, lo cual subraya la novedad del estudio. Los patrones de diversidad y composición identificados se discuten, por tanto, en el marco de referencias globales de la microbiota aplicada en uvas para vinos, reconociendo que la extrapolación directa de contextos norteamericanos, europeos y asiáticos hacia condiciones costeras andinas semiáridas de altitud media debe hacerse con cautela.

Este estudio presentó algunas limitaciones. La recolección de muestras se realizó en una sola temporada (debido al ciclo natural de la cosecha que se da una vez al año). No se realizó el análisis sensorial asociado a la producción de ese año, debido a que, una vez cosechadas las bayas, pasan por los procesos de despalillado, prensado, fermentación, destilación, reposo y embotellado, y, por lo tanto, en cada etapa, el equipo, el material, las superficies y el propio destilado contribuirían a cualquier diferencia en la composición de la microbiota (Hall *et al*. 2019; García-Izquierdo 2024). Asimismo, no se tomaron muestras en la etapa final, para evaluaciones organolépticas, debido a dificultades asociadas a la pandemia por SARS-CoV-2, por ejemplo, el acceso a las bodegas estuvo restringido y hubieron cambios en el cronograma habitual del proceso de destilado. No obstante, los resultados de este estudio constituyen un aporte al primer eslabón de la cadena productiva del Pisco, dando lugar a oportunidades de colaboración con actores claves (universidades e institutos públicos de investigación, entidades gubernamentales como INACAL e INDECOPI y empresas), para la continuidad de estos estudios y aplicaciones a nivel de normas técnicas, actualización de guías, lineamientos y protección de la propiedad intelectual.

Este trabajo representa un primer paso en la descripción de la microbiota (bacterias

y hongos) presente en las ocho variedades de uvas pisqueras procedentes de las regiones con Denominación de Origen Arequipa e Ica, bajo las mismas condiciones de cultivo y análisis. Los hallazgos preliminares podrán complementarse a futuro con otros estudios en la cadena productiva del Pisco, ya sea a nivel de producción agrícola, producción del mosto, destilación, reposo, embotellado, comercialización y distribución, siendo uno de los puntos críticos la fase de destilación, puesto que luego de esta etapa se realiza el análisis de calidad y análisis sensoriales para determinar el perfil aromático del Pisco, por lo que se reitera la importancia del conocimiento de la diversidad microbiana de las bayas, punto de inicio para la fermentación y determinante en las características finales del Pisco (Napa *et al*. 2023). Se destaca la relevancia de las levaduras no *Saccharomyces*, las que serán esenciales en la fermentación espontánea durante la producción del Pisco, contribuyendo de esta manera a una mejor comprensión de la singularidad del Pisco a partir de las regiones analizadas.

6.1. La diversidad microbiana y su importancia en la microbiota de las variedades de uvas pisqueras

La diversidad microbiana caracterizada por *metabarcoding* contribuye, en el caso del vino (Wei *et al*. 2018), a una descripción más precisa y de relevancia para la industria, evidenciando la importancia de los microorganismos y sus interacciones (Fadiji y Babalola 2020; Tronchoni *et al*. 2022).

Estudios sobre el microbioma epifítico y endofítico en bayas de *Vitis vinifera* reportaron a *Gluconobacter* como el género bacteriano dominante (Marzano *et al*. 2016; Berbegal *et al*. 2019), mostrando similitud con esta investigación, donde se reportó a *Gluconobacter* en seis variedades de uvas pisqueras. Otros géneros presentes en menor porcentaje fueron *Ralstonia*, *Burkholderia* y *Pseudomonas* (Pacífico *et al.* 2019), coincidiendo con estudios sobre diversidad y dinámica de microorganismos epidérmicos de bayas, donde los géneros identificados en uvas maduras fueron *Sediminibacterium*, *Ralstonia*, *Pantoea, Bradyrhizobium* y *Komagateibacter* (Bokulich *et al*. 2014; Wang *et al*. 2020; Ding *et al.* 2024); así como *Tatumella* y *Lactococcus*, presentes en los procesos de fermentación espontánea, contribuyendo a la conformación de la microbiota del vino (Ohwofasa *et al*. 2024).

Otro hallazgo en este estudio, a nivel bacteriano, fue la presencia de la familia Orbaceae, como dominante bajo la denominación 'no clasificada', reflejando limitaciones en la resolución taxonómica o en la información disponible en bases de datos, a nivel de géneros de esta familia, en estudios realizados en uvas pisqueras. Sin embargo, las Orbaceae*,* junto con *Komagataeibacter,* han sido reportados como relevantes en muestras fermentadas (Shi *et al*. 2022), dado que mostraban una correlación positiva con los aromas de los vinos.

A nivel de hongos, se reportan a *Cladosporium* y *Hanseniaspora* como predominantes en tallos y bayas, así como, en menor proporción, a los géneros *Botryotinia*, *Aureobasidium* y *Saccharomyces*, funcionalmente relacionados con el microbioma del vino (Bokulich *et al*. 2014; Wei *et al*. 2023). En esta investigación, se presentaron algunas diferencias como la predominancia de *Starmerella, Pichia* y *Wallemia*, típicas de bayas, lo que confirma que la composición de microorganismos fúngicos varía en cada parte de la vid (Wei *et al*. 2023; Leal *et al.* 2024). En conjunto, estos resultados evidencian que la microbiota fúngica de las bayas presenta similitudes parciales con estudios en uvas para vinificación, pero también particularidades asociadas al sistema pisquero.

En estudios de la microbiota epífita de uvas asociada a su rol etiológico en enfermedades, se identificaron géneros como *Cladosporium, Starmerella, Wallemia, Claviceps* y *Alternaria,* así como *Hanseniaspora, Pichia, Candida* y *Saccharomyces* para el caso de levaduras con importancia enológica de vinos (Hall *et al.* 2019), guardando similitud con esta investigación, al identificar los mismos géneros fúngicos asociados a la fitopatología de las uvas pisqueras, y levaduras relevantes para el destilado, presentes en las bayas, con excepción del género *Saccharomyces*, identificado solo al nivel del orden Saccharomycetales.

A su vez, investigaciones relacionadas a diversidad de la micobiota en muestras de mostos, para variedades italianas, reportaron como géneros predominantes a *Hanseniaspora, Candida, Pichia, Metschnikowia* y *Zygosaccharomyces* (De Filippis *et al.* 2017); y en muestras pre-fermentativas de vinos, destacaron *Cladosporium* y *Hanseniaspora* (Kamilari *et al*. 2021), evidenciando la presencia de estos géneros en diferentes etapas de la producción, y que en este estudio se identificaron en la

primera etapa, a nivel de bayas.

Se ha reportado a los géneros *Alternaria, Aspergillus, Botrytis, Cladosporium, Penicillium* y *Rhizopus* en muestras provenientes de la fermentación inicial de mostos; los que son conocidos como indeseables para la calidad del vino (Pinto *et al*. 2015). De estos géneros, dos fueron identificados en esta investigación, *Cladosporium* y *Alternaria,* aunque esta última en menor porcentaje, no obstante, son de cuidado desde su presencia en la baya hasta el momento de la elaboración del destilado.

En la etapa de fermentación, se reportan los géneros *Aureobasidium, Cladosporium, Saccharomyces, Hanseniaspora* y *Metschnikowia*, como dominantes a nivel fúngico (Onetto *et al*. 2024), contrastándose con esta investigación en bayas de uva, y que revela diferentes géneros predominantes, a excepción del género *Cladosporium* y *Hanseniaspora*. Se infiere que esta diferencia se debe al tipo de muestra, donde resulta coherente con la naturaleza ubicua de géneros como *Hanseniaspora*, la cual es una levadura oxidativa, sensible y anaerobia facultativa, con potencial para ser utilizada en el perfil sensorial de destilados, relevante en la calidad del producto final (Stefanini y Cavalieri 2018; van Wyk *et al*. 2023).

Otro género relevante en la revelación de la micobiota de uvas pisqueras ha sido *Starmerella*, levadura no *Saccharomyces,* asociada inicialmente al deterioro del vino; no obstante, en los últimos años ha revertido su rol al afectar de forma positiva a la calidad del vino, siempre que trabaje en la fermentación mixta con levaduras *Saccharomyces* (Nadai *et al*. 2021). En esta investigación, teniendo en cuenta que el Pisco pasa por la misma etapa del fermentado de uvas que en los vinos, se identificó a *Starmerella* como uno de los géneros dominantes en las uvas pisqueras Albilla, Italia y Negra Criolla. También se ha reportado esta levadura en tres tipos de muestras: uvas, mostos y vinos de la variedad Menier (Destanque *et al*. 2024), así como en la fermentación inicial de mostos (Wang *et al*. 2024). De esta manera, se confirma la importancia de *Starmerella* a nivel de bayas de uvas y mostos, principalmente por su capacidad como controlador biológico frente a fitopatógenos como *Botrytis* y *Penicillium*, así como por su potencial aplicación en la bioprotección

del mosto durante las etapas iniciales del proceso fermentativo (Nadai *et al*. 2021).

6.2. Diferenciación de la riqueza y diversidad de la microbiota de las uvas pisqueras

Siendo éste el primer estudio con este enfoque en uvas pisqueras, se discutieron aspectos de riqueza y diversidad de la microbiota tomando como referencia análisis realizados en uvas para vino.

Esta investigación revela una mayor riqueza bacteriana en las variedades de uvas pisqueras Mollar, Moscatel, Torontel y Albilla para ambas regiones (Ica y Arequipa). A nivel de hongos, las variedades, Italia, Mollar, Negra Criolla y Uvina fueron las que presentaron mayor heterogeneidad. Estos hallazgos coincidieron con los de la investigación realizada en cultivares de uva para vino, como Aglianico y Cabernet, donde los valores de índice alfa Chao1 no tuvieron diferencia significativa ($p > 0,05$) entre las muestras analizadas, debido a la similitud del número de especies presentes independientes de su ubicación (regiones de Sicilia y Molise). Así también, la diversidad alfa medida con el índice de Shannon reportó que la ubicación de los cultivares si tuvo un efecto significativo en la composición de la comunidad fúngica, con mayor diversidad en las uvas del viñedo Molisian a diferencia de las uvas de Sicilia (Iorizzo *et al*. 2024). En esta investigación, se identificó que las microbiotas de las uvas pisqueras de la región de Ica son menos diversas que las de la región Arequipa; infiriéndose a partir de esta tendencia que probablemente la ubicación y otros factores de entorno ejercen presión selectiva sobre las comunidades microbianas, lo que en última instancia determina su composición y diversidad.

A modo de comparación, investigaciones realizadas en diversidad de la microbiota en muestras de hojas de uva para vino, reportaron que, la variedad Syrah tenía la mayor diversidad de comunidades bacterianas y la variedad Longan la mayor diversidad de comunidades de hongos (Zhang *et al*. 2020). Del mismo modo, la riqueza y diversidad de la microbiota de nueve variedades de bayas de uva para vino provenientes de un solo viñedo: Chardonnay (Cha), Riesling (Rie), Pinot noir (Pin), Gem (Gem), Cabernet-Sauvignon (Cab), Zinfandel (Zin), Longan (Lon), Syrah

(Syr) y Riesling (Rie), registraron que la variedad Chardonay mostró la mayor riqueza en comunidades bacterianas, y la variedad Longan la mayor riqueza en comunidades fúngicas, mencionándose como aspectos claves el tamaño, la forma y las características de crecimiento de las diferentes variedades de uvas para vino, probando así, indirectamente, el papel significativo en el *terroir* (Bao *et al*. 2022).

Al igual que en los estudios mencionados líneas arriba, en la presente investigación se aplicó el índice de Simpson, el cual evidencia valores menores en comunidades con mayor diversidad microbiana. Este comportamiento concuerda con lo reportado en estudios previos realizados en uvas destinadas a vinificación (Wei *et al*. 2023).

6.3. Rol de los factores edafoclimáticos, geográficos y manejo agronómico en la generación del *terroir* microbiano del Pisco

El *terroir* está estrechamente vinculado a la identidad regional de un vino o destilado, y, por lo tanto, su composición microbiana resulta importante en la industria del Pisco y los destilados. En este contexto, en base a la caracterización cualitativa de los factores edafoclimáticos, los elementos de la biodiversidad y el manejo agronómico en cada región, se plantea que estos elementos podrían determinar la configuración de los perfiles microbianos que intervienen en la identidad regional del Pisco, concordante con estudios donde se registra, por ejemplo, que el pH del suelo es un determinante de las comunidades bacterianas y su interacción con la planta (Karagöz *et al*. 2012).
Asimismo, se muestra evidencias de que los hongos y bacterias del suelo ocupan nichos específicos, respondiendo de manera diferente a precipitación y pH del suelo. Así también, se ha reportado el efecto del cambio climático en la diversidad, abundancia, y potencial funcional (Bahram *et al*. 2018).

Comúnmente se ha reportado la interacción de diferentes factores, como la topografía, el clima, las propiedades del suelo, los cultivares y el manejo agrícola, los que aislados o en conjunto afectan a las comunidades microbianas del suelo de vides (Burns *et al*. 2015; Mezzasalma *et al*. 2018; Rivas *et al*. 2021; Cruz-Silva *et al*. 2023). Las comunidades microbianas existentes en las vides van cambiando de composición principalmente por factores fenológicos y ambientales, ello se refleja

en la variación interanual como respuesta al clima. Sin embargo, mantienen una semi-estabilidad entre regiones y entre cosechas (Cheng *et al*. 2020; Reiter *et al*. 2021), lo cual genera diferencias que no solo determinan la composición de microorganismos de la uva, sino también puede permitir su resistencia o sensibilidad a plagas, tiempo de maduración, productividad, entre otros (Ding *et al*. 2024; Leal *et al*. 2024).

La actividad antropogénica también presenta efectos indirectos en la microbiota, ya sea a través del uso de insecticidas o el traslado por trabajadores de bodegas a viñedos, actuando como vectores. Otras prácticas relacionadas al manejo del cultivo, impactan del mismo modo en la alteración de la microbiota y el microclima (Castañeda *et al*. 2018; Giraldo-Pérez *et al*. 2021). De esta manera, se encuentran coincidencias con lo reportado en la presente investigación y se refuerza la influencia del manejo agronómico (durante toda la cadena productiva del Pisco) en la determinación de la microbiota. Adicionalmente, estudios recientes postulan la existencia de la microbiota geográficamente estructurada, que contribuye a la expresión de la distinción regional de productos agrícolas en la viticultura (Liu *et al*. 2019; Onetto *et al*. 2024; Flörl *et al*. 2025); así como la determinación de la composición de comunidades de bacterias y hongos en la carpósfera de las bayas influenciadas por la localización geográfica y el cultivar (Bekris *et al*. 2025). También se destaca que esta microbiota es influenciada por factores de clima y topografía, propiedades del suelo, además de los factores antropogénicos y el manejo agronómico de la región (Morrison-Whittle y Goddard 2017; Castelló 2021).

Dado que, la función de ensamblaje microbiano es intrínsecamente difícil de medir y determinar debido a su naturaleza altamente cambiante (Nannipieri *et al*. 2017; Lazcano *et al*. 2020), se requiere investigaciones complementarias que permitan relacionar los géneros o especies de importancia enológica identificados, con los diferentes patrones sensoriales o pruebas fisicoquímicas que permitan un mayor apoyo a la determinación del *terroir* del Pisco; puesto que la tipicidad regional del vino de acuerdo con una mayor calidad, permite una mayor aceptación por parte del consumidor (Belda *et al*. 2021), siendo necesario realizar evaluaciones individuales de microorganismos potenciales, para definir en qué medida y con qué estabilidad se podría preservar la regionalidad de los perfiles aromáticos del Pisco

a lo largo del tiempo.

6.4. Contribución de la microbiota de las uvas pisqueras a la identidad regional del Pisco

La identidad regional del Pisco es muy importante para la industria pisquera, sin embargo, se tiene limitaciones de información, por lo que esta caracterización es un primer paso para identificar similitudes y diferencias entre las distintas variables que dan características únicas al Pisco de cada región. Si bien existen cinco regiones en el Perú con la “Denominación de Origen del Pisco”, que siguen estrictamente los procedimientos contenidos en el Reglamento de la Denominación de Origen del Pisco, dirigidos por el Consejo Regulador del Pisco; estos incluyen las Normas Técnicas Peruanas NTP 212.033:2007, sobre las buenas prácticas vitivinícolas NTP 212.034:2007 y buenas prácticas de elaboración del Pisco que describe el uso de las uvas pisqueras y su procesamiento desde la cosecha hasta el almacenamiento (INACAL 2017b).

En este estudio, se ha destacado la importancia de la identidad regional del Pisco para la industria pisquera, demostrando el rol clave de las comunidades microbianas en el desarrollo del *terroir* microbiano. Como consecuencia, se justifican varias líneas de investigación complementarias, tales como análisis de la microbiota en diferentes órganos de las vides pisqueras, estudio de las primeras etapas de fermentación y destilado, durante las cuales las comunidades microbianas, especialmente las no *Saccharomyces*, resultan relevantes al conferir un perfil aromático fermentativo, que, junto con la contribución de los aromas varietales, puede brindar mayor respaldo al concepto de la «huella aromática» del Pisco.

Los resultados del estudio demuestran que las uvas pisqueras de Ica y Arequipa presentan un *terroir* regional, determinado principalmente por características de la región de cultivo y el manejo agronómico. En este contexto, las diferencias en variedad y tipo (aromática y no aromática) desempeñarían un rol complementario. Estos resultados constituyen un importante punto de partida para futuras investigaciones sobre los factores determinantes del *terroir* en el destilado, aportando valor agregado a la cadena productiva del Pisco.

V. CONCLUSIONES

1. Se reporta por primera vez la microbiota (bacterias y hongos/levaduras), a nivel de familias y géneros, en bayas de las ocho variedades de uvas pisqueras procedentes de las regiones Arequipa e Ica, evidenciándose diferencias regionales definidas.
2. En Arequipa, la microbiota bacteriana predominante estuvo representada por géneros típicos de las etapas iniciales de la fermentación (*Gluconobacter, Tatumella, Ralstonia, Pantoea, Komagataeibacter*). En contraste, en Ica se identificaron géneros bacterianos vinculados a procesos de crecimiento vegetal y disponibilidad de nutrientes (*Bradyrhizobium, Sphingomonas, Rhizobium, Bosea*).
3. La microbiota fúngica en las bayas de la región Ica registraron géneros de relevancia fitosanitaria y enológica (*Wallemia, Penicillium, Claviceps, Saccharomycopsis, Vishniacozyma*), no presentes en Arequipa, reflejando su carácter autóctono asociado a las condiciones ambientales propias de las zonas costeras.
4. Las variedades de uvas pisqueras de la Región Ica mostraron menor diversidad en comparación con Arequipa a nivel de las comunidades bacterianas y para el caso de hongos, ambas regiones presentaron similar riqueza y abundancia de especies.
5. La descripción cualitativa del *terroir* en el presente estudio, muestra que la composición de las comunidades microbianas no depende exclusivamente de los factores edafoclimáticos, sino también del manejo agronómico y biodiversidad aledaña.

VI. RECOMENDACIONES

La caracterización de la microbiota en uvas pisqueras permite brindar información fundamental para la comunidad científica, viticultores y enólogos, basada en un mayor conocimiento de estas a nivel de cultivo y procesamiento, por lo que se recomienda:

- Analizar la correlación entre factores edafoclimáticos, manejo agronómico y biodiversidad aledaña, para una caracterización integral del *terroir* microbiano del Pisco.
- Realizar análisis sensoriales por variedad de Pisco, pues revelaría la influencia de las características regionales en las propiedades organolépticas del Pisco, complementando así los resultados de este trabajo.
- Caracterizar la microbiota de las variedades pisqueras cultivadas en las tres regiones faltantes con denominación de origen: Lima, Moquegua y Tacna
- Analizar la microbiota en diferentes órganos (raíces, tallos y hojas), y diferentes etapas del procesamiento (mosto, destilado, reposo, etc.) del Pisco.
- Complementar los análisis de *metabarcoding* con el uso de la microbiología clásica como método de validación cruzada a fin de mitigar las limitaciones inherentes a la corta longitud de los *reads* de Illumina, asegurando la presencia de ciertos taxones identificados y permitiendo el estudio fenotípico de los taxones de interés detectados en las librerías genómicas.
- Identificar y clasificar aquellos microorganismos desconocidos que se observaron en esta investigación a fin de ser reportados en las bases de datos de referencia.
- Identificar y aislar bacterias y levaduras autóctonas con potencial enológico y tecnológico, que contribuyan a la mejora de la calidad del Pisco.

9. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aleynova, O. A., Nityagovsky, N. N., Ananev, A. A., Suprun, A. R., Ogneva, Z. V., Dneprovskaya, A. A., Beresh, A.A., Dubrovina, A. S., Chebukin, P.A., Kiselev, K. V. (2023). Bacterial and fungal endophytes of grapevine cultivars growing in Primorsky Krai of Russia. *Horticulturae,* 9(12), 1257. https://doi.org/10.3390/horticulturae9121257

Aliquó, G., Torres, R., Lacombe, T., Boursiquot, J. M., Laucou, V., Gualpa, J., Fanzone, M., Sari, S., Pérez J., Prieto, J. A. (2017). Identity and parentage of some South American grapevine cultivars present in Argentina. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 23(3), 452-460. https://doi.org/10.1111/ajgw.12282

Almanza, A., Cruz, W., Caceres, H., Blas, R. (2023). Identification and selection of wild *Saccharomyces cerevisiae* for improvement of Pisco from Quebranta grapes. *Revista Peruana de Biología* 30(4): e25973. http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v30i4.25973

An, R., Ma, Q., Sun, S., Zhang, H., Lyu, C., Wang, D., Song, S. (2024). Bacterial and Fungal Communities of Table Grape Skins in Shanghai. *Horticulturae*, 10(6), 560. https://doi.org/10.3390/horticulturae10060560

Asghari, S., Harighi, B., Ashengroph, M., Clement, C., Aziz, A., Esmaeel, Q., Ait Barka, E. (2020). Induction of systemic resistance to *Agrobacterium tumefaciens* by endophytic bacteria in grapevine. *Plant Pathology*, 69(5), 827-837. https://doi.org/10.1111/ppa.13175

Asociación de Exportadores - ADEX (24 de julio de 2024). Exportación de Pisco alcanzó US$ 3 millones 800 mil a Mayo. https://www.adexperu.org.pe/Adex/Prensa?id=6658

Anagnostopoulos, D. A., Kamilari, E., Tsaltas, D. (2019). Contribution of the microbiome as a tool for estimating wine's fermentation output and authentication. *Advances in grape and wine biotechnology*, 1-19. https://dx.doi.org/10.5772/intechopen.85692

APG IV (2016) An Update of the Angiosperm Phylogeny Group Classification for the Orders and Families of Flowering Plants. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181, 1-20. https://doi.org/10.1111/boj.12385

Azpiazu-Muniozguren, M., Perez, A., Rementeria, A., Martinez-Malaxetxebarria, I., Alonso, R., Laorden, L., Gamboa, J., Bikandi, J., Garaizar, J., Martinez-Ballesteros, I. (2021). Fungal Diversity and Composition of the Continental Solar Saltern in Añana Salt Valley (Spain). *Journal of Fungi*, 7(12), 1074. https://doi.org/10.3390/jof7121074

Bagheri, B., Philipp, C., Horacek, M., Bauer, F. F., Setati, M. E. (2019). Microbial diversity in grape musts from Austrian and South African grape varieties and regions. *BIO Web of Conferences*,12, 02028. https://doi.org/10.1051/bioconf/20191202028

Bahlouli, I., Daldoul, S., Mliki, A., Mercati, F., Gargouri, M. (2025). Climbing with microbes: How elevation shapes the bacterial root microbiome of wild grapevine and selects plant growth-promoting hubs for sustainable viticulture. *Science of The Total Environment*, *1000*, 180412. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2025.180412

Bahram, M., Hildebrand, F., Forslund, S. K., Anderson, J. L., Soudzilovskaia, N. A., Bodegom, P. M., Bork, P. (2018). Structure and function of the global topsoil microbiome. *Nature*, 560(7717), 233-237. https://doi.org/10.1038/s41586-018-0386-6

Bakker, J. (2024). Applied multivariate statistics in R. University of Washington. https://uw.pressbooks.pub/appliedmultivariatestatistics/ chapter/nmds/

Bao, L., Sun, B., Wei, Y., Xu, N., Zhang, S., Gu, L., Bai, Z. (2022). Grape cultivar features differentiate the grape rhizosphere microbiota. *Plants*, 11(9), 1111. https://doi.org/10.3390/plants11091111

Barbero, A. (2017). Aportaciones de las Nuevas técnicas moleculares metagenómica y qPCR a la vitivinicultura [Bachelor thesis, University of Valladolid]. https://uvadoc.uva.es/handle/10324/26523

Bekris, F., Papadopoulou, E., Vasileiadis, S., Karapetsas, N., Theocharis, S., Alexandridis, T. K., Karpouzas, 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), fiaf008. https://doi.org/10.1093/femsec/fiaf008

Belda, I., Ruiz, J., Esteban-Fernández, A., Navascués, E., Marquina, D., Santos, A., Moreno-Arribas, M. (2017). Microbial contribution to wine aroma and its intended use for wine quality improvement. *Molecules* 22(2), 189. https://doi.org/10.3390/molecules22020189

Belda, I., Zarraonaindia, I., Perisin, M., Palacios, A., Acedo, A. (2017). From vineyard soil to wine fermentation: microbiome approximations to explain the "*terroir*" concept. *Frontiers in Microbiology,* 8: 821. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00821

Belda, I., Gobbi, A., Ruiz, J., Celis, M. de, Rüdiger Ortiz-Álvarez, Acedo, A., Santos, A. (2021). Microbiomics to Define Wine *Terroir*. *Elsevier EBooks*, 438–451. https://doi.org/10.1016/b978-0-08-100596-5.22875-8

Bellemain, E., Carlsen, T., Brochmann, C., Coissac, E., Taberlet, P., Kauserud, H. (2010). ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an in silico approach reveals potential PCR biases. *BMC Microbiol*. 10(189). https://doi.org/10.1186/1471-2180-10-189

Berbegal, C., Borruso, L., Fragasso, M., Tufariello, M., Russo, P., Brusetti, L., Spano, G., Capozzi, V. A. (2019). Metagenomic-based approach for the characterization of bacterial diversity associated with spontaneous malolactic fermentations in wine. International *Journal of Molecular Sciences*, 20(16), 3980. https://doi.org/10.3390/ijms20163980

Blanco, P., Rodríguez, I., Fernández-Fernández, V., Ramil, M., Castrillo, D., Acín-Albiac, M., Adamo, I., Fernández-Trujillo, C., García-Jimenez, B., Acedo, A., Calvo-Portela, N., Parente-Sendín, A., Acemel-Míguez, L., Alonso-Vega, F. (2024). Physicochemical properties and microbiome of vineyard soils from DOP Ribeiro (NW Spain) are influenced by agricultural management. *Microorganisms*, 12(3), 595. https://doi.org/10.3390/microorganisms12030595

Bokulich, N. A., Ohta, M., Richardson, P. M., Mills, D. A. (2013). Monitoring seasonal changes in winery-resident microbiota. *PLoS ONE* 8(6), e66437. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066437

Bokulich, N. A., Thorngate, J. H., Richardson, P. M. Mills, D. A. (2014). Microbial biogeography of wine grapes is conditioned by cultivar, vintage, and climate. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 111(1): E139-E148. https://doi.org/10.1073/pnas.1317377110

Bokulich, N. A., Collins, T. S., Masarweh, C., Allen, G., Heymann, H., Ebeler, S. E., Mills, D. A. (2016). Associations among wine grape microbiome, metabolome, and fermentation behavior suggest microbial contribution to regional wine characteristics. *MBio*, 7(3), e00631-16. https://doi.org/10.1128/mbio.00631-16

Bouchot, J.-L., Trimble, W. L., Ditzler, G., Lan, Y., Essinger, S., Rosen, G. (2014). Advances in machine learning for processing and comparison of metagenomic data. *Computational Systems Biology*. 295 - 329. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-405926-9.00014-9

Bouki, P., Mitsagga, C., Kambouris, M., Giavasis I. (2020). Microbiomic Prospects in Fermented Food and Beverage Technology. *Elsevier EBooks*, 245–277. https://doi.org/10.1016/b978-0-12-816664-2.00012-8

Bouki, P., Mitsagga, C., Becker, A. T., Giavasis, I. (2025). Monitoring and Characterization of the Microbiome of Organic Grapes, Must and Natural Wine During Spontaneous Alcoholic and Malolactic Fermentation. *Beverages,* 11(6), 160. 10.20944/preprints202508.1970.v1

Boursiquot, J.-M., Laucou, V., Llorente, A., Lacombe, T. (2014) Identification of grapevine accessions from Argentina introduced in the ampelographic collection of Domaine de Vassal. *BIO Web of Conferences* 3, 01019. https://doi.org/10.1051/bioconf/20140301019

Bubeck, A. M., Preiss, L., Jung, A., Dörner, E., Podlesny, D., Kulis, M., Fricke, W. F. (2020). Bacterial microbiota diversity and composition in red and white wines correlate with plant-derived DNA contributions and botrytis infection. *Scientific Reports*, 10(1), 1-13.

https://doi.org/10.1038/s41598-020-70535-8

Bunbury-Blanchette, A. L. (2024). Yeast communities of Nova Scotia wine grapes: characterization and implications for winemaking. [Doctoral thesis, o Saint Mary's University]. https://library2.smu.ca/handle/01/31910

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

Cáceres, H., Quispe, P., Pignataro, D., Orjeda, G., Lacombe, T. (2017). Caracterización morfológica de variedades de vid para producción de Pisco bajo condiciones de la zona media del valle de Ica, Perú. *Scientia Agropecuaria*, 8(1), 63- 72. http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2017.01.06

Cachón, D. C., Crego, E. R., González, N. N., Camba, P. B. (2019). Yeast diversity on grapes from Galicia, NW Spain: biogeographical patterns and the influence of the farming system. *OENO One*, 53(3). https://doi.org/10.20870/oeno-one.2019.53.3.2379

Cadot, Y., Caillé, S., Thiollet-Scholtus, M., Samson, A., Barbeau, G. Cheynier, V. (2012). Characterisation of typicality for wines related to *terroir* by conceptual and by perceptual representations. An application to red wines from the Loire Valley. *Food Quality and Preference*, 24, 48-58. https://doi.org/10.1016/j.foodqual.2011.08.012

Campanaro, S., Treu, L., Vendramin, V., Bovo, B., Giacomini, A. Corich, V. (2014). Metagenomic analysis of the microbial community in fermented grape marc reveals that *Lactobacillus fabifermentans* is one of the dominant species: insights into its genome structure. *Applied Microbiology and Biotechnology* 98, 6015 - 6037. https://doi.org/10.1007/s00253-014-5795-3

Campisano, A., Antonielli, L., Pancher, M., Yousaf, S., Pindo, M., Pertot, I.

(2014). Bacterial endophytic communities in the grapevine depend on pest management. *PLoS ONE*, 9(11), e112763. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112763

Castañeda, L. E., Miura, T., Sánchez, R., Barbosa, O. (2018). Effects of agricultural management on phyllosphere fungal diversity in vineyards and the association with adjacente native forests. *PeerJ*, 6, e5715. https://doi.org/10.7717/peerj.5715

Castelló, E. (2021). The will for *terroir*: A communicative approach. *Journal of Rural Studies*, 86, 386-397. https://doi.org/10.1016/j.jrurstud.2021.06.007

Cheng, X., Ma, T., Wang, P., Liang, Y., Zhang, J., Zhang, A., Fang, Y. (2020). Foliar nitrogen application from veraison to preharvest improved flavonoids, fatty acids and aliphatic volatiles composition in grapes and wines. *Food Research International*, 137, 109566. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109566

Chen, Y., Lei, X., Zhang, T., Dang, G., Cheng, C., Fang, C., Liu, Y. (2025). Insight into the effect of geography and variety on the wine flavory distinctness based on the variations of indigenous microbiota in Xinjiang of China. *Food Research International*, 116364. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.116364

CITEagroindustrial Ica. (2011). *Catálogo ampelográfico de variedades de uvas pisqueras de la denominación de origen Pisco – Perú*. https://docs.google.com/file/d/0B-fhfoYCAIkYeXF3ZzN6NWQ1RTA/edit?resourcekey=0-v21qqpQSmQ-6lMu69Wt6Gg

Clingeleffer, P. R. (2014). Terroir: The application of an old concept in modern viticulture. En N. K. Van Alfen (Ed.), *Encyclopedia of Agriculture and Food Systems*, 277-288. *Academic Press.* https://doi.org/10.1016/B978-0-444-52512-3.00157-1

Corlett, R. T. (2017). A bigger toolbox: biotechnology in biodiversity conservation. *Trends in biotechnology*, 35(1), 55-65. https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2016.06.009

Cruz-Silva, A., Laureano, G., Pereira, M., Dias, R., Silva, J. M. D., Oliveira, N., Gouveia, C., Cruz, C., Gama-Carvalho, M., Alagna, F., Duarte, B., Figueiredo, A. (2023). A new perspective for vineyard *terroir* identity: Looking for microbial indicator species by long read nanopore sequencing. *Microorganisms*, 11(3), 672. https://doi.org/10.3390/microorganisms11030672

Cui, S., Zhou, L., Fang, Q., Xiao, H., Jin, D., Liu, Y. (2024). Growth period and variety together drive the succession of phyllosphere microbial communities of grapevine. *Science of the Total Environment*, 950, 175334. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.175334

Darriaut, R., Marzari, T., Lailheugue, V., Tran, J., Martins, G., Marguerit, E., Lauvergeat, V. (2024). Microbial dysbiosis in roots and rhizosphere of grapevines experiencing decline is associated with active metabolic functions. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1358213. https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1358213

De Filippis, F., La Storia, A., Blaiotta, G. (2017). Monitoring the mycobiota during Greco di Tufo and Aglianico wine fermentation by 18S rRNA gene sequencing. *Food Microbiology*, 63,117-122. https://doi.org/10.1016/j.fm.2016.11.010

Deshpande, M. (2019). Microbial Diversity on Grapes and Other Fruits: Role and Significance in Fermentation. *Springer EBooks*, 187–204. https://doi.org/10.1007/978-981-13-8487-5_8

Destanque, A., Picot, A., Pensec, F., Pawtowski, A., Rolland, N., Treguer-Fernandez, S. Coton, M. (2024). Grape berry mycobiota and its contribution to fresh mushroom aroma off-odour in wine. *OENO One*, 58(4). https://doi.org/10.20870/oeno-one.2024.58.3.8105

Di Gianvito, P., Englezos, V., Ferrocino, I., Cocolin, L., & Rantsiou, K. (2025). Survey of a grapevine microbiome through functional metagenomics. *Food Research International,* 117000. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.117000

Ding, Y., Wang, L., Wang, H., Li, H. (2024). Dynamic Succession of Natural Microbes during the Ecolly Grape Growth under Extremely Simplified Eco-Cultivation. *Foods*, 13(10), 1580. https://doi.org/10.3390/foods13101580

Ding, Y., Wang, W., Luo, T., Song, Y., Gao, Y., Zhang, Z., Li, H. (2026). Multi-omics evaluation of grape microbial diversity and natural wine flavor metabolites under extra-simplified eco-viticulture. *Food Chemistry*, 148671. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2026.148671

Dong, H., Zhang, F., Xu, T., Liu, Y., Du, Y., Wang, C., ... & She, Y. (2022). Culture-dependent and culture-independent methods reveal microbe-clay mineral interactions by dissimilatory iron-reducing bacteria in an integral oilfield. Science of The Total Environment, 840, 156577. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.156577

Doyle, J.J, Doyle, J.L. (1987). A rapid DNI isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry Bulletin* 19;11 – 15.

Englezos, V., Giacosa, S., Rantsiou, K., Rolle, L., Cocolin, L. (2017). *Starmerella bacillaris* in winemaking: opportunities and risks. *Current Opinion in Food Science*, 17, 30-35. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2017.08.007

Escott, C., Loira, I., Morata, A., Bañuelos, M. A., Suárez-Lepe, J. A. (2017). Wine Spoilage Yeasts: Control Strategy. *InTech,* 4. https://dx.doi.org/10.5772/ intechopen.69942

Fadiji, A., Babalola, O. (2020). Metagenomics methods for the study of plant-associated microbial communities: a review. *Journal of Microbiological Methods*, 170, 105860. https://doi.org/10.1016/j.mimet.2020.105860

Felšöciová, S., Kačániová, M. (2019). Mycobiota in traditional grapes and grape for ice wine production cultivated in Slovakia. *Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies*, 52(1), 70-70.

Fernandes, P., Afonso, I. M., Pereira, J., Rocha, R., Rodrigues, A. S. (2023). Epiphitic microbiome of Alvarinho wine grapes from different geographic regions in Portugal. *Biology*, 12(2), 146. https://doi.org/10.3390/biology12020146

Ferreira, C. M., Soares, H. M., Soares, E. V. (2019). Promising bacterial genera for agricultural practices: An insight on plant growth-promoting properties and microbial safety aspects. *Science of the total environment*, 682, 779-799. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.04.225

Flörl, L., Lin, J., Griggs, R. G., Massonnet, M., Cochetel, N., Figueroa-Balderas, R., Bokulich, N. A. (2025a). The genetic basis of microbiome recruitment in grapevine and its association with fermentative and pathogenic taxa. *New Phytologist*, 248(1), 178-192. https://doi.org/10.1111/nph.70387

Flörl, L., Schönenberger, P., Rienth, M., Bokulich, N. A. (2025b). Grape Expectations: Disentangling Environmental Drivers of Microbiome Establishment in Winegrowing Ecosystems. *bioRxiv*, 2025-05. https://doi.org/10.1101/2025.05.08.652874

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

García-Izquierdo, I., Colino-Rabanal, V. J., Tamame, M., Rodríguez-López, F. (2024). Microbiota Ecosystem Services in Vineyards and Wine: A Review. *Agronomy*, 14(1), 131. https://doi.org/10.3390/agronomy14010131

Giraldo-Perez, P., Raw, V., Greven, M., Goddard, M. R. (2021). A small effect of conservation agriculture on soil biodiversity that differs between biological kingdoms and geographic locations. *Iscience*, 24(4). https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102280

Gobbi, A., Acedo, A., Imam, N., Santini, R. G., Ortiz-Álvarez, R., Ellegaard-Jensen, L., Hansen, L. H. (2022). A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural *terroirs*. *Communications Biology*, 5(1), 241. https://doi.org/10.1038/s42003-022-03202-5

Grangeteau, C., Roullier-Gall, C., Rousseaux, S., Gougeon, R. D., Schmitt-Kopplin, P., Alexandre, H., Guilloux-Benatier, M. (2017). Wine

microbiology is driven by vineyard and winery anthropogenic factors. *Microbial biotechnology*, 10(2), 354-370. https://doi.org/10.1111/1751-7915.12428

Griggs, R. G., Steenwerth, K. L., Mills, D. A., Cantu, D., Bokulich, N. A. (2021). Sources and Assembly of Microbial Communities in Vineyards as a Functional Component of Winegrowing. *Frontiers in Microbiology*, 12, 836. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.673810

Griggs, R. G., Mills, D. A., Bokulich, N. A. (2025). Spatial heterogeneity and microbial terroir: balancing dispersal limitation and cultivar as drivers of microbial diversity in viticulture. *bioRxiv,* 2025-08. https://doi.org/10.1101/2025.08.07.669080

Guo D-J, Li D-P, Zhang M-Y, Wu Y-L, Yang G-R, Liu Z-F, Jiao Y, Yang B (2025) Correlation analysis between quality characteristics and rhizosphere microorganisms of different wine grape varieties during their ripening phase. *Front. Microbiol*. 16:1546323. doi: https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1546323

Hall, M. E., O'Bryon, I. G., Wilcox, W. F., Osier, M. V., Cadle-Davidson, L. (2019). Epiphytic Microbiome of Grapes Berries Varies Between Phenological Timepoints, Growing Seasons and Regions. *BioRxiv*, 2019-12. https://doi.org/10.1101/2019.12.20.884502

Huang, R., Jiang, J., Su, Y., Yu, H., Shen, L., Liu, Y., Song, Y. (2023). Microbial community succession and volatile compounds changes during spontaneous fermentation of Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) under rain-shelter cultivation. *Food Chemistry*: X, 17, 100618. https://doi.org/10.1016/j.fochx.2023.100618

Instituto Nacional de Calidad - INACAL. (2017a). Norma Técnica Peruana: Bebidas alcohólicas. Pisco. Buenas prácticas vitivinícolas. NTP 212.033:2007. 1era Edición. Lima. [https://salalecturavirtual.inacal.gob.pe:8098/datos.aspx?id=24712]

Instituto Nacional de Calidad - INACAL. (2017b). Norma Técnica Peruana:

Bebidas alcohólicas. Pisco. Buenas prácticas de elaboración del Pisco. NTP 212.034:2007. Lima. [https://www.gob.pe/institucion/inacal/noticias/507985-inacal-promueve-estandares-de-calidad-en-la-elaboracion-del-pisco]

Instituto Nacional de Defensa de la Competencia y de la Protección de la Propiedad Intelectual - INDECOPI. (2019). BIOPAT Perú. Uvas Pisqueras. [https://repositorio.indecopi.gob.pe/item/c832bbe5-82e0-47f4-996a-3bf36871132d]

Instituto Nacional de Defensa de la Competencia y de la Protección de la Propiedad Intelectual - INDECOPI. (2024). Guía Práctica de la Denominación de Origen Pisco. [https://cdn.www.gob.pe/uploads/document/file/6697050/5814626-guia-practica-de-la-denominacion-de-origen-pisco.pdf?v=1721947706]

Iorizzo, M., Bagnoli, D., Vergalito, F., Testa, B., Tremonte, P., Succi, M., Coppola, R. (2024). Diversity of fungal communities on Cabernet and Aglianico grapes from vineyards located in Southern Italy. *Frontiers in Microbiology*, *15*, 1399968. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1399968

James, A., Yao, T., Ke, H., Wang, Y. (2023). Microbiota for production of wine with enhanced functional components. *Food Science and Human Wellness*, 12(5), 1481-1492. https://doi.org/10.1016/j.fshw.2023.02.008

Jiménez, Y. (2014). Determinación de terpenos, alcoholes superiores y ésteres de Piscos Italia y Quebranta del valle de Cañete por cromatografía de gases. [Engineering degree thesis, Universidad Nacional Agraria La Molina]. http://45.231.83.156/handle/20.500.12996/2416

Johnston-Monje, D., Vergara, L. I., Lopez-Mejia, J., White, J. F. (2023). Plant microbiomes as contributors to agricultural *terroir*. *Frontiers in Agronomy*, 5, 1216520. https://doi.org/10.3389/fagro.2023.1216520

Jumbam, B., Toro, M., Hu, M. (2025). Comparative analysis of grape berry microbiota uncovers sour rot associates from a Maryland vineyard. *PloS One*, 20(2), e0314397. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0314397

Kamilari, E., Mina, M., Karallis, C., Tsaltas, D. (2021). Metataxonomic analysis

of grape microbiota during wine fermentation reveals the distinction of Cyprus regional *terroir*s. *Frontiers in Microbiology*, 12, 726483.https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.726483

Karagöz, K., Ateş, F., Karagöz, H., Kotan, R., Çakmakçı, R. (2012). Characterization of plant growth-promoting traits of bacteria isolated from the rhizosphere of grapevine grown in alkaline and acidic soils. *Eur. J. Soil. Biol.* 50, 144–150. https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2012.01.007

Lazcano, C., Decock, C., Wilson, S. G. (2020). Defining and managing for healthy vineyard soils, intersections with the concept of *terroir*. *Frontiers in Environmental Science,* 8, 68. https://doi.org/10.3389/fenvs.2020.00068

Leal, C. M., Geiger, A., Molnár, A., Váczy, K. Z., Kgobe, G., Zsófi, Z., Geml, J. (2024). Disentangling the effects of *terroir*, season, and vintage on the grapevine fungal pathobiome. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1322559. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1322559

Legesse, D., Bouhouch, Y., Jacquard, C., Sanchez, L., Ait-Barka, E., Esmaeel, Q. (2025). Meta-analysis of grapevine microbiota: Insights into the influence of cultivars, plant parts, geography, and vineyard practices on bacterial diversity. *Current Plant Biology*, 42, 100478. https://doi.org/10.1016/j.cpb.2025.100478

Li, J., Wang, S., Yu, J., Wang, L., Zhou, S. (2013). A modified CTAB protocol for plant DNA extraction. *Chinese Bulletin of Botany*, 48(1): 72-78. https://www.chinbullbotany.com/CN/10.3724/SP.J.1259.2013.00072

Li, R., Xu, Y., Wang, D. (2023). Effects of simultaneous and sequential mixed fermentation of non-*Saccharomyces* strains and a *Saccharomyces cerevisiae* strain on the fermentation process and volatile compounds of Mijiu. *International Journal of Food Science & Technology*, 58(12), 6576-6587. https://doi.org/10.1111/ijfs.16771

Liu, D., Zhang, P., Chen, D., Howell, K. S. (2019). From the vineyard to the winery: how microbial ecology drives regional distinctiveness of wine. F*rontiers in Microbiology*, 10, 2679. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02679

Liu, D., Legras, J. L., Zhang, P., Chen, D., Howell, K. (2021). Diversity and dynamics of fungi during spontaneous fermentations and association with unique aroma profiles in wine. *International Journal of Food Microbiology*, 338, 108983. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108983

Liu, D., Howell, K. (2021). Community succession of the grapevine fungal microbiome in the annual growth cycle. *Environmental Microbiology*, 23(4), 1842-1857. https://doi.org/10.1111/1462-2920.15172

Liu, W., Ji, R., Aimaier, A., Sun, J., Pu, X., Shi, X., Wang, B. (2023). Adjustment of impact phenolic compounds, antioxidant activity and aroma profile in Cabernet Sauvignon wine by mixed fermentation of *Pichia kudriavzevii* and *Saccharomyces cerevisiae*. *Food Chemistry*: X, 18, 100685. https://doi.org/10.1016/j.fochx.2023.100685

Liu, Q., Hao, N., Mi, L., Peng, S., Marie-Colette, A. K., Zhao, X., Wang, J. (2025). From microbial communities to aroma profiles: A comparative study of spontaneous fermentation in merlot and Cabernet Sauvignon wines. *Food Chemistry*: X, 26, 102317. https://doi.org/10.1016/j.fochx.2025.102317

Lorenzini, M., Cappello, M. S., Andreolli, M., Zapparoli, G. (2023). Characterization of selected species of *Pichia* and *Candida* for their growth capacity in apple and grape must and their biofilm parameters. *Letters in Applied Microbiology*, 76(1), ovac028. https://doi.org/10.1093/lambio/ovac028

Mandakovic, D., Pulgar, R., Maldonado, J., Mardones, W., González, M., Cubillos, F. A., Cambiazo, V. (2020). Fungal diversity analysis of grape musts from Central Valley-Chile and characterization of potential new starter cultures. *Microorganisms*, 8(6), 956. https://doi.org/10.3390/microorganisms8060956

Martínez, L. E., Cavagnaro, P. F., Masuelli, R. W., Zúñiga, M. (2006). SSR-based assessment of genetic diversity in South American *Vitis vinifera* varieties. *Plant Science*, *170*(6), 1036-1044. https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2005.12.006

Martiniuk, J. T., Hamilton, J., Dodsworth, T., Measday, V. (2023). Grape-associated fungal community patterns persist from berry to wine on a fine geographical scale. *FEMS Yeast Research*, 23, foac067. https://doi.org/10.1093/femsyr/foac067

Martins, V., Teixeira, A., Geros, 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

Marzano, M., Fosso, B., Manzari, C., Grieco, F., Intranuovo, M., Cozzi, G., Mulè, G., Scioscia, G., Valiente, G., Tullo, A., Sbisà, E., Pesole, G., Santamaria, M. (2016). Complexity and dynamics of the winemaking bacterial communities in berries, musts, and wines from Apulian grape cultivars through time and space. *PLoS ONE* 11(6), e0157383. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157383

Melcher, U., Verma, R., Schneider, W. L. (2014). Metagenomic search strategies for interactions among plants and multiple microbes. *Frontiers in Plant Science*, 5, 268. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00268

Mendoza, K., Torres, M. R., G.A. Aliquo, Prieto, J. A., Grados, M., Mendiola, J. (2019). Molecular and morphological characterization of the grapevine cultivars “Italia” in the Ica and Cañete valleys (Peru). *BIO Web of Conferences,* 12, 01017–01017. https://doi.org/10.1051/bioconf/20191201017

Mezzasalma, V., Sandionigi, A., Guzzetti, L., Galimberti, A., Grando, M. S., Tardaguila, J., Labra, M. (2018). Geographical and cultivar features differentiate grape microbiota in Northern Italy and Spain vineyards. *Frontiers in Microbiology*, 9,946. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00946

Mills, D. A., Phister, T., Neeley, E., Johannsen, E. (2008). Wine fermentation. In *Molecular Techniques in the Microbial Ecology of Fermented Foods*, 162-192. https://doi.org/10.1007/978-0-387-74520-6_6

Moreira, N., Pina, C., Mendes, F., Couto, J. A., Hogg, T., Vasconcelos, I. (2011). Volatile compounds contribution of *Hanseniaspora guilliermondii* and *Hanseniaspora uvarum* during red wine vinifications. *Food Control*, 22(5), 662-667. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2010.07.025

Morgan, H. H., du Toit, M., Setati, M. E. (2017). The grapevine and wine microbiome: Insights from high-throughput amplicon sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 8, 820. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00820

Morrison-Whittle, P., Lee, S. A., Goddard, M. R. (2017). Fungal communities are differentially affected by conventional and biodynamic agricultural management approaches in vineyard ecosystems. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 246, 306-313. https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.05.022

Morrison-Whittle, P., Goddard, M. R. (2018). From vineyard to winery: a source map of microbial diversity driving wine fermentation. *Environmental Microbiology,* 20(1), 75-84. https://doi.org/10.1111/1462-2920.13960

Moura, M. F., de Oliveira, G. L., Rodrigues, C. S., Paioli-Pires, E. J. (2024). The role of plant breeding in grapevine production. *In Advances in Botanical Research*, 110, 255-294. https://doi.org/10.1016/ bs.abr.2024.01.001

Nadai, C., Giacomini, A., Corich, V. (2021). The addition of wine yeast *Starmerella bacillaris* to grape skin surface influences must fermentation and glycerol production. *OENO One*, 55(2), 47-55. https://doi.org/10.20870/oeno-one.2021.55.2.4556

Nanetti, E., Palladino, G., Scicchitano, D., Trapella, G., Cinti, N., Fabbrini, M., Cozzi, A., Accetta, G., Tassini, C., Iannaccone, L., Candela, M., Rampelli, S. (2023). Composition and biodiversity of soil and root-associated microbiome in *Vitis vinifera* cultivar Lambrusco distinguish the microbial *terroir* of the Lambrusco DOC protected designation of origin area on a local scale. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1108036. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1108036

Nannipieri, P., Ascher, J., Ceccherini, M., Landi, L., Pietramellara, G., Renella,

G. (2017). Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 68(1), 12-26. https://doi.org/10.1111/ejss.4_12398

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, 757. https://doi.org/10.3390/fermentation9080757

Nisiotou, A. A., Rantsiou, K., Iliopoulos, V., Cocolin, L., Nychas, G. (2011). Bacterial species associated with sound and Botrytis-infected grapes from a Greek vineyard. *International Journal of Food Microbiology*, 145(2-3), 432-436. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.017

Ohwofasa A, Dhami M, Zhang J, Tian B, Winefield C. (2024) Influence of climatic variation on microbial communities during organic Pinot noir wine production. *PLoS ONE* 19(2): e0296859. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0296859

Organización Mundial de la Propiedad Intelectual. (2023). Reseña del Arreglo de Lisboa relativo a la Protección de las Denominaciones de Origen y su Registro Internacional (1958). OMPI. Recuperado el 15 de noviembre de 2024 de https://www.wipo.int/treaties/es/registration/lisbon/summary_lisbon.html

Onetto, C. A., Ward, C. M., Van Den Heuvel, S., Hale, L., Cuijvers, K., Borneman, A. R. (2024). Temporal and spatial dynamics within the fungal microbiome of grape fermentation. *Environmental Microbiology*, 26(6), e16660. https://doi.org/10.1111/1462-2920.16660

Oyuela, M. (2019). Análisis de la microbiota de la vid de distintas regiones vitivinícolas y sus propiedades promotoras del crecimiento vegetal. [Doctoral thesis, Universidad Nacional de La Plata]. http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/76354

Oyuela Aguilar, M., Gobbi, A., Browne, P. D., Ellegaard-Jensen, L., Hansen, L. H., Semorile, L., Pistorio, M. (2020). 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

Pacifico, D., Squartini, A., Crucitti, D., Barizza, E., Lo Schiavo, F., Muresu, R., Zottini, M. (2019). The role of the endophytic microbiome in the grapevine response to environmental triggers. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1256. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01256

Palma, J. C., Fabián-Campos, J., Dioses-Morales, J. J., Arias-Durand, A. D., Espinoza-Córdova, G., Gonzales-Uscamayta, M., Visitación-Figueroa, L. (2025). Pisco, an Appellation of Origin from Peru: A review. *Heliyon,* 11(3). https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2025.e42251

Papadopoulou, E., Bekris, F., Vasileiadis, S., Papadopoulou, K., Karpouzas, D. G. (2022). Different factors are operative in shaping the epiphytic grapevine microbiome across different geographical scales: biogeography, cultivar or vintage?. *Journal of Sustainable Agriculture and Environment*, 1(4), 287-301. https://doi.org/10.1002/sae2.12030

Patel, J.K., Jha, A. (2024). Microbiome Engineering for Plant Growth and Improvement. In *Plant Microbiome Engineering.* 447- 483. New York, NY: Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-4180-4_53

Pinto, C., Pinho, D., Sousa, S., Pinheiro, M., Egas, C., Gomes, A. (2014). Unraveling the Diversity of Grapevine Microbiome. *PloS ONE* 9(1): e85622. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085622

Pinto, C., Pinho, D., Cardoso, R., Custódio, V., Fernandes, J., Sousa, S. Gomes, A. C. (2015). Wine fermentation microbiome: a landscape from different Portuguese wine appellations. *Frontiers in Microbiology* 6: 905. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00905

Pinto, M., Rué, O., Pradal, M., Aguera, E., Neuvéglise, C. (2025). Validation of a representative sampling protocol for studying grape berry microbiota at the plot scale. *Journal of Microbiological Methods*, 107376. https://doi.org/10.1016/j.mimet.2025.107376

Pizzi, S., Conti, A., Di Canito, A., Casagrande Pierantoni, D., Foschino, R.,

Setati, M. E., Vigentini, I. (2025). Endophytic diversity in *Vitis vinifera* with different vineyard managements and *Vitis sylvestris* populations from northern Italy: A comparative study of culture-dependent and amplicon sequencing methods. *Biology*, 14(3), 293. https://doi.org/10.3390/biology14030293

Pretorius, I. (2020). Tasting the *terroir* of wine yeast innovation. *FEMS yeast research*, 20(1), foz084. https://doi.org/10.1093/femsyr/foz084

PromPerú (06 de octubre de 2025). Exportaciones de Pisco (2208202100). https://exportemos.pe/descubre-oportunidades-de-exportacion/producto/2208202100

Rakhmatov, A., Kholliev, A., Tashpulatov, U., Haydarova, S. (2024). Damage periods of the main diseases occurring in vineyards during the annual development phases. *E3S Web of Conferences*, 563, 03002. https://doi.org/10.1051/e3sconf/202456303002

Ranade, Y., Pathak, P., Chandrashekar, M., Saha, S. (2023). Diversity Analysis of Culturable Epiphytic Microbial Consortia of Table Grape Berry Surface. *Food Biotechnology*, 37(1), 54-73. https://doi.org/10.1080/08905436.2022.2163402

R Core Team. (2021). R: A language and environment for statistical computing. Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Reiter, T., Montpetit, R., Byer, S., Frias, I., Leon, E., Viano, R., Montpetit, B. (2021). Transcriptomics provides a genetic signature of vineyard site and offers insight into vintage-independent inoculated fermentation outcomes. *Msystems*, 6(2), e00033-21. https://doi.org/10.1128/msystems.00033-21

Rezende, G. S., Rocha, F. I., Funnicelli, M. I. G., Malavazi, I., Crauwels, S., Brandao, M. M., & Cunha, A. F. (2024). *Metabarcoding* analysis reveals an interaction among distinct groups of bacteria associated with three different varietals of grapes used for wine production in Brazil. *Heliyon*, 10(11). https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e32283

Rivas, G. A., Guillade, A. C., Semorile, L. C., Delfederico, L. (2021). Influence

of climate on soil and wine bacterial diversity on a vineyard in a non-traditional wine region in Argentina. *Frontiers in Microbiology*, 12, 726384. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.726384

Romano, P., Fiore, C., Paraggio, M., Caruso, M., Capece, A. (2003). Function of yeast species and strains in wine flavour. *International Journal of Food Microbiology*, 86(1-2), 169-180. https://doi.org/10.1016/S0168-1605(03)00290-3

Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú - SENAMHI. (2017). Manual de observaciones fenológicas (4.ª ed.). Ministerio del Ambiente. [https://www.senamhi.gob.pe]

Shi, X., Liu, Y., Ma, Q., Wang, J., Luo, J., Suo, R., Sun, J. (2022). Effects of low temperature on the dynamics of volatile compounds and their correlation with the microbial succession during the fermentation of Longyan wine. *LWT*, 154, 112661. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.112661

Shimizu, H., Kamada, A., Koyama, K., Iwashita, K., Goto-Yamamoto, N. (2023). Yeast diversity during the spontaneous fermentation of wine with only the microbiota on grapes cultivated in Japan. *Journal of Bioscience and Bioengineering,* 136(1), 35-43. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2023.03.013

Sirén, K., Mak, S. S. T., Fischer, U., Hansen, L. H., Gilbert, M. T. P. (2019). Multi-omics and potential applications in wine production. *Current opinion in biotechnology,* 56, 172-178. https://doi.org/10.1016/j.copbio.2018.11.014

Sotomayor, R. (2016). Estrategias de Ciencia, tecnología e innovación para la internacionalización de la industria del Pisco en el Perú. [Máster tesis, Universidad Peruana Cayetano Heredia].

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, 941. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00991

Swift, J. F., Hall, M. E., Harris, Z. N., Kwasniewski, M. T., Miller, A. J. (2021). Grapevine microbiota reflect diversity among compartments and complex interactions within and among root and shoot systems. *Microorganisms*, 9(1), 92. https://doi.org/10.3390/microorganisms9010092

Teixeira, A., Martins, V., Gerós, H. (2024). From the vineyard soil to the grape berry surface: Unravelling the dynamics of the microbial *terroir*. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 374, 109145. https://doi.org/10.1016/j.agee.2024.109145

This, P., Lacombe, T. Thomas, M.R. (2006). Historical origins and genetic diversity of wine grapes. *Trends in Genetics*. 22, 511–519. https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.07.008

Tong-Lu, W., Zheng, Y. P., Wang, Z. H., Shang, Y. X., Pei, M. S., Liu, H. N., Yu, Y. H., Shi, Q, F., Jiang, D. M., Guo, D. L. (2023). Comparative microbiome analysis reveals the variation in microbial communities between 'Kyoho' grape and its bud mutant variety. *PLoS ONE*, 18(8), e0290853. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0290853

Tonietto, J., Carbonneau, A. (2004). Un sistema de clasificación climática multicriterio para regiones vitivinícolas de todo el mundo. Meteorología Agrícola y Forestal, 124(1-2), 81-97. https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2003.06.001

Trivedi, P., Leach, J. E., Tringe, S. G., Sa, T., Singh, B. K. (2020). Plant–microbiome interactions: from community assembly to plant health. Nature reviews microbiology, 18(11), 607-621. https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1

Tronchoni, J., Setati, ME, Fracassetti, D., Valdetara, F., Maghradze, D., Foschino, R., Curiel, JA, Morales, P., Gonzalez, R., Vigentini, I., Bauer, FF (2022). Identifying the main drivers in microbial diversity for Cabernet Sauvignon cultivars from Europe to South Africa: evidence for a cultivar-specific microbial fingerprint. *Journal of Fungi*, 8(10), 1034. https://doi.org/10.3390/jof8101034

Tudzynski, P., Scheffer, J. A. N. (2004). *Claviceps purpurea*: molecular aspects of a unique pathogenic lifestyle. *Molecular Plant Pathology*, 5(5), 377-388. https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2004.00237.x

Urra, C., Sanhueza, D., Pavez, C., Tapia, P., Núñez-Lillo, G., Minio, A., Meneses, C. (2023). Identification of grapevine clones via high-throughput amplicon sequencing: a proof-of-concept study. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 13(9). https://doi.org/10.1093/g3journal/jkad145

Valera, M. J., Olivera, V., Boido, E., Dellacassa, E., Carrau, F. (2021). Wine aroma characterization of the two main fermentation yeast species of the apiculate genus *Hanseniaspora*. *Fermentation*, 7(3), 162. https://doi.org/10.3390/fermentation7030162

van Wyk, N., Badura, J., von Wallbrunn, C., Pretorius, I. S. (2024). Exploring future applications of the apiculate yeast *Hanseniaspora*. *Critical Reviews in Biotechnology*, 44(1), 100-119. https://doi.org/10.1080/07388551.2022.2136565

Villano, C., Aiese Cigliano, R., Esposito, S., D'Amelia, V., Iovene, M., Carputo, D., Aversano, R. (2022). DNA-based technologies for grapevine biodiversity exploitation: state of the art and future perspectives. *Agronomy*, 12(2), 491. https://doi.org/10.3390/agronomy12020491

Vitulo, N., José, W., Lemos, F., Calgaro, M., Confalone, M., Felis, G. E., Nardi, T. (2019). Bark and grape microbiome of *Vitis vinifera*: Influence of geographic patterns and agronomic management on bacterial diversity. *Frontiers in Microbiology* 9: 1–12. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03203

Wang, C., Garcia-Fernández, D., Mas, A., Esteve-Zarzoso, B. (2015). Fungal diversity in grape must and wine fermentation assessed by massive sequencing, quantitative PCR and DGGE. *Front. Microbiol*. 6:1156. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01156

Wang, X., Glawe, D. A., Weller, D. M., Okubara, P. A. (2020). Real-time PCR assays for the quantification of native yeast DNA in grape berry and fermentation extracts. *Journal of Microbiological Methods*, 168, 105794.

Wang, X., Fan, G., Peng, Y., Xu, N., Xie, Y., Zhou, H., You, Y. (2023). Mechanisms and effects of non-*Saccharomyces* yeast fermentation on the aromatic profile of wine. *Journal of Food Composition and Analysis*, 105660. https://doi.org/10.1016/j.jfca.2023.105660

Wang, L., Zhong, X., Ding, Y., Shao, X., Zhang, Z., Yin, H., Li, H. (2024). Multi-omics co-analysis of the differences in microbial species composition and function between spontaneous and inoculated wine fermentation must. *LWT*, 200, 116181. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.116181

Wang, H., Dong, J., Ma, G., Yang, P., Wang, R., Wang, Y. (2025). Soil microbial diversity and physicochemical properties: key drivers of yield and quality in wine *terroir*. *Rhizosphere*, 101144. https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2025.101144

Wei, Y. J., Wu, Y., Yan, Y. Z., Zou, W., Xue, J., Ma, W. R., Wang, L. Y. (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

Wei, R., Chen, N., Ding, Y., Wang, L., Gao, F., Zhang, L., Liu, Y., Li, H., Wang, H. (2022). Diversity and Dynamics of Epidermal Microbes during Grape Development of Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) in the Ecological Viticulture Model in Wuhai, China. *Front. Microbiol*. 13:935647. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.935647

Wei, T. L., Zheng, Y. P., Wang, Z. H., Shang, Y. X., Pei, M. S., Liu, H. N., Guo, D. L. (2023). Comparative microbiome analysis reveals the variation in microbial communities between 'Kyoho' grape and its bud mutant variety. *Plos one*, 18(8), e0290853. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0290853

Welke, J. E. (2019). Fungal and mycotoxin problems in grape juice and wine industries. *Current Opinion in Food Science*, 29, 7-13. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.06.009

Welke, J. E., Hernandes, K. C., Lago, L. O., Silveira, R. D., Marques, A. T. B., Zini, C. A. (2024). Flavoromic analysis of wines using gas chromatography, mass spectrometry and sensory techniques. *Journal of*

Chromatography A, 1734, 465264. https://doi.org/10.1016/j.chroma.2024.465264

Welsh, B. L., Eisenhofer, R., Bastian, S. E., Kidd, S. P. (2023). Monitoring the viable grapevine microbiome to enhance the quality of wild wines. *Microbiology Australia*, 44(1), 13-17. https://doi.org/10.1071/MA23004

Yao, M. (2023). Microbial diversity on grape surface and its research status. *Journal of Engineering Sciences*, (2), 158-172. https://doi.org/10.52326/jes.utm.2023.30(2).14

Zalar, P., Sybren de Hoog, G., Schroers, H.-J., Frank, J. M., Gunde-Cimerman, N. (2005). Taxonomy and phylogeny of the xerophilic genus *Wallemia* (Wallemiomycetes and Wallemiales, cl. et ord. nov.). *Antonie van Leeuwenhoek*, 87(4), 311–328. https://doi.org/10.1007/s10482-004-6783x

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

Zhang, S., Chen, X., Zhong, Q., Zhuang, X., Bai, Z. (2019). Microbial community analyses associated with nine varieties of wine grape carposphere based on high-throughput sequencing. *Microorganisms*, 7(12): 668. https://doi.org/10.3390/microorganisms7120668

Zhang, S., Wang, Y., Chen, X., Cui, B., Bai, Z., Zhuang, G. (2020). Variety features differentiate microbiota in the grape leaves. *Canadian Journal of Microbiology*, 66(11), 653-663. https://doi.org/10.1139/cjm-2019-0551

Zhao, H., Li, Y., Liu, L., Zheng, M., Feng, Z., Hu, K., Tao, Y. (2022). Effects of inoculation timing and mixed fermentation with *Pichia fermentans* on *Oenococcus oeni* viability, fermentation duration and aroma production during wine malolactic fermentation. *Food Research International*, 159, 111604. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111604

Zhao, H., Liu, S., Zhu, L., Wang, Y. (2025). Microorganisms: The key regulators of wine quality. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food*

Safety, 24(3), e70198. https://doi.org/10.1111/1541-4337.70198

Zhao, J., Wu, D., Gao, J., Song, Y., Liu, Y., Qin, Y., Lu, Y. (2026). Endophytic filamentous fungi in grapes and wine: identification, interaction, role and mechanism, potential application, and challenge. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 66(12), 2270–2286. https://doi.org/10.1080/10408398.2025.2566389

Zhou, J., Cavagnaro, T., De Bei, R., Nelson, T. M., Stephen, J. R., Metcalfe, A., Lopez, C. M. R. (2021). Wine *terroir* and the soil microbiome: an amplicon sequencing-based assessment of the Barossa Valley and its sub-regions. *Frontiers in Microbiology* 11:597944. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.597944

ANEXOS

Anexo 1. Glosario de términos

Cultivo-dependiente: Son aquellos microorganismos que para ser estudiados requieren medios de cultivo específicos (Dong *et al*. 2022).

Denominación de Origen (DO): Es un signo conformado por el nombre de un lugar geográfico que distingue productos cuyas características se deben a factores naturales de la zona, así como a los factores humanos (INDECOPI 2024).

Estado fenológico: Es el periodo durante el cual aparecen, se transforman o desaparecen los órganos de las plantas. También puede entenderse como el tiempo de una manifestación biológica (SENAMHI 2017).

***Metabarcoding*:** Es una técnica basada en la amplificación por PCR de marcadores genéticos presentes en una gran variedad de especies, seguido por la secuenciación de regiones genéticas homólogas (Piñeros 2023). Este método utiliza técnicas de secuenciación de alto rendimiento y análisis bioinformático (Martins *et al*. 2024).

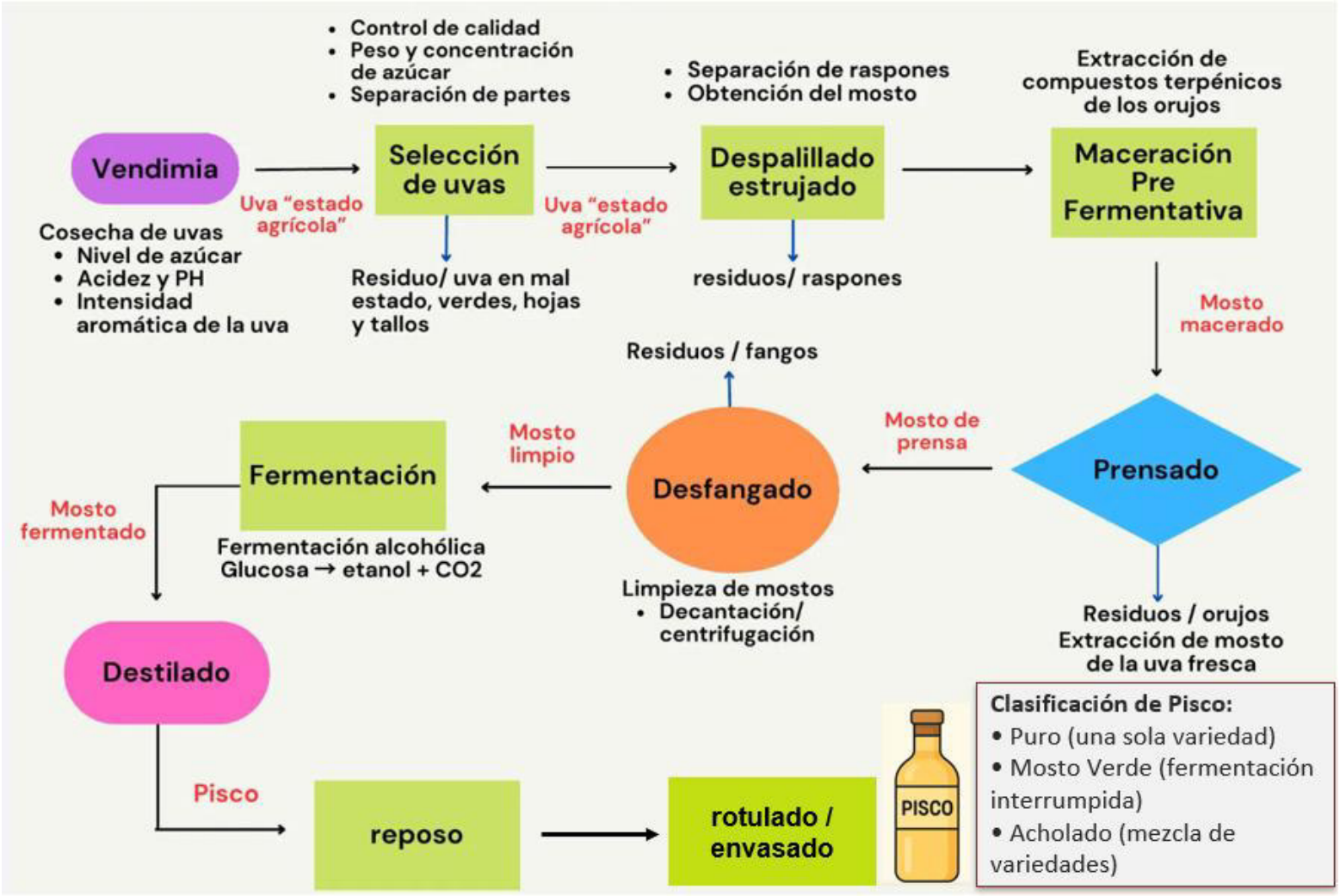
Manejo agronómico: Son las actividades de mantenimiento y cuidado que se realizan a las vides para optimizar su crecimiento y la calidad de las uvas, incluyen labores de poda, manejo del suelo, follaje, y control de plagas y enfermedades fitosanitarias (Rakhmatov *et al*. 2024).

***Terroir*:** Traducido como “terruño”, se refiere a un área donde se desarrolla el conocimiento colectivo de las interacciones entre el entorno físico y biológico identificable y las prácticas vitivinícolas aplicadas, lo que confiere características distintivas a los productos originarios de esta zona. Comprende características específicas del suelo, la topografía, el clima, el paisaje y la biodiversidad (Clingeleffer 2014).

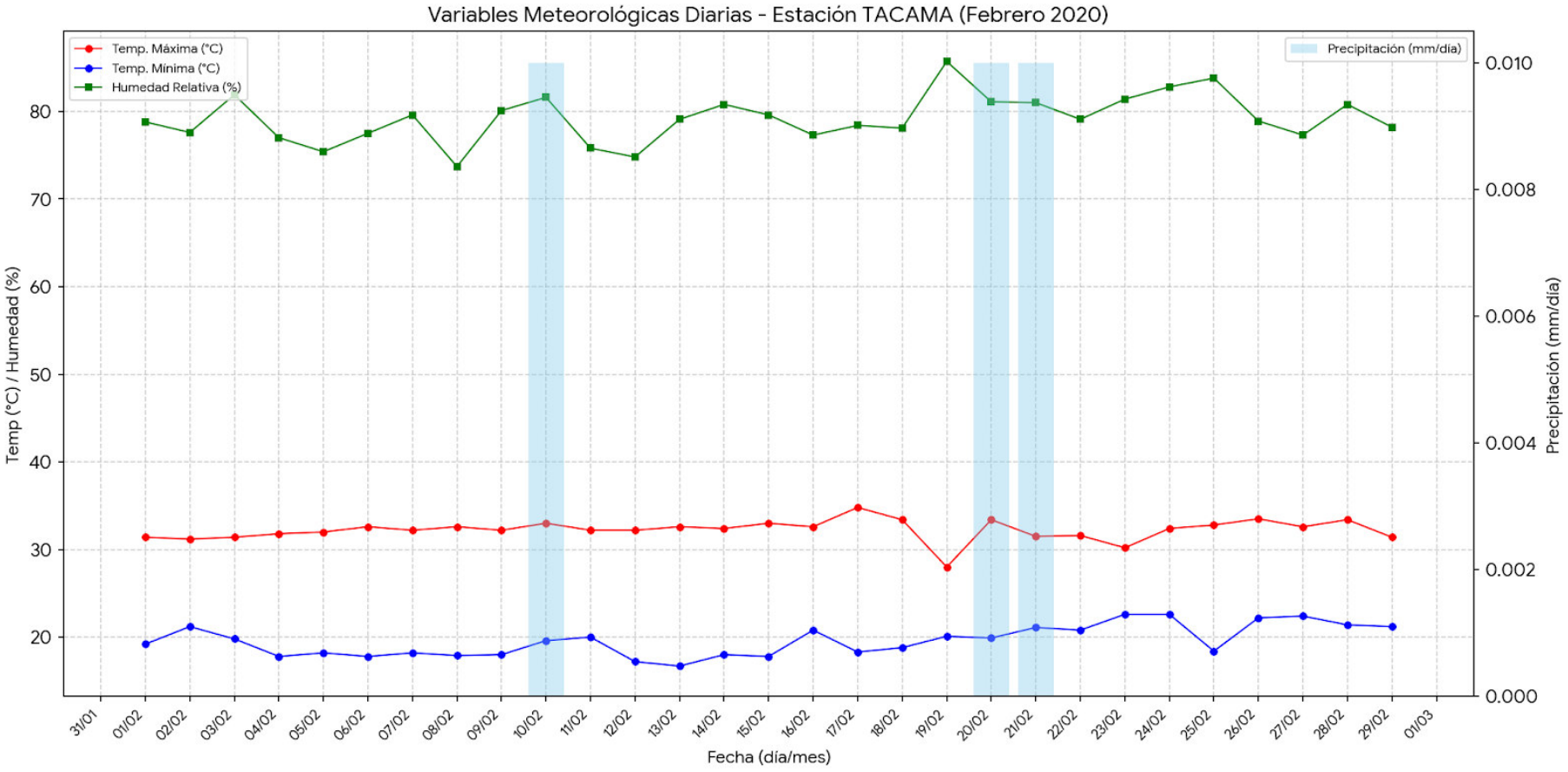
***Terroir* microbiano:** Diversidad microbiana influenciada por diversos factores naturales y antropogénicos, como el tipo de suelo, el clima, las prácticas de manejo del viñedo y la genética de la uva (Yao 2023).

Uvas pisqueras: Son las variedades de uvas de uso exclusivo para la elaboración del Pisco y solo son 8: Quebranta, Negra Criolla, Mollar, Uvina, Italia, Torontel, Moscatel y Albilla (INDECOPI 2024).

Anexo 2. Diagrama de flujo de la elaboración del Pisco, según la Norma Técnica Peruana - NTP 212.034:2007

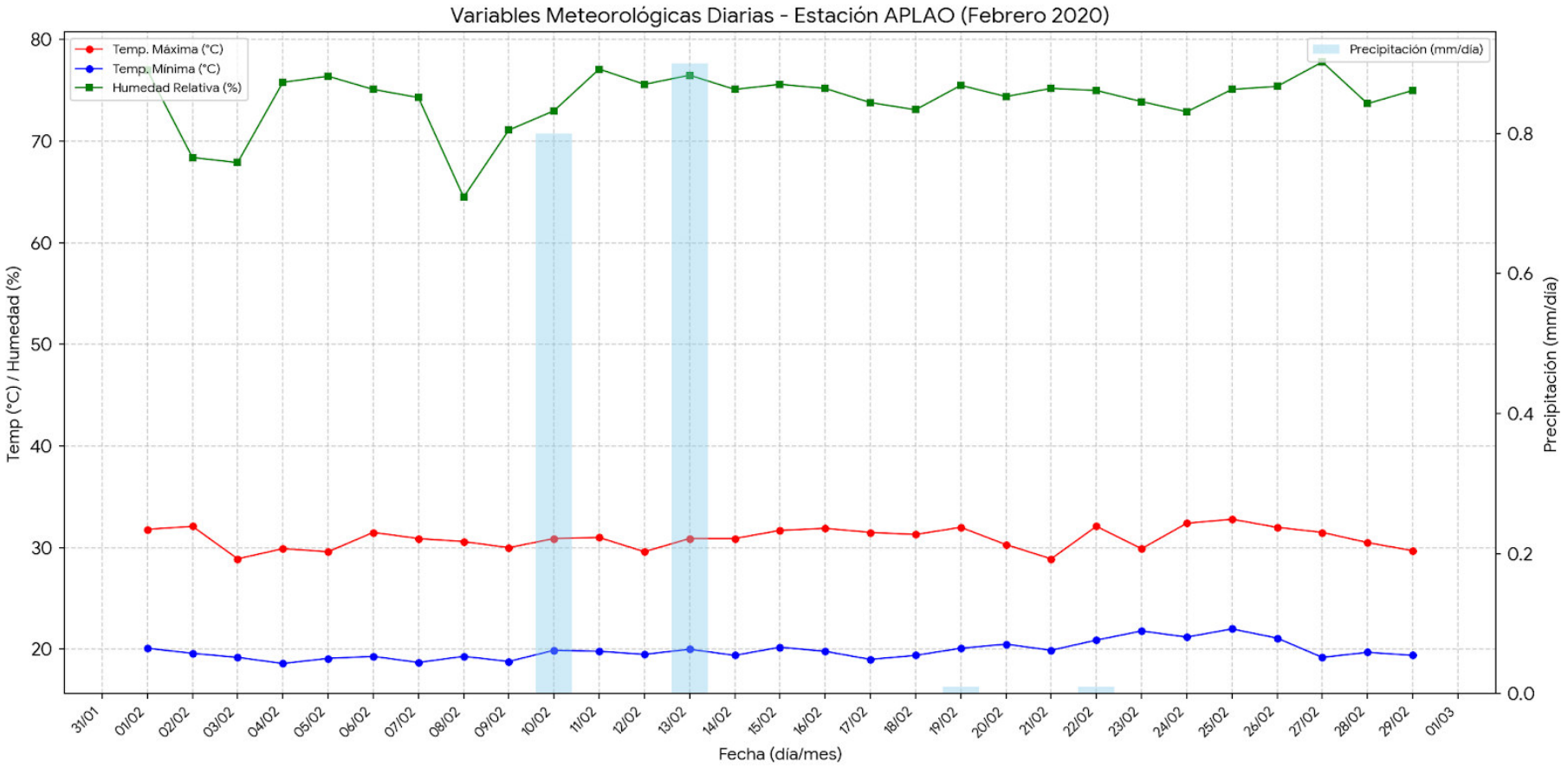


Anexo 3. Registro de parámetros de clima – Estación Tacama - Ica (Febrero 2020)



Fuente: SENAMHI 2025

Anexo 4. Registro de parámetros de clima – Estación Aplao - Arequipa (Febrero 2020)



Fuente: SENAMHI 2025

Anexo 5. Géneros bacterianos identificados en las uvas pisqueras de las Regiones Arequipa e Ica

OTU	Bacteria (16S)	Varieties Arequipa Region								Varieties Ica Región							
	Genus	Quebranta	Negra Criolla	Mollar	Uvina	Italia	Torontel	Albilla	Moscatel	Quebranta	Negra Criolla	Mollar	Uvina	Italia	Torontel	Albilla	Moscatel
		AR1B_16S	AR2B_16S	AR3B_16S	AR4B_16S	AR5B_16S	AR6B_16S	AR7B_16S	AR8B_16S	IC1B_16S	IC2B_16S	IC3B_16S	IC4B_16S	IC5B_16S	IC6B_16S	IC7B_16S	IC8B_16S
Otu00001	Gluconobacter	0.0013947	0.429378298	0.058261406	0.265581395	0.776103184	0.708544625	0.175719089	0.601976924	0.000862069	0.000637959	0.615727247	0.003709199	0.683694045	0.002828854	0.365305031	0.00130039
Otu00003	Orbaceae_unclassified	0.0004649	0.153652704	0.010480888	0.054186047	0.064348483	0.008874239	0.03765409	0.016849585	0	0.000956938	0.256270783	0.002225519	0.172671058	0.000471476	0.367087104	0.000433463
Otu00004	Tatumella	0.010460251	0.217059697	0.000308261	0	0.00363791	0.053752535	0.40455734	0.27040242	0.000431034	0.000637959	0.025473131	0.00148368	0.00564592	0.000471476	0.123517415	0
Otu00005	Ralstonia	0.443282194	0.026632586	0.646732429	0.128837209	0.047434565	0.132606491	0.043929772	0.044463205	0.444827586	0.383094099	0.016708403	0.410237389	0.023927947	0.449787836	0.007266895	0.457737321
Otu00007	Komagataeibacter	0	0.094038588	0.000616523	0.204186047	0.008173486	0.005768256	7.47E-05	0.006402139	0	0	0.000451578	0	0	0	0.008890561	0
Otu00008	Acetobacter	0	0.005730541	0	0.000697674	0.028678069	0.002725659	7.47E-05	0.000316589	0	0	0.002319471	0	0.029103374	0.000471476	0.048729778	0
Otu00009	Bradyrhizobium	0.030683403	0.001855211	0.044389642	0.005348837	0.002929226	0.009381339	0.004109077	0.00277895	0.121982759	0.154704944	0.004700521	0.088278932	0.008334454	0.172560113	0.001445459	0.130472475
Otu00010	Pantoea	0.30218503	0.002432388	0.011713933	0.020697674	0.000755929	0.000316937	0.057452372	0.003939778	0	0.000318979	0.00016421	0.00074184	0	0.000471476	0	0
Otu00011	Apibacter	0	0	0	0	0	0	0.131415764	7.04E-05	0	0.087719298	0	0	0	0	0	0
Otu00014	Proteobacteria_unclassified	0.010227801	0.002762203	0.016646116	0.100465116	0.008315223	0.003993408	0.003660814	0.002286478	0.018534483	0.019138756	0.005973152	0.019287834	0.005914773	0.015558699	0.003861157	0.014304291
Otu00015	Sphingomonas	0.014179451	0.000906992	0.028360049	0.006744186	0.002078806	0.004944219	0.001195368	0.001723653	0.020689655	0.024880383	0.001642104	0.022997033	0.002890173	0.028760019	0.000277211	0.027741656
Otu00016	Escherichia/Shigella	0.013947001	0.000494723	0.016337855	0.004883721	0.00160635	0.010015213	0.001270078	0.00144224	0.010775862	0.007017544	0.001026315	0.043026706	0.001344267	0.01650165	0.000752431	0.009536194
Otu00019	Rhizobium	0.013947001	0.000742084	0.014796547	0.00372093	0.001228385	0.003613083	0.001270078	0.00133671	0.015948276	0.011164274	0.000738947	0.017062315	0.001142627	0.01980198	0.000297012	0.013870828
Otu00020	Erwinia	0.00255695	0.010059367	0.00647349	0.001395349	0	0.000697262	0.005155024	0.001969889	0.000431034	0.000956938	0.00016421	0.003709199	0	0.000471476	0.000554423	0.022540095
Otu00021	Frateuria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.010612094	0	0	0	0	0
Otu00022	Reyranella	0.008600651	0.000577177	0.010480888	0.001860465	0.000803175	0.002345335	0.001120657	0.000949768	0.018534483	0.028389155	0.000821052	0.014094955	0.003091813	0.023573786	0.000574223	0.029475509
Otu00023	Providencia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.007266895	0
Otu00025	Yersiniaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.022637281	7.04E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00026	Planctomycetaceae_unclassifie d	0.00069735	4.12E-05	0.001849568	0.000465116	4.72E-05	0.000570487	0.000149421	0.000140706	0.012068966	0.03062201	0.000923683	0.012611276	0.003159027	0.018859029	0.000178207	0.012570438
Otu00028	Bacillaceae_1_unclassified	0.005346351	8.25E-05	0.00215783	0.036511628	0.001984314	0.00025355	0.001419499	0.000281413	0.0125	0.01722488	0.002442629	0.041543027	0.000470493	0.015087223	0.000415817	0.005635024
Otu00029	Bombella	0	0	0	0	0	0	0.019723571	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00031	Singulisphaera	0.005811251	0.000329815	0.006781751	0.00255814	0.000992157	0.001648073	0.000448263	0.000633179	0.00387931	0.007655502	0.000369473	0.007418398	0.00020164	0.006129184	0.000217809	0.008235804
Otu00033	Novosphingobium	0.00395165	0.000371042	0.005548705	0.001627907	0.00042521	0.002155172	0.000448263	0.000809061	0.005172414	0.005103668	0.000472105	0.008902077	0.00080656	0.003771806	0.00023761	0.004768097
Otu00035	Bosea	0	0	0.000924784	0.000232558	9.45E-05	6.34E-05	7.47E-05	7.04E-05	0.0125	0.018181818	0.000287368	0.005192878	0.00141148	0.018387553	0.000138606	0.022973559
Otu00036	Acinetobacter	0.0009298	8.25E-05	0.002774353	0.000232558	0.000141737	0.00025355	0.000224131	0.00021106	0.080603448	0.002232855	0.000266842	0.002967359	0.000336067	0.000471476	1.98E-05	0.037711313
Otu00037	Blastomonas	0.0009298	4.12E-05	0.00215783	0.000930233	9.45E-05	0.000443712	0.000149421	0.00021106	0.007758621	0.014992026	0.000574736	0.006676558	0.000739347	0.010372466	0.00025741	0.015171218
Otu00039	Orbus	0	0	0.000308261	0.004883721	0	0	0.013298468	0.000316589	0.001293103	0.000318979	0.000348947	0	0.000537707	0	0.000198008	0.003034244
Otu00040	Isosphaeraceae_unclassified	0.004649	0.000247361	0.00647349	0.002325581	0.000614193	0.001204361	0.000522973	0.000281413	0.004310345	0.00414673	0.000184737	0.005934718	0.000336067	0.007072136	5.94E-05	0.00390117
Otu00044	Massilia	0	4.12E-05	0	0.000465116	0	0	7.47E-05	0	0	0	0.003202102	0	0	0	0	0.000433463
Otu00046	Pseudomonas	0.00162715	0.000123681	0.001233046	0.008604651	0.000377965	0.000887424	0.000224131	0.00010553	0.005172414	0.001913876	0.001457367	0.00148368	0.000134427	0.001885903	3.96E-05	0.004334634
Otu00047	Neobacillus	0.00023245	0	0.000308261	0.009534884	9.45E-05	6.34E-05	0.000149421	0	0.000862069	0.003189793	0.000595263	0.00074184	0.000268853	0.004714757	9.90E-05	0.002167317
Otu00048	Pelomonas	0.0027894	0.000164908	0.003390875	0.001860465	0.000236228	0.001140974	0.000149421	3.52E-05	0.003017241	0.002870813	0.000123158	0.00148368	0.000268853	0.005657709	3.96E-05	0.003467707
Otu00049	Kosakonia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001940479	0
Otu00050	Apilactobacillus	0	0	0	0	0	0	0.008143444	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00053	Enterobacterales_unclassified	0.018828452	0.010183047	0	0.002325581	0.000472456	0.001901623	0.018827045	0.009919797	0.003448276	0.000637959	0.001005788	0.00074184	0.00040328	0.000471476	0.008058927	0.00130039
Otu00056	Mesorhizobium	0.0004649	0	0	0.000232558	0	0.000190162	0	0	0.004310345	0.001594896	0.000307894	0.003709199	0.00020164	0.007072136	9.90E-05	0.000866927
Otu00057	Bartonella	0	0	0	0	0	0	0.003586104	0	0	0	0.000307894	0.00074184	0	0	0	0
Otu00059	Acetobacteraceae_unclassified	0.00023245	0.022509894	0.001849568	0.026744186	0.026315789	0.020537525	0.00747105	0.014070635	0.000431034	0	0.016400509	0.00074184	0.023927947	0.000942951	0.020711641	0
Otu00061	Rhizobiales_unclassified	0.00209205	8.25E-05	0.004007398	0.000232558	0.000330719	0.000190162	0.000448263	0.000316589	0.005603448	0.00861244	0.000369473	0.006676558	0.000739347	0.011315417	0.000118805	0.008669267
Otu00062	Mycobacterium	0.0018596	8.25E-05	0.001233046	0.001162791	0.000236228	0.000507099	0.000149421	7.04E-05	0.000862069	0.000956938	0.00016421	0.00074184	0.000134427	0.000942951	1.98E-05	0.00260078
Otu00064	Commensalibacter	0	0.000206135	0	0.000465116	0	0	0.000149421	0.000140706	0	0	0.000123158	0.003709199	0.00080656	0	0.000871235	0
Otu00065	Dysgonomonas	0	0	0	0.000232558	0	0	0.000149421	3.52E-05	0	0	0	0	0.000672133	0	0.000950439	0
Otu00066	Serratia	0	0	0.000616523	0	0	0	0	0.001864359	0	0.007017544	0	0.011869436	0	0.000471476	3.96E-05	0
Otu00067	Cutibacterium	0.00116225	4.12E-05	0.000308261	0.000930233	0.000283473	0.000824037	0	3.52E-05	0.001293103	0.000318979	0.000143684	0.003709199	0.000134427	0.000942951	7.92E-05	0.000433463
Otu00068	Phenylobacterium	0.0018596	0	0.000924784	0.000232558	0	0.000380325	7.47E-05	0.00010553	0.003448276	0.000956938	8.21E-05	0.002225519	6.72E-05	0.001885903	3.96E-05	0.00130039
Otu00071	Romboutsia	0.0009298	0	0	0	4.72E-05	0.000190162	7.47E-05	0.00010553	0.001724138	0.001275917	0.000472105	0	0	0.000471476	0	0.000866927
Otu00072	Hymenobacter	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0.002093682	0	0	0	0	0
Otu00076	Vagococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000851435	0
Otu00081	Bacillus	0.00255695	0	0	0.010232558	0.001984314	0.00025355	0.000672394	0.00021106	0.002586207	0.002551834	0.000533684	0.002967359	0	0.001414427	5.94E-05	0.00260078
Otu00082	Marinococcus	0	0	0	0.001627907	0.00160635	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00086	Domibacillus	0.00023245	0	0	0.007906977	0	0.000126775	0	0	0.000431034	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu00088	Rhodopseudomonas	0.00069735	4.12E-05	0.001541307	0.000232558	9.45E-05	0.00025355	7.47E-05	0.000140706	0.001724138	0.001275917	4.11E-05	0.002225519	0	0.000471476	1.98E-05	0.000433463
Otu00089	Inquilinus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001724138	0.004784689	8.21E-05	0.00074184	0.00040328	0.000942951	1.98E-05	0.00130039
Otu00093	Rickettsia	0.0023245	0.000206135	0.002466091	0.002325581	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00060492	0	0	0
Otu00097	Kocuria	0	4.12E-05	0.000616523	0.000697674	0	0	7.47E-05	0	0.001293103	0.000637959	0.000307894	0.00074184	0.000134427	0	1.98E-05	0

Otu00098	Gemmataceae_unclassified	0.00069735	0.000123681	0.001541307	0.000465116	4.72E-05	0.000126775	0.000224131	7.04E-05	0.00862069	0.00414673	6.16E-05	0.002225519	0.000873773	0.002357379	5.94E-05	0.004334634
Otu00101	Agrobacterium	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0.001724138	0.001913876	0.000143684	0	0.00020164	0.001414427	1.98E-05	0.00130039
Otu00102	Staphylococcus	0.00023245	0	0	0	4.72E-05	0.000126775	7.47E-05	0	0.013793103	0	2.05E-05	0.00148368	0	0	0	0.000433463
Otu00104	Corynebacterium	0.00023245	4.12E-05	0	0.000465116	9.45E-05	0.000443712	7.47E-05	0.00010553	0.004310345	0.001594896	0.000102631	0.006676558	0.00020164	0.000942951	5.94E-05	0.002167317
Otu00106	Aeromonas	0	0.000164908	0	0	0.000141737	0	0	0	0.005172414	0.000637959	2.05E-05	0	0.000134427	0.000942951	1.98E-05	0.003467707
Otu00108	Bradyrhizobiaceae_unclassified	0.0027894	0.000123681	0.002466091	0.000232558	0.000330719	0.000443712	0.000224131	0.000246236	0.006896552	0.015311005	0.000287368	0.006676558	0.00080656	0.014144272	0.000178207	0.012570438
Otu00109	Lactobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0.029673591	0	0	0.000158406	0
Otu00110	Enterobacteriaceae_unclassified	0.007903301	0.001896438	0.001233046	0.000465116	4.72E-05	0.000697262	0.003361972	0.001090474	0.001293103	0.000318979	0.000348947	0.002967359	0.00020164	0.001414427	0.00172267	0.004334634
Otu00111	Clostridium_sensu_stricto	0.00023245	0	0	0.000232558	4.72E-05	6.34E-05	0	3.52E-05	0.001293103	0.001275917	0.000328421	0.00074184	0	0.000942951	3.96E-05	0.000866927
Otu00114	Stenotrophomonas	0.0009298	0	0.000308261	0.000232558	9.45E-05	0.000507099	0.000224131	3.52E-05	0	0	2.05E-05	0.002967359	6.72E-05	0.001414427	0	0.000433463
Otu00115	Achromobacter	0.00069735	4.12E-05	0.002466091	0.000232558	0.000141737	6.34E-05	7.47E-05	0	0.000862069	0.000318979	0	0	0.000134427	0.000471476	0	0.000433463
Otu00121	Schlesneria	0.00116225	4.12E-05	0	0.000697674	9.45E-05	0.000126775	7.47E-05	7.04E-05	0	0.001594896	4.11E-05	0	6.72E-05	0.000471476	0	0.00130039
Otu00127	Chitinophagaceae_unclassified	0.0004649	0	0	0	0	6.34E-05	7.47E-05	0	0.001293103	0.003189793	2.05E-05	0.00148368	0.00020164	0.001414427	1.98E-05	0.00130039
Otu00130	Hyphomicrobium	0.00023245	4.12E-05	0.000308261	0.000232558	9.45E-05	0	7.47E-05	3.52E-05	0.000431034	0.001594896	8.21E-05	0.00148368	6.72E-05	0.000942951	0	0.000433463
Otu00136	Aliarcobacter	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0.000318979	4.11E-05	0	0.000336067	0.004243281	0.000138606	0.001733853
Otu00138	Bacteroidetes_unclassified	0.005113901	4.12E-05	0	0.000232558	9.45E-05	6.34E-05	0.000522973	0.00010553	0.002586207	0.000318979	6.16E-05	0	6.72E-05	0.000471476	3.96E-05	0
Otu00139	Phyllobacterium	0.0004649	0	0.000924784	0.000465116	4.72E-05	0.000190162	0	3.52E-05	0.000431034	0	2.05E-05	0.00074184	0.000134427	0.000471476	1.98E-05	0.000433463
Otu00140	Carnimonas	0	0	0	0	0	0	0.001643631	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00141	Pectobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.00149421	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00142	Parachlamydia	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0.001293103	0.001913876	6.16E-05	0.00074184	0	0.001414427	5.94E-05	0.000433463
Otu00150	Gammaproteobacteria_unclassified	0.00162715	0.007091029	0.003699137	0.005116279	0.003307191	0.001457911	0.003361972	0.002075419	0.005603448	0.003508772	0.009236832	0.003709199	0.010350854	0.004714757	0.019028573	0.006501951
Otu00152	Rosenbergiella	0	0	0	0	0	0	0.001195368	0	0	0.000318979	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu00155	Metabacillus	0.0004649	0	0	0.002325581	4.72E-05	0	0.000298842	7.04E-05	0	0	0.000102631	0.00074184	0	0	1.98E-05	0.000866927
Otu00157	Fusobacteriales_unclassified	0	4.12E-05	0	0	0.000141737	0.00025355	7.47E-05	0	0.001293103	0.001275917	0	0.00074184	0	0.000471476	3.96E-05	0.000433463
Otu00159	Pontibacter	0	0	0	0.001162791	0.000141737	0	7.47E-05	7.04E-05	0	0.000637959	0.000307894	0	0	0.000942951	3.96E-05	0
Otu00161	Paeniclostridium	0	0	0	0	0.000141737	0	0	0	0	0.000956938	0.000143684	0	0	0.000471476	3.96E-05	0.000433463
Otu00162	Alphaproteobacteria_unclassified	0.00116225	0.000206135	0.001541307	0.000930233	9.45E-05	0.000190162	0.000298842	0.000246236	0.000862069	0.001275917	0.000123158	0.00074184	0.000268853	0.000471476	9.90E-05	0.00130039
Otu00168	Lawsonella	0	0	0.000616523	0	0.000141737	0.000126775	0	7.04E-05	0	0.000637959	2.05E-05	0.00148368	0	0	1.98E-05	0.000433463
Otu00171	Halobacillus	0.00023245	8.25E-05	0	0.000232558	0	0	7.47E-05	0	0	0.000637959	0.000102631	0	0	0.000471476	1.98E-05	0.000866927
Otu00175	Snodgrassella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.011869436	0	0	0	0
Otu00176	Curtobacterium	0	0	0	0	4.72E-05	0	0.000149421	0	0	0	0.000246316	0	0	0	0	0
Otu00177	Comamonas	0	0	0	0	0	0.000190162	0	7.04E-05	0	0	4.11E-05	0.002225519	0	0.000471476	0	0.003034244
Otu00178	Ammoniphilus	0	0	0	0.000697674	0	0	0	0	0.000862069	0.000318979	0.000102631	0.00074184	0	0	7.92E-05	0
Otu00189	Leuconostoc	0	0	0.000924784	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000217809	0
Otu00193	Suttonella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00025741	0
Otu00194	Sphingomonadales_unclassified	0.00116225	0.000123681	0.001849568	0.000465116	4.72E-05	0.000190162	0.000298842	7.04E-05	0.000431034	0.002232855	4.11E-05	0.002225519	0.00020164	0.00330033	1.98E-05	0.003467707
Otu00203	Lacrimispora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.006129184	0	0
Otu00207	Bacillaceae_2_unclassified	0.0009298	0	0	0.000697674	0	0	0.000149421	3.52E-05	0	0.000956938	2.05E-05	0.007418398	0.000336067	0.001414427	0.000138606	0.000866927
Otu00208	Methylobacterium	0.0004649	0	0	0.000232558	9.45E-05	0.000316937	0	3.52E-05	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0.000866927
Otu00209	Weeksellaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.000224131	0	0.000431034	0	8.21E-05	0	0	0	0.000158406	0
Otu00210	Cyanobacteria/Chloroplast_unclassified	0.029056253	0.005318272	0.034525277	0.027674419	0.005008032	0.004120183	0.006350392	0.003341776	0.036206897	0.034130781	0.001293157	0.042284866	0.005377067	0.03960396	0.001326654	0.045080191
Otu00212	Planococcaceae_unclassified	0.00023245	4.12E-05	0	0.003953488	0	6.34E-05	0	0	0.000431034	0.000956938	0.000348947	0.003709199	0	0.002357379	0	0
Otu00217	Pseudokineococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000328421	0	0	0	0	0
Otu00228	Flavobacterium	0	0	0.000616523	0	9.45E-05	0.000126775	7.47E-05	0.000140706	0.003017241	0.001275917	4.11E-05	0.00074184	0	0.000471476	0	0.000866927
Otu00231	Erwiniaceae_unclassified	0.00069735	0.000742084	0.000308261	0	0	0.000190162	0.000971236	0.000175883	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	0.000158406	0
Otu00241	Wohlfahrtiimonas_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000277211	0
Otu00247	Bombilactobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.009643917	0	0	0	0
Otu00248	Aquibacillus	0.00023245	0	0	0.000465116	0	0	0.000224131	7.04E-05	0	0	4.11E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu00252	Pedobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000205263	0	0	0	0
Otu00253	Ornithinibacillus	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0.001724138	0.000956938	0.000102631	0.00148368	0	0.000942951	0	0.000866927
Otu00254	Salinimicrobium	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001293103	0.000956938	8.21E-05	0	0	0	0	0
Otu00255	Gracilibacillus	0.0004649	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.000318979	2.05E-05	0.00148368	0	0.001885903	0	0
Otu00257	Paracoccus	0	4.12E-05	0	0	4.72E-05	0.000126775	7.47E-05	0	0	0	4.11E-05	0.00074184	0	0	0	0.000866927

Otu00264	Kineococcus	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0.000184737	0	0	0	0	0
Otu00268	Bifidobacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.006676558	0	0	0	0
Otu00279	Alkalihalobacillus	0	0	0	0	0	0.000126775	0	3.52E-05	0	0.000318979	6.16E-05	0.003709199	0	0.000471476	0	0
Otu00284	Pseudarcobacter	0	0	0	0	0	0	0	0.00010553	0.000862069	0.000637959	2.05E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu00286	Sphingomonadaceae_unclassified	0.00069735	0	0.001541307	0.000697674	9.45E-05	0.000507099	0	0	0.001724138	0.002232855	0.000205263	0.00074184	0.000336067	0.002828854	3.96E-05	0.000433463
Otu00293	Terribacillus	0	0	0	0.001162791	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0.000433463
Otu00294	Virgibacillus	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0.002967359	0	0.000471476	1.98E-05	0.000433463
Otu00297	Legionella	0.0004649	0	0.000308261	0	0	6.34E-05	0	0	0.000431034	0	6.16E-05	0	0	0	0	0
Otu00304	Tumebacillus	0.00069735	0	0	0.000232558	0.000188982	0.000126775	7.47E-05	0	0.000862069	0.001594896	0.00016421	0.00148368	0	0	1.98E-05	0
Otu00307	Tanticharoenia	0	4.12E-05	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0.000246316	0	0	0.000471476	1.98E-05	0
Otu00308	Turicibacter	0	0	0	0.000232558	9.45E-05	0	0	0	0.000431034	0.000637959	0.000102631	0	0	0	1.98E-05	0
Otu00325	Parachlamydiaceae_unclassified	0.00069735	0	0	0.000232558	0	0.000190162	0	0	0	0.000637959	0	0	6.72E-05	0.001414427	0	0.000433463
Otu00342	Swingsia	0	0.000247361	0	0	0.000661438	0	0	0	0	0	0.000205263	0	0.000336067	0	7.92E-05	0
Otu00349	Arsenophonus	0	0	0	0.000465116	0	0	0	3.52E-05	0	0	0.000102631	0	0	0	0	0
Otu00358	Georgenia	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0.000431034	0.000318979	4.11E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu00364	Intrasporangiaceae_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0.000431034	0.000637959	8.21E-05	0	6.72E-05	0.000471476	0	0
Otu00368	Bacillales_unclassified	0.0004649	4.12E-05	0.000924784	0.004186047	0.000188982	6.34E-05	0.000149421	0.00010553	0.002155172	0.001594896	0.000246316	0.002967359	6.72E-05	0.001885903	3.96E-05	0.000866927
Otu00369	Delftia	0.0004649	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000134427	0	1.98E-05	0.000866927
Otu00370	Brevibacillus	0.00023245	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	6.16E-05	0.002225519	0	0	0	0
Otu00374	Levilactobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000118805	0
Otu00388	Pseudomonadaceae_unclassified	0.00023245	8.25E-05	0.000308261	0.002325581	0	0.000126775	0	3.52E-05	0.000431034	0.000318979	0.000266842	0.00148368	0.00020164	0.000942951	7.92E-05	0.000433463
Otu00389	Zymobacter	0	0	0	0	0	0	0.000149421	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0.000118805	0
Otu00390	Bryobacter_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000862069	0.000637959	2.05E-05	0	6.72E-05	0	0	0
Otu00391	Halomonas	0.0004649	0	0	0.000232558	0	0	0.000373552	0	0	0.000956938	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu00394	Frischella	0	0.000123681	0	0	9.45E-05	0	0	0	0	0	0.000513157	0	0.000537707	0	0.000613825	0
Otu00399	Sphingosinithalassobacter	0	0	0	0	4.72E-05	0	7.47E-05	0	0	0.000318979	0	0.00074184	6.72E-05	0	0	0.000433463
Otu00402	Rhodospirillales_unclassified	0	0.000247361	0	0.000232558	0.000236228	0	7.47E-05	7.04E-05	0.000431034	0	0.000287368	0	0.000134427	0.000471476	1.98E-05	0.000433463
Otu00430	Morganella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000217809	0
Otu00440	Gilliamella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.003709199	0	0	0	0
Otu00448	Piscibacillus	0	0	0	0.000465116	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	6.72E-05	0.000471476	0	0
Otu00450	Modestobacter	0	0	0	0	0	0	0.000224131	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu00459	Deinococci_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0.000637959	8.21E-05	0.00148368	0	0	0	0
Otu00461	Ruminococcaceae_unclassified	0.00023245	0	0.000308261	0	0	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0.002232855	6.16E-05	0.002225519	0	0.001414427	0	0
Otu00466	Salinicoccus	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.001275917	6.16E-05	0.002225519	0	0	1.98E-05	0
Otu00476	Enterococcaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.000224131	0	0	0	0.000102631	0.00074184	0	0	1.98E-05	0
Otu00485	Shewanella	0	0	0	0	0	0	0	0	0.001724138	0	0	0	0	0.001414427	0	0
Otu00491	Streptococcus	0.0004649	0	0	0.000232558	0	0	7.47E-05	0	0.000431034	0	2.05E-05	0.00148368	0	0	0	0.000433463
Otu00493	Croceibacterium	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	8.21E-05	0	0	0	0	0
Otu00498	Raoultella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0.001733853
Otu00499	Gemmata	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	4.11E-05	0	6.72E-05	0.000471476	0	0
Otu00510	Erythrobacteraceae_unclassified	0	0	0.000308261	0	4.72E-05	0	0	0	0	0.000318979	4.11E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu00524	Actinobacteria_unclassified	0	0	0	0.000465116	9.45E-05	0.000126775	0.000149421	7.04E-05	0.000862069	0.000637959	6.16E-05	0.00148368	0	0	0	0.001733853
Otu00537	Kushneria	0	0	0	0	0	0.000190162	0	0	0	0	6.16E-05	0	0	0	0	0
Otu00552	Clostridiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0.00010553	0.000431034	0.000956938	4.11E-05	0.00074184	0	0	1.98E-05	0
Otu00559	Geodermatophilaceae_unclassified	0	0	0	0	0	6.34E-05	7.47E-05	0	0	0	6.16E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu00561	Rhizorhabdus	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0.000318979	0	0	6.72E-05	0	1.98E-05	0
Otu00571	Acidibacter_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	6.34E-05	0	3.52E-05	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu00583	Enterococcus	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	6.72E-05	0	3.96E-05	0
Otu00600	Cyclobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0.000318979	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu00601	Sodalis	0	0	0	0	0	0	0.000224131	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu00603	Dietzia	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0.000431034	0	2.05E-05	0	0	0	0	0.000433463
Otu00618	Marmoricola	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.000318979	4.11E-05	0	0	0	0	0

Otu00620	Betaproteobacteria_unclassified	0.005811251	0.000247361	0.007706535	0.002325581	0.000472456	0.001457911	0.000821815	0.000668355	0.00862069	0.003827751	0.000369473	0.00148368	0.000336067	0.007543612	0.00025741	0.006935414
Otu00627	Mycobacteriales_unclassified	0	0	0.000308261	0	9.45E-05	0	0	0	0	0	0	0	0.000134427	0.000942951	0	0
Otu00633	Larsenimonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.21E-05	0	0	0	0	0
Otu00664	Diplorickettsia	0	0	0	0	0	0.000316937	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00665	Rhizobiaceae_unclassified	0.0004649	0	0.000616523	0	0	0	0	3.52E-05	0.000431034	0.000318979	2.05E-05	0.002225519	0	0.000471476	0	0.000433463
Otu00681	Empedobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	6.72E-05	0	0	0.000866927
Otu00689	Stenotrophobacter	0	0	0	0.000465116	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu00695	Ramlibacter	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu00711	Hydrogenophaga	0	4.12E-05	0	0	4.72E-05	6.34E-05	0	0	0.000431034	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0
Otu00713	Pseudescherichia	0	0	0.000308261	0	9.45E-05	0.000126775	0	7.04E-05	0.000431034	0.000318979	0	0.00074184	0	0	3.96E-05	0.000433463
Otu00714	Salinicola	0	0	0	0.000232558	9.45E-05	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu00719	Paludibacter	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0.000431034	0.000637959	0	0	0	0	0	0
Otu00720	Chryseobacterium	0	0	0	0	0	0	0.000224131	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00731	Mesobacillus	0	0	0	0	9.45E-05	6.34E-05	0	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0
Otu00737	Tepidisphaera	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00148368	6.72E-05	0	0	0.000866927
Otu00740	Lactococcus	0	0	0	0	0	0	0.000224131	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00743	Chromohalobacter	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0.000866927
Otu00766	Burkholderiaceae_unclassified	0.00255695	0.000123681	0.005240444	0.000465116	0.000519701	0.001140974	0.000448263	0.000351766	0.001724138	0.00446571	0.000143684	0.002225519	0.000268853	0.002828854	5.94E-05	0.003467707
Otu00772	Rhodospirillaceae_unclassified	0.00069735	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00798	Brachybacterium	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	3.52E-05	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu00804	Alcaligenaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	4.72E-05	0	0.000298842	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00809	Salibacterium	0.0004649	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00834	Morganellaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0.000297012	0
Otu00863	Microvirga	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0.000318979	0.000102631	0	0	0	0	0
Otu00873	Pleomorphomonadaceae_unclassified	0	4.12E-05	0.000616523	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu00889	Fructobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.94E-05	0
Otu00909	Ignatzschineria_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.94E-05	0
Otu00912	Chromatiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0.000862069	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu00943	Gp6_unclassified	0	0	0	0.000232558	9.45E-05	0	7.47E-05	0	0.000862069	0.000318979	0.000102631	0	0	0.000471476	0	0
Otu00964	Halomonadaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	9.45E-05	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0.00020164	0	1.98E-05	0
Otu00972	Sphingobium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0.000433463
Otu01007	Sphingorhabdus	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu01013	Comamonadaceae_unclassified	0.00069735	0.000247361	0.000616523	0.000465116	0.000330719	0.000190162	0.000149421	0.000281413	0.002586207	0.001275917	0.00016421	0.002225519	6.72E-05	0.001885903	9.90E-05	0.002167317
Otu01021	Agathobacter	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0.00148368	0	0	0	0
Otu01033	Rhodobacteraceae_unclassified	0	8.25E-05	0.000308261	0.000465116	4.72E-05	6.34E-05	7.47E-05	0	0.000431034	0	0.000123158	0	0	0.000471476	1.98E-05	0
Otu01039	Planococcus	0	0	0	0.000465116	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu01047	Undibacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000134427	0	1.98E-05	0
Otu01072	Rheinheimera	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.16E-05	0	0.00040328	0.001414427	3.96E-05	0.000433463
Otu01116	Arcicella	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0.000637959	0	0	0	0	0	0
Otu01117	Acidovorax	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01134	Brevibacterium	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0.000431034	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01160	Clostridium_XVIII	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01166	Cloacibacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00074184	0	0.000471476	1.98E-05	0.000433463
Otu01169	Paenibacillus	0.0004649	0	0	0.001627907	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01192	Family_I_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.000149421	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01193	Prevotella	0	0	0	0	4.72E-05	0	7.47E-05	3.52E-05	0.000431034	0.000318979	2.05E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu01195	Lactiplantibacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu01200	Agromyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000637959	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu01206	Clostridiaceae_1_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	6.16E-05	0	0	0	0	0
Otu01208	Alishewanella	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000862069	0	0	0	0	0	0	0
Otu01280	Devosia	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	0	0.000433463
Otu01292	Leptotrichia	0	0	0	0	0	6.34E-05	7.47E-05	0	0.000862069	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu01295	Burkholderiales_unclassified	0.008135751	0.000494723	0.010172626	0.002790698	0.00085042	0.001457911	0.000373552	0.001020121	0.00862069	0.005422648	0.000492631	0.006676558	0.000336067	0.006129184	0.000178207	0.007368877
Otu01329	Limnochorda	0	0	0	0.000465116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01348	Pseudonocardia	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01357	Lentibacillus	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0.000318979	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01359	Planctomycetales_unclassified	0	0	0.000308261	0	4.72E-05	0	0	0	0.000862069	0.000637959	4.11E-05	0	6.72E-05	0.000471476	3.96E-05	0

Otu01368	Gemmatimonadetes_unclassified	0	0	0	0	0	0.000126775	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu01381	Roseimaritima	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0.000433463
Otu01384	Cystobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00148368	0	0	0	0
Otu01394	Gpl_unclassified	0	0	0	0	0	0.000126775	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01418	Micrococcaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.000318979	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu01424	Maribius	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu01425	Lachnospiraceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0.000149421	3.52E-05	0	0.000956938	4.11E-05	0	0	0.000471476	1.98E-05	0
Otu01434	Nocardioides	0	4.12E-05	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu01452	Nitrobacter	0	0	0	0	4.72E-05	6.34E-05	0	7.04E-05	0.000862069	0.000956938	4.11E-05	0	6.72E-05	0.001885903	1.98E-05	0.00130039
Otu01460	Planctomycetes_unclassified	0	0	0	0	0	0.000126775	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01475	Steroidobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu01488	Oceanobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.21E-05	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01493	Exiguobacterium	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu01506	Herbaspirillum	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01528	Brucellaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu01533	Oxalobacteraceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0.000862069	0	0.000225789	0	0	0	0	0
Otu01555	Firmicutes_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.002225519	0	0	0	0
Otu01613	Flavobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	7.04E-05	0.001293103	0.000318979	2.05E-05	0.00074184	0.00020164	0	7.92E-05	0
Otu01678	Gibbsiella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu01685	Anaerofilum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu01706	Noviherbaspirillum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01718	Aquabacterium	0	0	0	0	0	0.000126775	0	0	0	0.000318979	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01722	Tolumonas	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01727	Luteimonas	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu01738	Fusobacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00148368	0	0	0	0
Otu01740	Succinivibrio	0	0	0	0	4.72E-05	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01752	Sphaerobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu01760	Rhodovibrionaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0.000126775	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01765	Solibacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000637959	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01769	Veillonella	0	0	0	0	9.45E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu01778	Marinobacter	0	0	0	0	4.72E-05	6.34E-05	7.47E-05	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu01781	Peredibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu01784	Myxococcales_unclassified	0	0	0.000308261	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0.002225519	0	0	1.98E-05	0
Otu01788	Alkanindiges	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01793	Roseomonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01800	Actinomycetaceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01807	Cupriavidus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu01812	Aerococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00148368	0	0	0	0
Otu01836	Solirubrobacterales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu01837	Rhodanobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000472105	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01894	Terrisporobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu01896	Rahnella	0	0	0	0	0	0	0.001195368	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu01916	Moellerella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.94E-05	0
Otu02140	Caulobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu02153	Prauserella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu02206	Xanthomonadales_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu02210	Deltaproteobacteria_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	7.04E-05	0	0.000318979	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu02251	Cyanobacteria_unclassified	0	4.12E-05	0.000308261	0	0	0	7.47E-05	3.52E-05	0	0.000318979	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu02265	Telluria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu02302	Prevotellaceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu02309	Acidimicrobiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	4.11E-05	0	0	0	0	0

Otu02316	Cellvibrio	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu02370	Microbacteriaceae_unclassified	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	6.72E-05	0	0	0
Otu02376	Zoogloea	0	0	0	0.000232558	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0.000866927
Otu02390	Dialister	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu02408	Streptomycetaceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu02556	Methylorubrum	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu02809	Vampirovibrio	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu02873	Aeromonadaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu02914	Thalassobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu02962	Microbacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu03030	Metakosakonia	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu03201	Campylobacterales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu03217	Peptostreptococcaceae_unclassified	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu03219	Ornithinimicrobium	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu03235	Limnoglobus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu03236	Rufibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu03249	Moraxellaceae_unclassified	0	0	0	0	9.45E-05	0	7.47E-05	0	0.003448276	0.000637959	2.05E-05	0	0	0	0	0.000866927
Otu03266	Paenisporosarcina	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu03367	Muribaculum	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu03394	Pirellulales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00148368	0	0.000471476	0	0.000433463
Otu03456	Thiobacillus	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu03468	Pseudoalteromonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu03510	Flavobacteriales_unclassified	0	4.12E-05	0	0.000465116	0	0	0.000149421	0	0	0	2.05E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu03523	Ectothiorhodospiraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu03540	Arcobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0.000431034	0.000637959	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu03573	Iamia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu03602	Geodermatophilus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu03707	Fulvivirgaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu03731	Bacteroides	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu03748	Oligoflexales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu03766	Haematospirillum	0	0	0	0	0	0	0.000149421	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu03782	Cellvibrionaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu03828	Ameyamaea	0	0	0	0.000465116	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	1.98E-05	0
Otu03892	Monoglobus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu03943	Symbiobacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0.000433463
Otu03971	Bacteroidaceae_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04010	Tsukamurella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu04033	Anaerosinus	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04046	Bacteroidales_unclassified	0	0	0.000308261	0	0	0	7.47E-05	0	0.001293103	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu04066	Nitrospira	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04101	Yimella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu04134	Phocaeicola	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu04173	Idiomarina	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04278	Micrococcales_unclassified	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0	0	0.000433463
Otu04289	Salimicrobium	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04321	Cytophagales_unclassified	0.0004649	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00074184	0	0	1.98E-05	0
Otu04341	Myroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu04363	Desulfitobacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu04533	Dysgonomonadaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu04545	Thauera	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu04581	Micrococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu04808	Phyllobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.000637959	0	0	0	0	0	0
Otu04959	Malikia	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu05771	Granulicatella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0

Otu06111	Klebsiella	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu06517	Cytobacillus	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu07352	Weissella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu07371	Sphaerotilus	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu07445	Variovorax	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu07462	Lacipirellula	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu07465	Halieaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu07518	Neisseriaceae_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0.000318979	2.05E-05	0	0	0.000471476	0	0
Otu07671	Thermoactinomycetaceae_1_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu07673	Micromonospora	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu07738	Vibrionaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000862069	0	0	0	0	0	0	0
Otu07754	Staphylococcaceae_unclassified	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu07874	Brevundimonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu07921	Sphingobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu07946	Kofleria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.16E-05	0	0	0	0	0
Otu07960	Gallionella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu08037	Lactobacillales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.000149421	0	0	0	0	0	0	0	5.94E-05	0
Otu08061	Pseudomonadales_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.96E-05	0
Otu08070	Promicromonosporaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu08075	Chlamydiales_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	7.47E-05	3.52E-05	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu08085	Actinomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu08167	Kytococcus	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08208	Rubellimicrobium	0.00023245	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08240	Pseudohongiella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu08288	Alistipes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu08331	Sulfurospirillum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu08458	Gemmatimonadaceae_unclassified	0.00023245	0	0	0.000232558	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08460	Cellulosilyticum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu08493	Longimicrobium	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	6.72E-05	0	0	0
Otu08529	Schaalia	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08534	Anaerolineaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu08648	Albimonas	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08705	Aliifodinibius	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu08784	Atopococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu08804	Bibersteinia	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08868	Frisingicoccus	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08892	Bacilli_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu08895	Glaciimonas	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08911	Thalassiella	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08920	Algoriella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu08922	Ottowia	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu08929	Sulfuricurvum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu08935	Prosthecobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu09001	Haemophilus	0.00023245	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09023	Methylophilaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0.000471476	0	0
Otu09031	Nitrosomonadales_unclassified	0.00023245	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09063	Atopostipes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu09066	Proteiniclasticum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09078	Roseithermus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09120	Truepera	0.00023245	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu09133	Rubrivirga	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09140	Candidatus_Saccharibacteria_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	0.000149421	0	0	0.000318979	2.05E-05	0.00074184	0	0	0	0
Otu09199	Chromatiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu09200	Altererythrobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0

Otu09245	Pseudonocardiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0.000318979	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu09258	Lysobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu09296	Actinobacteria_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09340	Spirochaetaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu09383	Nitriliruptoria_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09441	Leptotrichiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0.000149421	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu09461	Nibribacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09499	Filomicrobium	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09517	Sterolibacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu09563	Armatimonadetes_gp5_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09615	Geminicoccaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu09639	Hypnocyclicus	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu09653	Marinilactibacillus	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09703	Rubrobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09707	Pseudoxanthomonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu09736	Algoriphagus	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09762	Paraburkholderia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09788	Parcubacteria_unclassified	0.00023245	0	0	0	4.72E-05	0	0.000224131	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu09791	Aquirufa	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu09841	Cesiribacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09855	Gp4_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu09870	Spongiispira	0.00023245	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10086	Erysipelotrichaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu10093	Macellibacteroides	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu10098	Saccharothrix	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu10125	Fenollaria	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10127	Xanthomonadaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	6.72E-05	0	0	0
Otu10132	Gp3_unclassified	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	4.11E-05	0	0	0	0	0
Otu10137	Lacipirellulaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu10233	Leucobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu10268	Barnesiella	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu10330	Micromonosporaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu10344	Ilumatobacteraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu10375	Oleispira	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu10423	Polynucleobacter	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10475	Arboricoccus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu10534	Saccharomonospora	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10618	Nocardioidaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10685	Faecalibacterium	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10726	Chungangia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu10731	Williamsia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu10861	Azonexaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu10864	Geofilum	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu11024	Alteromonadaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11027	Vicinamibacteraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu11045	Janthinobacterium	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11048	Sutterellaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu11081	Saccharopolyspora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu11110	Thermoguttaceae_unclassified	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11376	Paenibacillaceae_1_unclassified	0	0	0	0.000232558	4.72E-05	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	6.72E-05	0	0	0

Otu11394	Collinsella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu11517	Pseudoduganella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu11541	Sporacetigenium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu11573	Verrucomicrobiaceae_unclassified	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11575	Acidobacteria_Gp3_unclassified	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11628	Pirellula	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11719	Parapedobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu11760	Aquicella	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu11776	Catenococcus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu11792	Chitinibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu11910	Azohydromonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu11927	Polaromonas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu12023	Alkalibacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu12047	candidate_division_WPS-1_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu12096	Marinicella_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu12167	Duodenibacillus	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu12263	Anaerosolibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu12306	Propionispira	0	0	0	0	0	0	0	3.52E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu12364	Nannocystaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu12464	Pelosinus	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu12604	Chryseomicrobium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu12657	Novibacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu12724	Microbulbifer	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu12727	Subdivision3_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu12771	Adhaeribacter	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu12783	Spirosoma	0	4.12E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu12876	Anaerolineae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu12906	Enhydrobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu12922	Galbibacter	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13079	Propionibacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.72E-05	0	0	0
Otu13086	Alloprevotella	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu13112	Rhodohalobacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13122	Gordonia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu13162	Methyloversatilis	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13247	Limnohabitans	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13267	Fermentimonas	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13307	Sphingobacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13369	Emticicia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13433	Gp16_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13474	Anoxybacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu13507	Oscillibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13521	Capnocytophaga	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13527	Pelagibacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13587	Methylophilus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000318979	0	0	0	0	0	0
Otu13649	Polyangiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000431034	0	0	0	0	0	0	0
Otu13736	Effusibacillus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu13745	Cardiobacteriaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu13789	Allostreptomyces	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13831	Nannocystis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu13849	Neisseria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu13943	Planomicrobium	0	0	0	0	4.72E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu13947	Glycomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu13970	Bacteriovorax	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000433463
Otu13999	Luteitalea	0	0	0	0	0	0	7.47E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu14026	Guggenheimella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu14095	Arthrobacter	0	0	0.000308261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Otu14111	Verrucomicrobia_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu14114	Aeribacillus	0	0	0	0	0	6.34E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu14248	Planctomycetacia_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.98E-05	0
Otu14308	Hyphomicrobiaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu14362	Eubacterium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00074184	0	0	0	0
Otu14370	Flaviflexus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.000471476	0	0
Otu14462	Arcticibacter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.05E-05	0	0	0	0	0
Otu14515	Cellulomonas	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu14528	Rickettsiaceae_unclassified	0	0	0	0.000232558	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu14556	Bacteriovoracales_unclassified	0.00023245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Anexo 6. Géneros fúngicos identificados en las uvas pisqueras de las Regiones Arequipa e Ica

OTU	Fungi (ITS)	Varieties Arequipa Region								Varieties Ica Región							
	Genus	Quebranta AR1B_ITS	Negra Criolla AR2B_ITS	Mollar AR3B_ITS	Uvina AR4B_ITS	Italia AR5B_ITS	Torontel AR6B_ITS	Albilla AR7B_ITS	Moscatel AR8B_ITS	Quebranta IC1B_ITS	Negra Criolla IC2B_ITS	Mollar IC3B_ITS	Uvina IC4B_ITS	Italia IC5B_ITS	Torontel IC6B_ITS	Albilla IC7B_ITS	Moscatel IC8B_ITS
Otu0001	Cladosporium	0.92056937	0.14739931	0.8186717	0.35311204	0.11345155	0.34945742	0.04315067	0.44382261	0.68423129	0.87857622	0.68426885	0.85073008	0.08127383	0.74878284	0.01233354	0.82811884
Otu0002	Starmerella	0.00651207	0.47755623	0.03253818	0.42001745	0.59950355	0.17652226	0.24513862	0.05173387	0.00033539	0.00050653	0.00783989	0.01011798	0.11347731	0.00071923	0.50470488	0.00023481
Otu0004	Hanseniaspora	0.00254886	0.21857856	0.00281448	0.02522382	0.14583172	0.24287886	0.14384152	0.10444538	8.50E-05	0.00029306	0.09368838	0.00112422	0.23907923	0.00064178	0.1805951	0.00022988
Otu0005	Pichia	0.00135006	0.06419804	0.02658887	0.05484597	0.07974123	0.03728395	0.03454828	0.05059831	0.00015825	0.0004016	0.08839001	0.01486615	0.50509479	0.00234027	0.13940988	0.00063382
Otu0007	Ascomycota_unclassified	1.51E-05	0.00035217	0.00053773	0.00017752	0.0018978	0.11303047	0.22647961	0.24276694	0.00051253	0.00045588	0.00147825	0.0029891	0.00453857	0.00275522	0.14241028	0.00025123
Otu0008	Wallemia	0.00157318	4.14E-05	0.00378697	0.00062134	0.00022505	7.81E-05	0.00085786	0.00054804	0.18910033	0.02623995	0.00058547	0.01776267	0.00402413	0.02187023	0.00137891	0.09652583
Otu0009	Alternaria	0.01268379	0.01801578	0.04045535	0.01122079	0.00134693	0.02024885	0.11430966	0.02504023	0.002095	0.00456237	0.00680803	0.02027563	0.00069463	0.00953261	0.00030962	0.00373887
Otu0010	Penicillium	0.00719656	0.00016227	0.00053773	0.0007254	1.68E-05	0.00012689	7.53E-05	0.00043657	0.0919202	0.02178793	0.00567747	0.00735372	0.00790463	0.04707659	0.00632956	0.0451554
Otu0011	Saccharomycetales_unclassified	0	4.14E-05	0	1.22E-05	2.69E-05	0.02407998	0.04610267	0.03847645	1.42E-05	0.00125547	0.00639304	0	1.83E-05	0.10643548	1.28E-05	1.48E-05
Otu0012	Stemphylium	0.00632299	0.00271376	0.01488473	0.00599299	0.00064828	0.01080524	0.09583095	0.00724989	0.00152106	0.00197546	0.00053836	0.00514496	0.00049355	0.00524487	7.98E-05	0.00440717
Otu0013	Saccharomycopsis	0.00108535	0.05839073	0.00124707	0.00074071	0.05150262	0.00372864	2.97E-05	0.00214571	0	4.52E-05	0.01587718	0.00021162	0.02767797	0.00033195	0.00962999	9.85E-05
Otu0015	Botrytis	0.00592213	0.00352513	0.00172759	0.10349999	0.00016459	0.0100805	0.00215951	0.00130043	0	3.62E-06	7.18E-05	0.00035711	3.13E-05	0.00024343	0	0.00046797
Otu0016	Claviceps	0	0	0	3.06E-06	2.02E-05	0	2.58E-05	0.00031117	4.72E-05	0.04416199	4.49E-06	0.01047508	1.04E-05	0.00251178	0.0007501	0.00107224
Otu0020	Vishniacozyma	0.00066936	0.00050754	0.00188776	0.00109576	5.71E-05	0.00063933	1.39E-05	9.75E-05	0.01940532	0.00943408	0.00298566	0.01318644	0.00308403	0.0161053	0.00033515	0.01176011
Otu0021	Erysiphe	0.00353588	0.00067671	0.00465648	3.06E-06	0.00162237	3.17E-05	0.00553747	0.00018578	4.02E-05	0.00185968	0.01462549	0.00100518	0.00315976	0.00011618	7.34E-05	0.00062889
Otu0023	Aleurina	0	0	0.00466793	9.49E-05	0	0	0.02492754	4.88E-05	0	0	4.49E-05	0	0	0	0	0
Otu0024	Naganishia	0.00317284	0.00275519	0.01263086	0.00630825	4.37E-05	0.00291605	0.00022784	0.00150943	0.00199344	0.00123014	0.00016599	0.00335943	0.00023241	0.00152699	2.23E-05	0.00086863
Otu0025	Epicoccum	0.0074764	0.00062147	0.00705909	0.00273021	0.00228072	0.00053441	0.00050719	0.00572421	0.0004275	0.00062592	0.00037685	0.00183843	8.62E-05	0.00183128	5.75E-05	0.00023152
Otu0026	Ramularia	0	0	0	0	3.36E-06	0	1.98E-06	0	0	8.14E-05	0.01633928	0.00079357	5.22E-06	0.00026556	0	2.79E-05
Otu0031	Sporobolomyces	0.00097568	0.00043158	0.00192209	0.00101924	6.38E-05	0.0002855	5.35E-05	0.0006804	0.00560005	0.00146531	4.93E-05	0.00222199	0.00021936	0.00770686	0.00012448	0.00180129
Otu0032	Lachancea	0	0	0	0	0	0	0.00985254	6.97E-06	0	1.81E-06	6.06E-05	0	0	0	0	0
Otu0033	Metschnikowia	0	0	0	0	6.72E-06	0.0004124	0.00213376	0.00934451	0	1.45E-05	0	0	0	0.00141634	0	3.28E-06
Otu0034	Saturnispora	1.51E-05	0.00024514	0.00011441	0.00017752	0.00012428	1.22E-05	3.37E-05	0	0	0	0.0006079	0.00010581	0.00745548	1.11E-05	0.00084905	1.64E-06
Otu0035	Zygosporium	0.00240516	1.04E-05	1.14E-05	0.00105291	1.34E-05	0	5.94E-06	9.29E-06	4.25E-05	0.00022975	0.0063908	0.00088615	4.18E-05	0.0002213	0	0.00041215
Otu0036	Jaminaea	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7.24E-06	0.00725891	0.00039678	0	5.53E-06	0	0
Otu0039	Microstromatales_unclassified	0	0	0	9.18E-06	0	0	0	0	0	0	0.00571785	0	0	0	0	0
Otu0040	Nigrospora	0.00186816	0.00017263	0.00355815	0.00128858	0.0004333	0.00063689	8.52E-05	0.00129811	2.36E-06	0.00020623	2.24E-06	0.00104486	2.61E-06	0.0002711	0	0
Otu0041	Graphiola	3.40E-05	0	1.14E-05	1.84E-05	0	0	1.58E-05	2.32E-06	4.72E-06	7.24E-06	0.00453345	0	7.83E-06	4.43E-05	0	4.93E-06
Otu0042	Filobasidium	0.00027606	0.00044884	0.00157886	0.00197114	4.37E-05	0.00057589	3.17E-05	0.00054804	0.00017478	6.15E-05	7.40E-05	0.00043646	5.48E-05	0.00139421	9.58E-06	0.00033825
Otu0043	Aspergillus	0.00040464	7.25E-05	0.00169327	0.00047748	8.73E-05	0.00173743	0.00194951	0.00020435	8.03E-05	0.00058613	0.0025617	0.00132261	2.35E-05	0.00094607	6.38E-06	0.00016913
Otu0044	Papiliotrema	0.00020799	0.00064219	8.01E-05	0.00075601	0	0.0018326	1.98E-06	6.97E-05	8.98E-05	1.99E-05	0.00094662	0.00092583	2.61E-05	0.00018257	2.87E-05	6.90E-05
Otu0045	Sordariomycetes_unclassified	0.00241272	3.45E-05	0.00056061	9.79E-05	1.68E-05	9.76E-06	1.19E-05	0.00016255	2.83E-05	0.00011759	0.00197175	0.00100518	5.22E-06	1.11E-05	6.38E-06	2.46E-05
Otu0047	Cyberlindnera	0	0	3.43E-05	1.53E-05	0	0	0.00030114	0.0028772	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0049	Meyerozyma	7.56E-06	0	0	0	0	7.32E-06	1.39E-05	2.32E-05	8.50E-05	3.08E-05	0.00012337	0.00732727	2.61E-06	0.00354637	0	3.28E-06
Otu0050	Gamszarea	0.00077525	0.00013465	0.00461072	8.26E-05	3.69E-05	0.00012201	2.58E-05	9.06E-05	6.61E-05	0.00021347	3.59E-05	0.00287007	1.31E-05	0.00022684	6.38E-05	7.39E-05
Otu0051	Aureobasidium	0.00063154	0.00017608	0.0002517	0.00023874	6.72E-06	3.17E-05	0.00014661	0.00170914	1.89E-05	0	7.40E-05	0	2.35E-05	5.53E-06	0	4.76E-05
Otu0052	Neodevriesia	0.00011723	6.91E-06	0.00018306	5.82E-05	0	0	3.96E-06	0	1.42E-05	0.00037085	0.00630556	0.00072744	1.04E-05	0.00044814	3.19E-06	5.42E-05
Otu0053	Bullera	1.51E-05	2.42E-05	0	0	6.72E-06	0	0	0	0.00024091	6.33E-05	0	0.00148132	2.61E-06	0.00449798	1.28E-05	0.00018719
Otu0057	Ustilaginaceae_unclassified	0.00032901	2.42E-05	2.29E-05	0.00074989	9.74E-05	6.83E-05	0	8.36E-05	2.36E-06	0	4.71E-05	0	2.61E-06	0.00440945	9.58E-06	2.30E-05
Otu0058	Pleosporaceae_unclassified	0.00014749	0.00010013	0.0002517	0.00065807	1.01E-05	0.00026842	0.00012482	0.00095442	9.45E-06	1.81E-06	0.00016375	0	1.04E-05	0.00011618	0	7.39E-05
Otu0060	Pseudotaeniolina	0	7.25E-05	0.00037755	0.00010713	3.02E-05	9.76E-05	5.75E-05	0.00177416	4.72E-06	9.05E-06	9.87E-05	2.65E-05	0	4.98E-05	0	1.64E-06
Otu0064	Symmetrospora	4.92E-05	1.38E-05	0	3.98E-05	0	4.88E-06	0	0	0.00050781	0.00037809	0.00068641	0.00179875	3.66E-05	0.00042601	0	0.00031034
Otu0065	Didymellaceae_unclassified	0	0.00027621	0.00048052	7.96E-05	6.72E-06	0.00012933	1.78E-05	0.00022758	5.20E-05	1.63E-05	0.00043742	0.0026849	2.61E-06	0.00022684	0	0
Otu0067	Hannaella	0.00018152	4.14E-05	0	0.0007254	0	0	9.91E-06	4.18E-05	1.42E-05	0.0001194	4.49E-05	0.00023807	7.83E-05	0.00100139	1.28E-05	0.00012479
Otu0068	Rhodosporidiobolus	0.00027228	5.18E-05	0.00211658	0.00057849	4.03E-05	0.00046364	8.92E-05	0.00041567	0	0	1.57E-05	0	0	0	0	0
Otu0069	Wickerhamiella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00217588	9.26E-05	0	2.21E-05	0	0
Otu0070	Exophiala	0.0011572	3.45E-05	0.00027458	3.98E-05	1.68E-05	8.05E-05	0	1.39E-05	5.20E-05	4.70E-05	1.79E-05	0.00082002	5.22E-06	2.77E-05	9.58E-06	0.00010673
Otu0072	Hypocreales_unclassified	0.00048027	0	0.00030891	0.0003826	3.36E-05	3.90E-05	0.00021793	7.66E-05	3.54E-05	0.00053366	0.0001974	0.00056872	2.61E-06	8.30E-05	0	0.00011823
Otu0075	Meira	2.27E-05	0	0	3.06E-06	0	0	0	0	0	0	0.00114626	0	0	0	0	0
Otu0076	Kondoa	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00013463	8.14E-05	0.00064155	0.00034388	3.66E-05	9.41E-05	0	0.00011823
Otu0077	unclassified	0.00010589	0	0	7.65E-05	0	0	0	0	0	0	0.00086362	0.00037033	0	5.53E-06	0	6.57E-06

Otu0078	Malassezia	0.0007223	3.45E-05	0.00072078	0.00016528	0.00011756	5.61E-05	2.38E-05	0.00013004	5.90E-05	0.00037809	6.28E-05	0.00174585	5.22E-06	0.00030429	8.30E-05	0.00022331
Otu0079	Fusarium	0	0.00011394	0.00032035	7.04E-05	3.36E-06	0	0.00059634	2.79E-05	1.42E-05	3.80E-05	0.00025796	0	6.27E-05	0.00027663	0	0.00012151
Otu0080	Hansfordia	0.00088492	0.00010013	0	0.00035811	1.68E-05	1.46E-05	1.98E-06	0.00015326	0	0	0.00010767	0.00058195	2.61E-06	1.66E-05	0	1.97E-05
Otu0082	Sterigmatomyces	0.00015127	0	0.0020365	3.06E-05	6.72E-06	3.90E-05	1.78E-05	0	0	7.60E-05	5.38E-05	0	2.61E-06	0.00050346	0	1.64E-06
Otu0083	Toxicocladosporium	0.0003517	0.00012775	0	0.00013467	0	0	3.96E-06	0.00020203	2.36E-06	0.00017548	0.00196053	0.00015871	2.61E-06	0.00024897	3.19E-06	0.0001133
Otu0084	Kurtzmaniella	0	0	0	0	0	0	0	0	2.36E-06	0	3.14E-05	0.00255264	0.00045699	0	0	6.57E-06
Otu0089	Salinomyces	0	3.45E-06	0	0	6.72E-06	0	7.92E-06	7.90E-05	9.45E-06	3.62E-06	0.00076717	1.32E-05	7.83E-06	0	1.60E-05	1.64E-06
Otu0090	Zygoascus	0	3.80E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00047555	0	0.00031337	0	0	4.93E-06
Otu0092	Periconia	0.00034413	0.00011394	0.00028602	3.98E-05	0	7.56E-05	3.17E-05	0.00021829	9.45E-06	4.16E-05	4.93E-05	0	2.61E-06	0.00014938	0	0.00016256
Otu0093	Neurospora	0.00063154	0	0	0.00017752	4.03E-05	7.32E-06	3.96E-06	0	0	3.08E-05	3.36E-05	0.0005555	2.61E-06	2.21E-05	0	0
Otu0095	Phaeosphaeriaceae_unclassified	0	0	0	2.45E-05	0	9.76E-06	0	0	0	0	0.00079857	0	0	0	0	0
Otu0096	Acremonium	0	0	0.00016017	6.73E-05	0	0	9.91E-06	3.02E-05	0	1.81E-06	0.00071109	0	0	0	0	0
Otu0099	Comoclathris	0.00010589	0	3.43E-05	0.00010713	5.71E-05	1.95E-05	2.18E-05	0.0007849	0	1.99E-05	0	0	3.92E-05	0.00011065	0	6.90E-05
Otu0105	Lecanoromycetes_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0004105	0.00092583	0	2.21E-05	0	8.21E-06
Otu0107	Zygophiala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00081203	0	0	0	0	0
Otu0108	Mycosphaerellaceae_unclassified	0.00077146	1.04E-05	0.00014873	0	0	7.32E-06	5.94E-06	2.09E-05	0	0	0.00012562	0	0	3.32E-05	0	2.63E-05
Otu0110	Curvularia	0	0.00051099	1.14E-05	7.04E-05	2.69E-05	0	0	0	1.89E-05	3.80E-05	2.24E-05	0	2.87E-05	9.41E-05	2.55E-05	2.46E-05
Otu0114	Didymocyrtis	0	0	0	1.84E-05	1.34E-05	0	0	0	0	0	0.00046882	0	0	5.53E-05	0	0
Otu0118	Teratosphaeriaceae_unclassified	9.08E-05	6.91E-06	0.00017161	0.00037035	2.69E-05	4.15E-05	1.78E-05	4.88E-05	1.89E-05	5.43E-05	2.24E-06	0	0	3.32E-05	0	0
Otu0119	Wallemiaceae_unclassified	1.89E-05	1.04E-05	0	0	2.35E-05	0	1.58E-05	0	1.42E-05	1.81E-05	4.49E-06	0.00022484	0	0.00084648	0	0
Otu0121	Eupenidiella	0.00052565	0	0.00012585	7.65E-05	0	0	1.98E-06	7.20E-05	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu0123	Rhodotorula	0.00012101	0	0	0.00022956	6.72E-06	0	0	0.00023686	0.00010156	0.00010492	0.00014805	0.00046291	2.87E-05	0.00044261	9.58E-06	0.00027586
Otu0124	unclassified	0.0001853	0	1.14E-05	0	0	1.46E-05	0	1.16E-05	3.31E-05	5.25E-05	2.02E-05	0.00082002	5.22E-06	0	3.19E-06	9.85E-06
Otu0125	Pseudopithomyces	0	1.73E-05	0	0	0	1.22E-05	3.96E-06	0.00026937	0	0	0	0.00059518	5.22E-06	0	2.23E-05	0.00012315
Otu0127	Dothideomycetes_unclassified	0.0001437	0	0.00030891	5.51E-05	1.01E-05	0	1.58E-05	1.63E-05	0	2.17E-05	0.00042396	0	2.09E-05	0	3.19E-06	0
Otu0130	Leptoxyphium	0	0	0	0	0	0	0	4.18E-05	0	2.71E-05	0.00026469	0	0	1.11E-05	0	0
Otu0135	Golubevia	0	0	0	3.98E-05	0	0	7.92E-06	0	0	2.89E-05	0.00020862	0	0	0.00011618	0	0
Otu0141	Rachicladosporium	0.00025337	0.00022442	0	0	3.36E-06	0	7.92E-06	6.73E-05	4.72E-06	0	2.02E-05	0	0	0	0	0
Otu0144	Moniliella	0	0	0	0	0	0.00030747	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0146	Geosmithia	0	3.45E-06	2.29E-05	4.59E-05	3.36E-06	7.32E-06	1.98E-06	3.25E-05	9.45E-06	0.00010311	0.00015927	0.00027775	5.22E-06	2.21E-05	0	9.85E-06
Otu0151	Stilbocrea	0	0	0	3.37E-05	0	0	1.98E-06	1.16E-05	0.00011809	1.09E-05	0	0	5.22E-06	0.00016044	0	9.85E-06
Otu0155	Phaeosphaeria	0	0	0	0	0	2.44E-06	0	0	0	0	0.00024226	0	0	0	0	0
Otu0157	Sarocladium	0	6.91E-06	0	6.12E-05	1.34E-05	0	1.19E-05	2.09E-05	4.96E-05	7.96E-05	0.00010543	0.00052904	2.61E-06	4.43E-05	0	1.97E-05
Otu0164	Ustilago	0.00015127	1.73E-05	0.0001945	0	4.70E-05	1.95E-05	1.98E-06	0	0	0	1.12E-05	0	0	0	0	0
Otu0168	Knufia	0.00011723	0	0	0	0	0	0	0	2.13E-05	6.87E-05	2.69E-05	0	0	3.87E-05	0	0
Otu0169	Begerowomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.43E-06	0.00015254	0.00010581	0	0	0	0
Otu0173	Metschnikowiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	9.91E-05	6.04E-05	0	0	0	0	2.61E-06	0	0	0
Otu0176	Chaetomiaceae_unclassified	0.00016261	0	0.00018306	0.00014386	0	0	0	4.64E-06	0	0	0	0.00013226	0	1.66E-05	0	0
Otu0187	Gibellulopsis	0	0	0	0	0	0	0	0	7.56E-05	0	0	0	0	9.96E-05	0	2.63E-05
Otu0188	Pyrenochaetopsis	0	0	0	5.20E-05	0	0	0	0	0	0	0.00010992	0	0	0	0	0
Otu0194	Neodevriesiaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.99E-05	0.00011665	0	0	0	0	0
Otu0196	Exserohilum	0	0	0	0	0	0	0	0	3.54E-05	0	0.00010094	0	0	0	0	0
Otu0198	Geotrichum	0	0	0	0	0	0	0	0	9.45E-06	4.52E-05	0	0	0	0	0.00019471	0
Otu0201	Dimorphosporicola	0	0	0	0	0	0	1.58E-05	0.0001045	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0202	Hortaea	0	0	2.29E-05	1.53E-05	0	0	0	2.55E-05	2.36E-06	2.71E-05	2.02E-05	0	2.61E-06	1.11E-05	0	9.85E-06
Otu0206	Lasiodiplodia	0	0	0	0	0	2.20E-05	5.75E-05	0	0	0	2.47E-05	0	0	0	0	1.64E-06
Otu0207	Stolonocarpus	0	0	0	1.84E-05	3.36E-06	0	0	0	1.42E-05	1.81E-06	0	0.00038356	0	1.11E-05	0	6.57E-06
Otu0208	Preussia	0	0	0.00053773	0	6.72E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0218	Schwanniomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00011889	0	2.61E-06	0	0	0
Otu0221	Coprinopsis	0	0	0.00057205	0	0	0	0	4.41E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0225	Coniophora	0.00014749	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0228	Parasarocladium	0	6.91E-06	0	2.75E-05	0	0	1.98E-06	2.79E-05	3.07E-05	0	0	0	0	0	0	0
Otu0230	Neopyrenochaeta	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.30E-05	0	0	0	0	0
Otu0234	Macalpinomyces	0.00013236	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Otu0244	Eremomycetaceae_unclassified	0.00012101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0248	Enterocarpus	0	0	0	1.84E-05	0	0	0	0	4.02E-05	1.45E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0249	Neodidymelliopsis	0	0	0.00013729	5.51E-05	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu0252	unclassified	0.00010211	0	0	0	6.72E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0255	Uwebraunia	0	0	0	0	0	0	0	0	2.36E-06	0	3.81E-05	0	0	5.53E-05	0	0
Otu0260	Paraconiothyrium	0	0	0	0	1.68E-05	0	0	0	0	4.88E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0262	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.06E-05	0	0	0	0	0
Otu0263	Microbotryomycetes_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.93E-05	0	0	0	0	8.21E-06
Otu0264	Mycosphaerellales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9.87E-05	0	0	4.98E-05	0	9.85E-06
Otu0269	Monodictys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.70E-05	0	0	0	0	0	1.81E-05
Otu0273	Capnodiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.61E-05	0	0	0	0	0
Otu0275	Foliophoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.34E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0278	Acarosporaceae_unclassified	0	0	0	5.20E-05	0	1.71E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0279	Mucor	3.40E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.16E-05	0	0	0	0	0
Otu0281	Debaryomyces	0	0	0	0	3.36E-06	0	0	0	0	1.63E-05	2.69E-05	1.32E-05	0	1.11E-05	3.19E-06	3.28E-06
Otu0283	Pseudallescheria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.16E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0284	Trametes	0	0	0.0002517	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0291	Trigonopsis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.93E-05	0	0	0	0	0
Otu0292	Clonostachys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.98E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0294	Stachybotrys	0	0	0	4.29E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.87E-05	0	0
Otu0299	Emericellopsis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00023807	7.83E-06	0	0	0
Otu0300	Schizophyllum	0	0	0	2.14E-05	0	0	0	0	7.09E-06	1.81E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0301	Ovatospora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.09E-05	0	0	0	2.21E-05	0	1.64E-05
Otu0302	Phaeotheca	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.57E-05	2.65E-05	0	6.09E-05	0	0
Otu0308	Roussoella	7.19E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0309	Rhizopus	0	0	0	0	0	0	1.98E-06	0	2.13E-05	0	0	0	0	0	0	1.31E-05
Otu0310	Saxophila	0	0	0	0	0	0	0	0	1.65E-05	0	2.47E-05	0	0	0	0	0
Otu0314	Microascus	0	0	0	3.06E-06	0	0	0	6.27E-05	1.65E-05	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu0315	Rhizoctonia	0	0	0	0	0	0	0	1.63E-05	0	3.08E-05	0	0	0	0	0	3.28E-06
Otu0318	Talaromyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.04E-05	0	0	0	0	0
Otu0325	Wickerhamomyces	0	0	0	0	0	0	5.94E-06	0	0	0	5.16E-05	0	0	0	1.28E-05	0
Otu0326	Neophaeotheca	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.63E-05	1.57E-05	0	0	0	0	0
Otu0327	Coprinellus	0	0	0	0	0	0	0	0	3.54E-05	0	2.24E-06	0	0	0	0	8.21E-06
Otu0329	Cryptococcus	0	6.91E-06	0	0	0	0	1.98E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	2.30E-05
Otu0331	Gymnopus	0	0	0	1.22E-05	0	0	0	0	0	2.17E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0335	Myrothecium	3.40E-05	2.07E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	1.79E-05	0	0	0	0	0
Otu0337	Farysia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.36E-05	0	0	0	0	0
Otu0339	Barnettozyma	0	0	0	0	0	1.95E-05	0	0	0	0	0	0	0	3.32E-05	0	0
Otu0341	Dendryphiella	0	0	0.00016017	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0342	Yamadazyma	0	0	0	2.14E-05	4.70E-05	0	0	0	0	0	0	0	7.83E-06	0	0	0
Otu0344	Ceratorhiza	0	0	0	4.29E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0346	Kernia	0	0	0.00012585	0	0	0	0	0	0	5.43E-06	0	0	0	0	0	0
Otu0347	Dioszegia	2.65E-05	0	0	3.37E-05	0	4.88E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0349	Lectera	0	0	0	0	0	0	0	3.02E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0350	Stenella	0	0	0	0	0	0	1.39E-05	0	0	0	1.12E-05	0	0	5.53E-06	0	0
Otu0353	Tetraploa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.92E-05	0	0	0	0	0
Otu0355	Occultifur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7.19E-05	0	0
Otu0358	Keissleriella	0	0	0	0	0	0	0	0	4.72E-06	0	0	0	0	0	0	1.81E-05
Otu0361	Podosphaera	0	0	0	6.12E-06	6.72E-06	0	0	0	0	0	1.79E-05	0	5.22E-06	0	0	0
Otu0363	Leptospora	0	0	0	1.84E-05	0	0	0	1.39E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0367	Polyporaceae_unclassified	0	0	0	6.12E-06	0	2.44E-06	0	0	0	0	0	0	0	5.53E-05	0	0
Otu0368	Kalmanozyma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.64E-05	0	0
Otu0370	Lecanographa	0	0	0	0	0	0	1.98E-06	0	0	0	2.24E-05	0	0	0	0	0
Otu0371	Thyridium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00014549	0	0	0	0
Otu0373	Candida	0	0	0.00018306	0	0	0	3.96E-06	0	2.36E-06	1.09E-05	6.73E-06	0	7.83E-06	0	1.92E-05	3.28E-06
Otu0384	Tilletiopsis	0	0	0	0	0	0	0	0	4.72E-06	0	2.24E-06	0	0	0	0	1.15E-05
Otu0385	Erythrobasidium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-05	0	0	0	0	0

Otu0387	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-05	0	0	0	0	0
Otu0389	Sporidiobolus	0	0	0	3.06E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0396	Sparticola	0	0	0	0	0	2.20E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0397	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.43E-06	1.35E-05	0	0	5.53E-06	0	4.93E-06
Otu0398	Fusariella	0	0	0	0	0	0	0	0	1.18E-05	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0402	Waitea	0	0	0	0	0	0	0	2.09E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0407	Pseudozyma	3.78E-06	0	0	3.06E-06	0	0	0	0	0	0	2.02E-05	0	0	0	0	0
Otu0408	unclassified	7.56E-06	0	0	9.18E-06	0	0	0	0	0	5.43E-06	0	0	0	0	0	1.64E-06
Otu0414	Bartalinia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.02E-05	0	0	0	0	0
Otu0421	Caespitomonium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.45E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0423	Ganoderma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.43E-06	1.12E-05	0	0	0	0	0
Otu0427	Starmera	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	5.22E-06	0	1.60E-05	0
Otu0435	Brunneomyces	1.89E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.97E-05	0	0	0	0
Otu0440	Choanephora	0	0	0	0	0	0	0	0	1.65E-05	0	0	0	0	0	0	0
Otu0443	Petrophila	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.57E-05	0	0	0	0	0
Otu0445	Colletotrichum	0	0	0	2.14E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0446	Myrmecridium	2.65E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0447	Nectriella	0	6.91E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.15E-05
Otu0448	Chaetomium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9.26E-05	0	0	0	0
Otu0450	Diutina	0	0	6.86E-05	3.06E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0454	Acrocalymma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.57E-05	0	0	0	0	0
Otu0457	Helotiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.57E-05	0	0	0	0	0
Otu0463	Phaeococcomyces	0	1.38E-05	0	0	0	0	1.98E-06	0	0	1.27E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0464	Hispidoconidioma	7.56E-06	1.73E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0476	Eucasphaeria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9.85E-06
Otu0478	Kalmusia	0	0	0	0	0	0	0	0	1.42E-05	0	0	0	0	0	0	0
Otu0479	Pleurotus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.09E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0480	Sporocadaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.35E-05	0	0	0	0	0
Otu0484	Dipodascaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.09E-05	0	0	0	0	0	0
Otu0486	Bipolaris	0	0	0	0	0	0	0	1.16E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0488	Pleosporales_unclassified	0	1.04E-05	0	0	0	0	0	1.16E-05	0	0	0	0	2.61E-06	1.66E-05	0	4.93E-06
Otu0490	Ustilaginoidea	0	0	0	0	0	0	9.91E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0504	Tilachlidium	7.56E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.93E-06
Otu0505	Tremellales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.12E-05	0	0	0	0	0
Otu0511	Cuniculitremaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.35E-05	0	0	0	0	0
Otu0513	Sclerostagonospora	0	0	0	0	0	0	0	1.16E-05	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0515	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7.24E-06	0	0	0	0	0	0
Otu0518	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0522	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0524	Cladosporiaceae_unclassified	0	0	0	0	3.36E-06	2.44E-06	5.94E-06	2.32E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0531	Thyrostroma	0	1.38E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0534	Hyphopichia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0542	Ascodesmidaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0543	Endosporium	0	0	0	1.22E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0549	Symbiotaphrina	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0555	Inonotus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.21E-05	0	0
Otu0558	Pseudocercospora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0559	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8.97E-06	0	0	0	0	0
Otu0562	Thermomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.97E-05	0	0	0	0
Otu0566	Eurotiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.66E-05	0	0
Otu0570	Verrucocladosporium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	3.28E-06
Otu0573	Disarticulatus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.73E-06	0	0	0	0	0
Otu0574	Ascochyta	0	0	3.43E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0581	Clavispora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.66E-05	0	0
Otu0589	Mortierella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.66E-05	0	0

Otu0594	Cystobasidiales_unclassified	0	0	0	0	0	0	1.98E-06	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0596	Ceratocystis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.73E-06	0	0	0	0	0
Otu0597	Davidiellomyces	0	0	0	0	0	0	0	6.97E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0603	Neothyronectria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.97E-05	0	0	0	0
Otu0604	Antarctolichenia	0	0	0	9.18E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0615	Melampsora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.43E-06	0	0	0	0	0	0
Otu0620	Nothophaeotheca	0	0	0	6.12E-06	0	0	0	2.32E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0621	Kwoniella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6.73E-06	0	0	0	0	0
Otu0628	Neocatenulostroma	0	0	3.43E-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0649	Fodinomyces	0	6.91E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0653	Neocladosporium	0	0	0	3.06E-06	3.36E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0689	Castanediella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0699	Gaeumannomyces	0	0	0	0	0	4.88E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0702	Neovaginatispora	0	0	0	0	0	4.88E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0712	Asteromyces	0	0	0	0	0	0	3.96E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0715	Libertasomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0716	Collariella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0721	Niesslia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4.49E-06	0	0	0	0	0
Otu0723	Coniochaeta	0	0	0	0	0	4.88E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0728	Halobyssothecium	0	0	0	0	0	0	0	4.64E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0730	Iodophanus	0	0	0	0	6.72E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0739	Saccharomycetales_fam_Incertae_sedis_unclassified	0	6.91E-06	0	0	1.01E-05	2.44E-06	5.94E-06	0	0	0	0	0	2.61E-06	0	1.60E-05	0
Otu0748	Crustomyces	0	0	0	0	0	0	0	4.64E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0758	Entoloma	0	0	0	0	0	0	0	0	4.72E-06	0	0	0	0	0	0	0
Otu0937	Marasmius	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.61E-06	0	0	0
Otu0961	Phaeomoniella	0	0	0	0	0	0	1.98E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu0964	Lepista	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.53E-06	0	0
Otu1135	Beltrania	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1138	Anthostomella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1149	Basidiomycota_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1150	Exobasidium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1351	Sistotrema	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.81E-06	0	0	0	0	0	0
Otu1353	Stagonospora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1354	Pseudorobillarda	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1357	Arthoniomycetes_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1359	Debaryomycetaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.19E-06	0
Otu1360	Neosetophoma	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.32E-05	0	0	0	0
Otu1363	Trapelia	0	0	0	3.06E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu1369	Coniosporium	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.81E-06	0	0	0	0	0	0
Otu1370	Onygenaceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.64E-06
Otu1371	Spiromastigoides	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.64E-06
Otu1387	Kazachstania	0	0	0	3.06E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu1389	Dothioraceae_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1390	Kluyveromyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.81E-06	0	0	0	5.53E-06	0	0
Otu1392	unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1394	Psathyrella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.64E-06
Otu1395	Polyporales_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu1452	Exobasidiomycetes_unclassified	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.64E-06
Otu1454	Lapidomyces	0	0	0	0	0	0	0	2.32E-06	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu1617	Magnusiomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5.53E-06	0	0
Otu1778	unclassified	0	0	0	0	3.36E-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otu1880	Pyrenochaeta	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0
Otu2015	Fellomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2.24E-06	0	0	0	0	0

Anexo 7. Artículo publicado – Revista: OENO One: Q1

IVES OENO One vine & wine

DOI: https://doi.org/10.20870/oeno-one.2024.58.4.8104

OPEN ACCESS

ORIGINAL RESEARCH ARTICLE

Characterisation of the metagenome of Peruvian Pisco grapes from Ica and Arequipa for the development of their regional identity

Raquel M. Sotomayor-Parian[1,*], Martin M. Soto-Cordova[2], Frank Guzmán Escudero[3], Mónica Arakaki[1,*]

[1] Facultad de Ciencias Biológicas & Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2] Facultad de Ingeniería Electrónica y Eléctrica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[3] Grupo de Investigación en Epidemiología y Diseminación de la Resistencia a Antimicrobianos - "One Health", Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

*correspondence:
rm.sotomayor.parian@gmail.com
marakakim@unmsm.edu.pe

Associate editor:
Antonio Morata

Received:
27 April 2024

Accepted:
5 September 2024

Published:
28 October 2024

This article is published under the **Creative Commons licence** (CC BY 4.0).

Use of all or part of the content of this article must mention the authors, the year of publication, the title, the name of the journal, the volume, the pages and the DOI in compliance with the information given above.

ABSTRACT

Pisco grapes and their associated microbiome are the fundamental inputs for the production of Pisco; thus, knowledge of the varietal and regional differences between microbiota is of high value due to contribute to the distinctiveness and quality of the Pisco. To this end, the metagenomics can be applied for an in-depth exploration of the berry microbiome. The aim of this work was to characterise the metagenome of Peruvian Pisco grapes from Ica and Arequipa, thereby contributing to their regional identities. Sixteen composite samples of berries from the protected designation of origin regions of Ica and Arequipa were analysed for both bacteria and fungi *via* massive sequencing. *Ralstonia, Gluconobacter, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium, Komagataeibacter* and some unclassified species from the Orbaceae family were identified as the predominant genera of bacteria, and *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps, Alternaria* and some unclassified species from the Saccharomycetales order or other orders within the Ascomycota division as the predominant fungi as well as its richness and diversity. As has been shown elsewhere in the literature regarding wine, we have proven here that the terroir of Pisco depends on the composition of the microbiome and is affected by edaphoclimatic factors and cultivation practices. These exploratory results will contribute to a better understanding of the terroir of Pisco, thus providing fundamental knowledge for its regional identity.

KEYWORDS: metagenome, Pisco grapes, terroir, regional identity, geographic areas, richness, biodiversity

INTRODUCTION

Grape cultivation is one of the most important fruit growing activities in Peru due to its extent, production value and crucial contribution to the national wine industry. Pisco grapes are highly appreciated since they constitute the main raw material for the production of the emblematic Peruvian beverage, Pisco.

Several studies have shown the composition of the microbial communities of fermenting grapes or musts to vary depending on the region of grape vine cultivation (Bokulich *et al.*, 2014; Compant *et al.*, 2019; Gao *et al.*, 2019; Belda *et al.*, 2017; Nanetti *et al.*, 2023). The reasons for these geographical differences are yet to be fully understood; however, some studies have shown that microbial populations found in musts may originate from the native environment surrounding the vineyard (Morrison-Whittle & Goddard, 2018; García-Izquierdo *et al.*, 2024), and others have found geographic differences between populations to be more evident for fungi than for bacteria (Miura *et al.*, 2017; Cachón *et al.*, 2019; Kioroglou *et al.*, 2019; Gobbi *et al.*, 2022). In this context, characterising the microbiota of the different Pisco varieties according to their regions of origin will contribute to defining their identities by revealing characteristics unique to each region.

The limitations that were identified when developing conventional microbiology and the need for rapid, precise and exhaustive descriptions of microbial populations led to the development of culture-independent techniques (Fabres *et al.*, 2017; Morrison-Whittle *et al.*, 2017). The use of massive or next-generation sequencing (NGS) technology has proven suitable for understanding the microbial communities of a complex sample without the need for prior culture, as well as fast, low in cost and accessible, with abundant and freely available data banks (Knief, 2014; Wang *et al.*, 2015; Barbero, 2017; Morgan *et al.*, 2017; Sanz Heras, 2018; Berbegal *et al.*, 2019; Fernandes *et al.*, 2023). Studies at this level contribute to knowledge regarding different aspects of the grape microbiome; for example, the characterisation of the metagenome in botrytised wine in order to explore the bacterial communities of wine fermentation to better understand its biodiversity (Bokulich *et al.*, 2012; Englezos *et al.*, 2022). Other studies have focused on the characterisation of grapevine microbiomes in relation to biotic and abiotic factors (Oyuela, 2019; Rivas *et al.*, 2021), as well as vineyard microbiome monitoring trials, using metagenomic data from vineyard soils and data on diseases to control microorganisms (Ghiță *et al.*, 2022).

There are a large number of studies that have used metagenomics for the analysis of microbial communities with a focus on wine grapes; for example, these studies aimed to characterise the microorganisms associated with vine diseases (Bubeck *et al.*, 2020), soil microorganisms that influence the microbiota of wine (Zarraonaindia *et al.*, 2015; Yang *et al.*, 2020; Zhou *et al.*, 2020), epiphytic microbiome in grape berries (Hall *et al.*, 2019; Ranade *et al.*, 2023), endophytic microbiome in wine grapes (Pacífico *et al.*, 2019), endophytic bacteria from wine grapes and their diversity (Aleynova *et al.*, 2023), fungal diversity in grape must (Mandakovic *et al.*, 2020; Martiniuk *et al.*, 2023), microbial diversity during wine fermentation (Pinto *et al.*, 2015; Shimizu *et al.*, 2023), and the influence of geographical

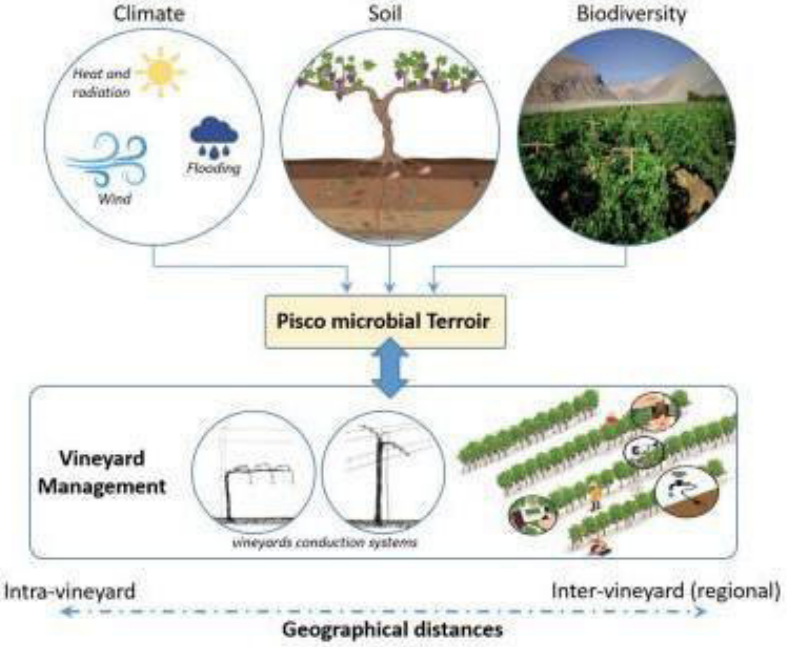


FIGURE 1. Interaction of the factors that contribute to the microbial terroir of Pisco in each vineyard [adapted from García-Izquierdo *et al.* (2024)].

patterns and agronomic management on bacterial diversity of grape (Vitulo *et al.*, 2019; Blanco *et al.*, 2024), among others. However, knowledge on Pisco grapes at the metagenomic level is still limited, therefore, NGS was the method of choice for the simultaneous detection of multiple microorganisms present in Pisco berries.

All the growing conditions associated with a given geographical location constitute the terroir, which plays a key role in the identity and valorisation of a product (Tonietto and Carbonneau, 2004; Cadot et al., 2012; Johnston-Monje *et al.*, 2023). Terroir is currently understood as being the result of complex interactions between climate, soil, topography, biodiversity, landscapes, biotic interactions and agricultural management (Belda *et al.*, 2020; Leal *et al.*, 2024; Onetto *et al.*, 2024), which defines microbial diversity. Geographical distance, whether between Pisco grape varieties (intra-vineyard) belonging to the same vineyard or between vineyards (inter-vineyard) in different Protected Designation of Origin (PDO) regions, is particularly important in the case of Pisco, because together with other factors such as climate, soil and biodiversity they describe the microbial patterns of a region (terroir) [Figure 1].

This work focuses on the characterisation of the metagenome of Pisco grapes from two important regions, Ica and Arequipa, in order to help develop their regional identities. To this end, the diversity and abundance of bacteria and fungi in eight varieties of Pisco grapes from both regions were determined (Figure 2).

MATERIALS AND METHODS

1. Details on vineyards

The vineyards from which the Pisco grape berries were sampled correspond to two regions of Peru with protected designation of origin for Pisco: Arequipa and Ica. In the Arequipa region, samples were taken from the Majes Tradición Vineyard (I): 16° 18' 00'' S, 72° 29' 42'' W, elevation: 618 masl; in the case of Ica, samples were obtained from the CITEagroindustrial Ica (II): 13° 59' 51'' S, 75° 46' 03'' W, elevation: 407 masl, and Vineyard Álvarez (III): 14° 01' 17'' S, 72° 44' 44'' W, elevation: 407 masl (Figure 2).

Pisco grapes of the eight existing varieties (Albilla, Italia, Mollar, Moscatel, Negra Criolla, Quebranta, Torontel and Uvina) were obtained from both regions Arequipa and Ica (Figure 3).

2. Sample collection

Sampling was carried out during the pre-harvest stage in February 2020 and at a minimum distance of 7 m from the edges of each plot on 9 plants in a 49 m² delimited quadrant. Samples were grouped in composites in order to have replicates by site (Oyuela, 2019) [Figure 4]. Berry samples were collected aseptically using flamed scissors and gloves. All samples were preserved in sterile bags, labelled with their respective nomenclature, and transported in a cold chain to the laboratory, keeping them –20 °C until DNA extraction was carried out.

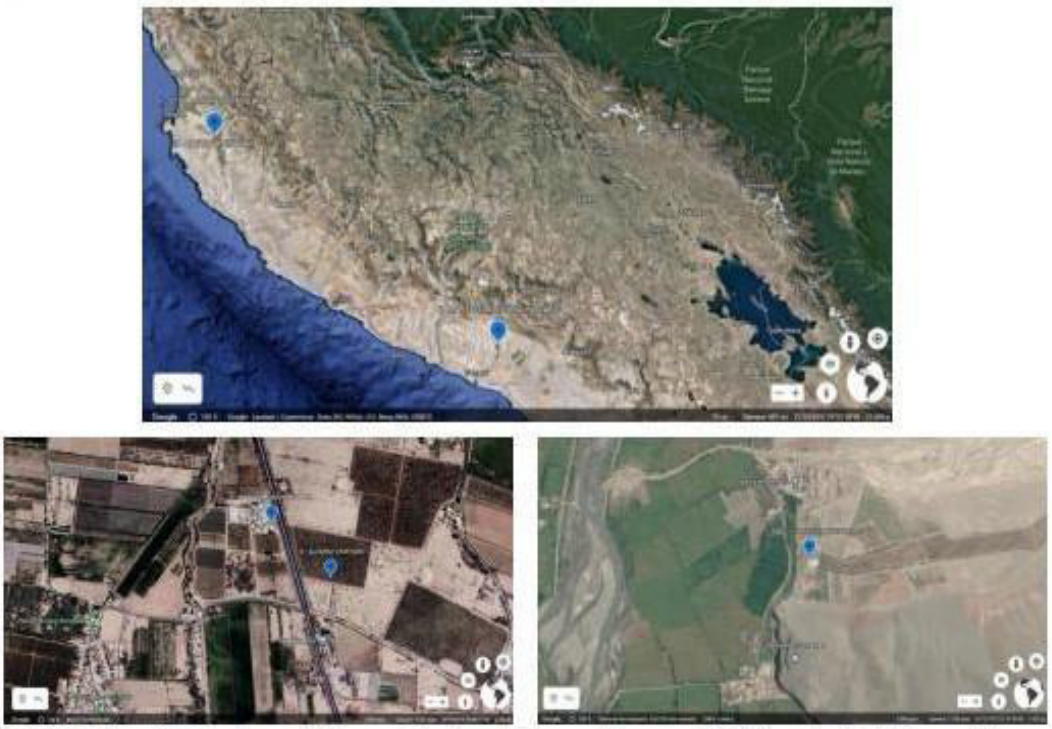


FIGURE 2. Sampling locations: A) Topographic view of the sampling area; B) CITEagroindustrial Ica and Vineyard Álvarez, Ica; and C) Majes Tradición Vineyard, Arequipa.

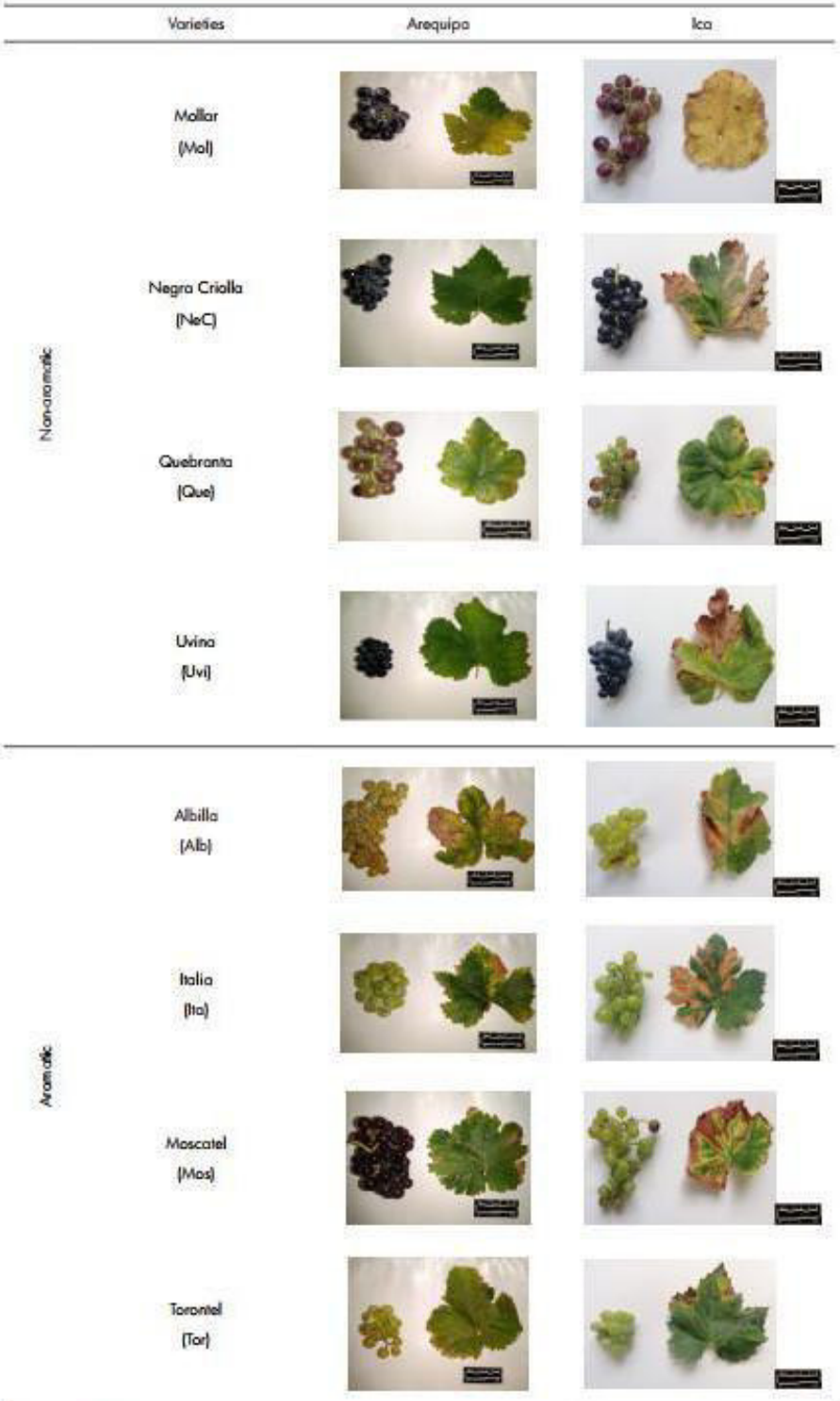


FIGURE 3. Berries and leaves of the eight varieties of Pisco grapes from Arequipa and Ica used in the present study. Non-aromatic: Mollar, Negra Criolla, Quebranta and Uvina. Aromatic: Albilla, Italia, Moscatel and Torontel.

3. DNA isolation

Berries were washed with distilled water, and then homogenised using a frozen mortar and pestle. Samples were transferred to 2 mL microvials for centrifugation at 4000 x g. The supernatant from individual samples was collected in 50 mL conical tubes then cold centrifuged. The resulting solutions were mixed for a final centrifugation and subsequent storage at –20 °C until DNA extraction, according to Oyuela (2019).

DNA was extracted using the CTAB protocol (Li *et al.*, 2013). The extracted DNA was qualified by means of 1.2 % agarose gel electrophoresis, run in TAE buffer and stained with GelRed, taking note of the degree of degradation of each sample. A dilution test was also performed to detect DNA supersaturation. Quantification was performed using a Qubit® 2.0 155 fluorometer (Thermo Fisher Scientific™) and NanoDrop spectrophotometer. To assess purity, the spectrophotometric absorbance ratios 260/280 nm and 260/230 nm were measured.

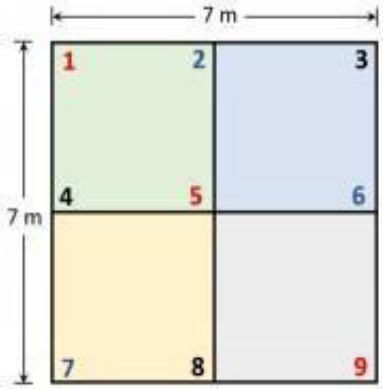


FIGURE 4. Design of berry sampling and grouping in composites (Adapted from Oyuela, 2019). Each point is a part of a composite sample that is homogenised and mixed to generate three biological replicates. Biological replicate A (red): generated by mixing points 1, 5 and 9; Biological replicate B (blue): generated by mixing points 2, 6 and 7; Biological replicate C (black): generated by mixing points 3, 4 and 8.

4. Sequencing of amplicons of bacteria (16S rRNA) and fungi (ITS region)

Massive sequencing was performed applying NGS of the V3-V4 variable region of the 16S rRNA gene as a marker of the prokaryotic community, and ITS1 (Internal Transcribed Spacer), located between the ribosomal genes 18S rRNA and 5.8S rRNA, as a marker of the fungal community (Oyuela, 2019; Aleynova *et al.*, 2023). Sixteen samples were processed (8 varieties of Pisco grapes from two geographic regions). The sequencing was developed in the MiSeq system by Gen Lab del Perú S.A.C.

5. Bioinformatic processing

Readings were demultiplexed with the bcl2fastq v.2.17.1.14 software (Illumina). Data processing and preliminary analyses were carried out *via* the MiSeq System using the MiSeq Reports (MSR) software (Illumina). The classification of organisms is based on the Greengenes database (https://greengenes.lbl.gov/). In the preliminary data, a cleaning and decontamination of the general data was carried out for both 16S and ITS in order to select the results of interest for the investigation.

6. Statistical Analyses

The alpha and beta diversity metrics were calculated using the R package phyloseq (McMurdie and Holmes, 2013). For both bacterial and fungal samples, three Alpha diversity metrics [Chao 1, Shannon and Simpson] (Tong-Lu *et al*, 2023) were evaluated.

To examine the multivariate relationships between the communities of fungi and bacteria associated with berries, the method of Multidimensional Non-Metric Scaling (NMDS) was used, choosing the Bray-Curtis distance (Bakker, 2024) to evaluate similarities and differences between microbial communities, according to the aromatic and non-aromatic Pisco grape varieties. The statistical analyses were performed using the free R software (R Core Team, 2022).

RESULTS

1. Microbial diversity in Pisco grape berries

The microbial diversity of 16 samples of Pisco grape berries from the two study areas (regions) Arequipa and Ica was analysed.

Relative abundance analyses (> 1) of bacterial and fungal genera identified in each Pisco variety were performed, grouped by study area (Figure 1). The similarities and differences with respect to abundance per variety were clearly visible, with the identification of genera of bacteria, such as *Ralstonia, Gluconobacter, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium* and *Komagataeibacter,* and some unclassified species from the Orbaceae family (Table 1 and Figure 5*)*.

Regarding the relative abundance of the fungal microbiota at the genus level, *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps* and *Alternaria,* as well as some unclassified species from the Saccharomycetales order and others within the Ascomycota division, were identified as those that stood out in terms of relative abundance (Table 3 and Figure 6). Among the genera, many others were reported as having percentages of less than 1 %.

2. Diversity and composition of the microbial communities of Pisco grape berries

To determine the relationship of the similarities and differences among microbial communities with the Pisco grape varieties, a Non-Metric Multidimensional Scaling (NMDS) analysis was performed (Figure 7) using the Bray-Curtis distance matrix. A relationship was there by observed between the structure of the community and aromatic/non-aromatic classification of the grape varieties: communities (graph points) of the aromatic ones are close to each other, regardless of whether they are from Arequipa or Ica.

TABLE 1. Percentages of predominant genera of bacteria in Pisco grape samples by study area.

Pisco grapes	Arequipa	Percentage (%)	Ica	Percentage (%)
Alb	*Tatumella*	40	Orbaceae_unclassified	37
	Gluconobacter	18	*Gluconobacter*	37
Ita	*Gluconobacter*	78	*Gluconobacter*	68
	Orbaceae_unclassified	6	Orbaceae_unclassified	17
Mol	*Ralstonia*	65	*Gluconobacter*	62
	Gluconobacter	6	Orbaceae_unclassified	26
Mos	*Gluconobacter*	60	*Ralstonia*	46
	Tatumella	27	*Bradyrhizobium*	13
NeC	*Gluconobacter*	43	*Ralstonia*	38
	Tatumella	22	*Bradyrhizobium*	15
Que	*Ralstonia*	44	*Ralstonia*	44
	Pantoea	30	*Bradyrhizobium*	12
Tor	*Gluconobacter*	71	*Ralstonia*	45
	Ralstonia	13	*Bradyrhizobium*	17
Uvi	*Gluconobacter*	27	*Ralstonia*	41
	Komagataeibacter	20	*Bradyrhizobium*	9

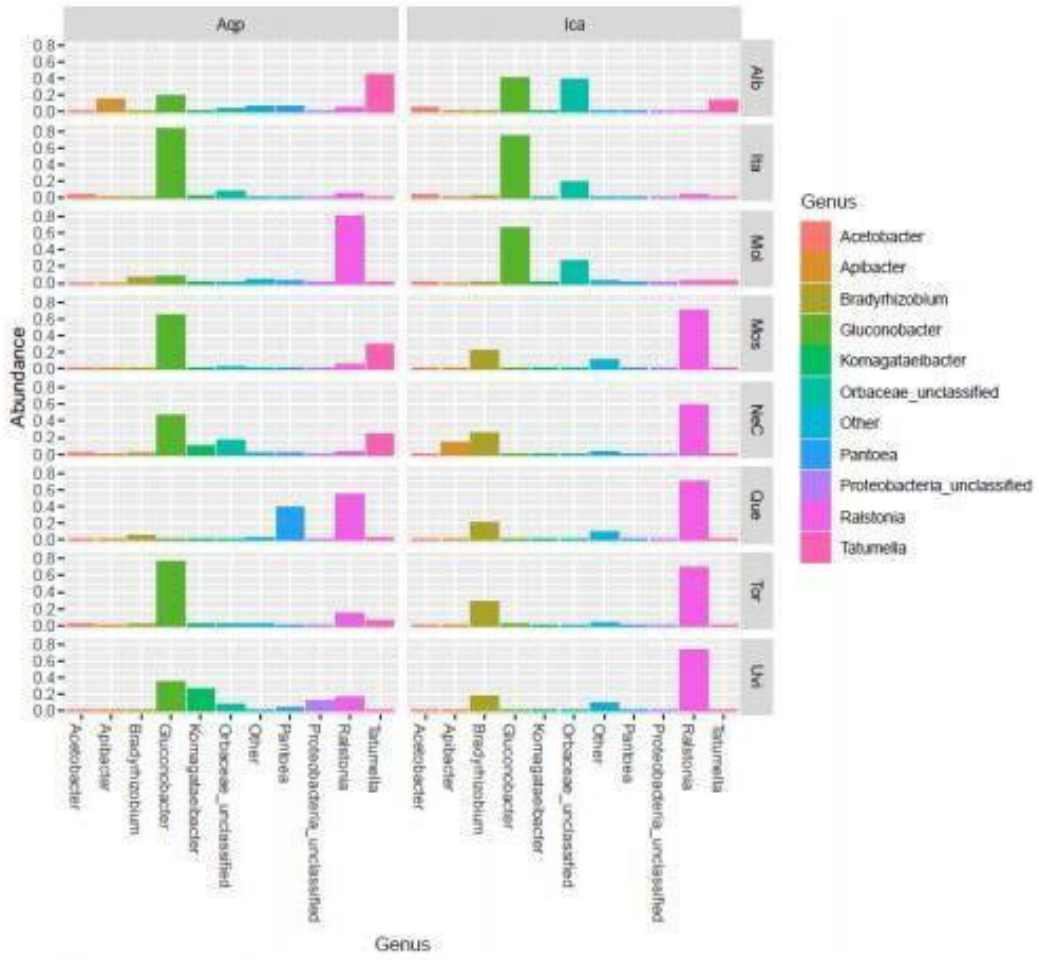


FIGURE 5. Distribution of the bacterial microbiota of berries at the genus level in the regions of Arequipa and Ica.

TABLE 2. Percentages of predominant genera of fungi in Pisco grape samples by study area.

Pisco grapes	Arequipa	Percentage (%)	Ica	Percentage (%)
Alb	*Starmerella*	24	*Starmerella*	50
	Ascomycota_unclassified	23	*Hanseniaspora*	18
Ita	*Starmerella*	60	*Pichia*	50
	Hanseniaspora	15	*Hanseniaspora*	24
Mol	*Cladosporium*	82	*Cladosporium*	68
	Alternaria	4	*Hanseniaspora*	9
Mos	*Cladosporium*	44	*Cladosporium*	83
	Ascomycota_unclassified	24	*Wallemia*	10
NeC	*Starmerella*	48	*Cladosporium*	88
	Hanseniaspora	22	*Claviceps*	4
Que	*Cladosporium*	92	*Cladosporium*	68
	Alternaria	1.3	*Wallemia*	19
Tor	*Cladosporium*	35	*Cladosporium*	75
	Hanseniaspora	24	Saccharomycetales_ unclassified	11
Uvi	*Starmerella*	42	*Cladosporium*	85
	Cladosporium	35	*Alternaria*	2

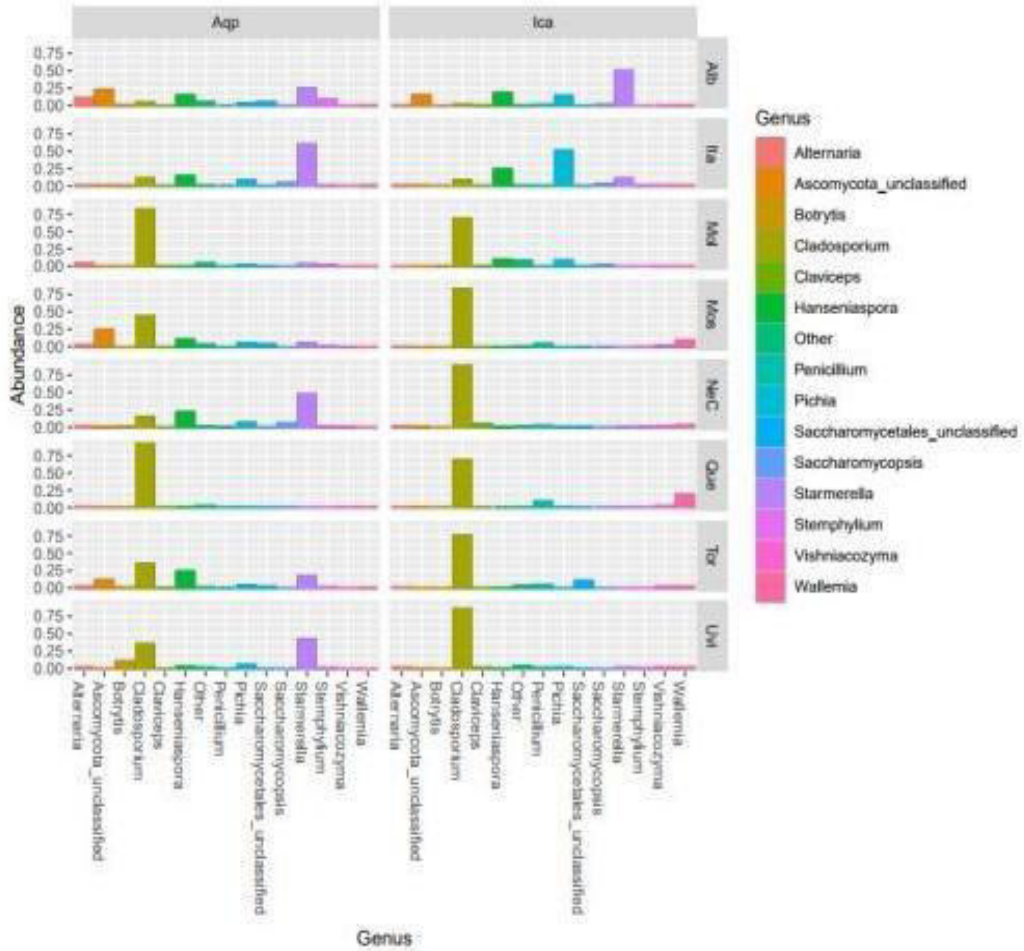


FIGURE 6. Distribution of the fungal microbiota of berries at the genus level in the regions of Arequipa and Ica.

The pattern is repeated in both bacteria (Figure 7A) and fungi (Figure 7B). Likewise, we observed that the communities of the non-aromatic Pisco grapes are more dispersed.

3. Richness and diversity of the microbiota of Pisco grape berries

To estimate the expected species richness of the tested samples, the Alpha Chao 1 index was calculated. In terms of bacteria (Figure 8), an important finding was that there were no significant differences between the Italia, Negra Criolla, Quebranta and Uvina varieties; *i.e.*, they contained similar microorganisms, which was not the case of the other four varieties. In terms of fungi (Figure 9), the Pisco grapes that did not show any significant differences were Albilla, Moscatel, Quebranta and Torontel, unlike the Italia, Mollar, Negra Criolla and Uvina varieties, which showed more heterogeneity.

Another index that measures diversity, richness and similarity is the Shannon index. For 16S bacteria (Figure 8), the index varied between 1.32 and 4. Results highlight that Pisco varieties from the Ica region are less diverse, whether aromatic or non-aromatic, and only some taxa are dominant. By contrast, in the Arequipa region, the distribution is more uniform and diverse. The Shannon index analysis of fungi – ITS (Figure 9) in grape berry samples varied between 0.70 and 2.02. Here, unlike the analysis in bacteria (from both Arequipa and Ica), the species richness and abundance had similar dispersions.

In addition, we applied the Simpson alpha diversity index. According to this index, the species diversity within the bacterial communities of the Pisco grape varieties in the Arequipa region were Torontel, Italia and Moscatel, while in the Ica region, the most representative varieties were Italia, Mollar and Albilla.

Likewise, at the fungal community level in the Arequipa region, the varieties with the greatest diversity according to the Simpson index were represented by Italia, Quebranta and Mollar, while in the Ica region, they were Negra Criolla, Uvina and Albilla.

4. Edaphoclimatic, geographical and cultivation practices that influence the identity of Pisco

We analysed the edaphoclimatic factors, biodiversity elements, cultivation practices and surrounding crops, among others (Table 3) that may play a role in defining the composition and diversity of the microbiome of Pisco grapes and the unique characteristics of Pisco from each region.

The microbiota identified in each region was not found to be dominated by any particular genus. However, there were interesting findings, such as the presence of *Chryseobacterium* (in the Arequipa vineyard), a bacteria typical of volcanic ash and *Wallemia* (in the coastal areas), a fungus with an affinity for saline soils (Table S1 and Table S2).

Regarding cultivation practices, fungicides are applied on white varieties, such as Albilla, Italia and Torontel, in the Majes Tradición Vineyard (Arequipa) but not in CITEagroindustrial Ica or the Álvarez Vineyard in Ica. In terms of surrounding vegetation, the vineyard in Arequipa is very close to slopes with wild vegetation characterised by desert plants, some of which are used as living fences; meanwhile, the samples

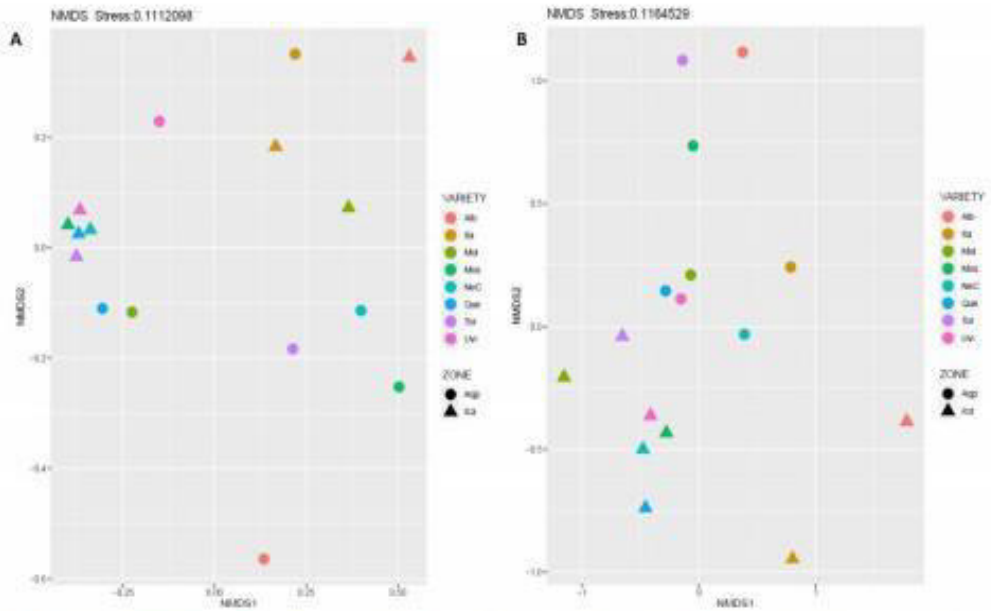


FIGURE 7. Non-metric multidimensional scale ordering (NMDS): A) Bacterial microbiota of berries at genera level; and B) fungal microbiota of berries at genera level in the Arequipa and Ica regions (aromatic and non-aromatic Pisco grapes).

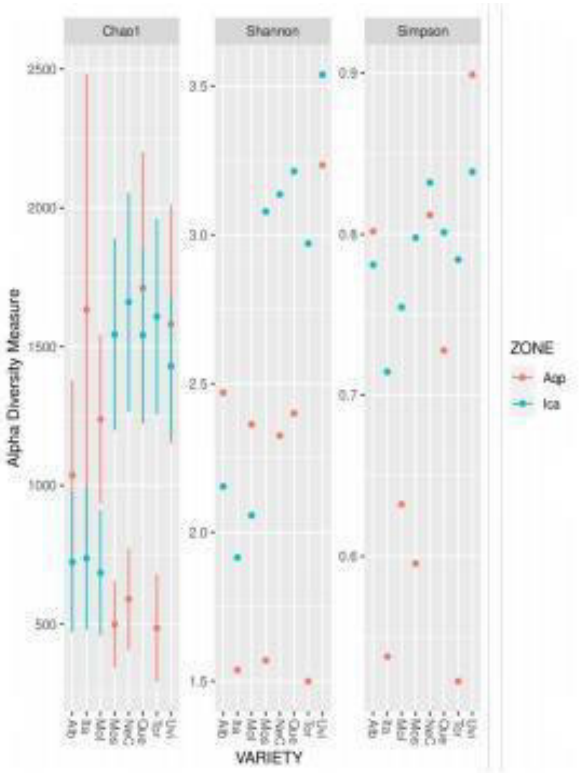


FIGURE 8. Richness and alpha diversity measurements of bacteria based on 16S sequences.

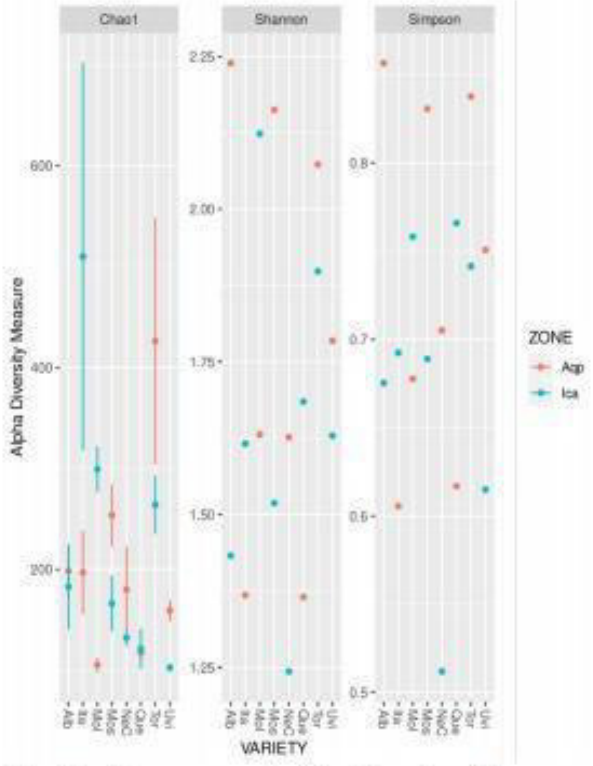


FIGURE 9. Richness and alpha diversity measurements of fungi based on ITS sequences.

TABLE 3. Edaphoclimatic and biodiversity elements, and cultivation practices characteristic of the study areas (vineyards).

Variable	Majes Tradición Vineyard–Arequipa	CITEagroindustrial Ica / Vineyard Álvarez–Ica
	Climate	
Temperature	29 °C	26 °C
Rainfall	0 mm	0 mm
Relative humidity	77 %	61 %
Elevation	618 masl	407 masl
	Soil	
pH	7.2	7.1
	Biodiversity	
Surrounding vegetation	Sparse vegetation due to the desert climate. Predominantly, families of *Portulacaceae* and *Chenopodiaceae*, grasses, aromo (as a living fence), among others.	*Neltuma pallida* "huarango" plantations, table grapes, mango trees and grasses.
Arthropods and birds	Mainly spiders, crickets and passerines (pigeons).	Mainly spiders, bees and *Mimus longicaudatus* "chaucatos".
	Vineyard management (cultivation practices)	
Phytosanitary applications	Micronised, "flowable sulphur" applications (1 or 2 applications per year). Application (as needed) of fungicides (azoles) only on white varieties. Foliar nitrogen, phosphorus, potassium fertilisers and microelements.	Sanitary application of sulfur to bunches and leaves. Foliar nitrogen, phosphorus and potassium fertilisers and microelements.
Conduction system	Parronal in triple T, formation pruning, production pruning.	Spanish pattern, galera iqueña, formation pruning, production pruning.
Irrigation system	Optimised drip irrigation.	Drip irrigation, gravity irrigation

from Ica are not surrounded by native vegetation, but by fruit trees and other crops. Furthermore, in both areas there are particular elements of biodiversity, like arthropods and birds, which also contribute to the microbial terroir.

Thus, all this detailed information regarding edaphoclimatic conditions, surrounding biodiversity and vineyard management allowed us to determine how these factors influence the microbial terroir of Pisco.

DISCUSSION

In recent years, many studies have shown the importance of better understanding the microbiota associated with grape berries for application in the wine industry, especially in terms of its contribution to the wine terroir (Zhang *et al.*, 2020). Unlike most studies that have worked on grapes for winemaking, the present study analysed the microbiota on Pisco grape berries, the main input in the production of Pisco.

This study has some limitations. Sample-collecting was carried out once a year (due to the natural harvest cycle). A sensory analysis was not carried out because once the berries are harvested they are subject to destemming, pressing, fermentation, distillation, resting and bottling, and thus at each stage the equipment, material, surfaces and the distillate itself will contribute to any differences in microbiota composition (Hall *et al.*, 2019; García-Izquierdo, 2024). Additionally, samples in the final stage were not taken for organoleptic evaluations due to the SARS-CoV-2 pandemic and associated difficulties, such as access to warehouses being partially restricted and changes to the usual time frame of the winemaking process itself, given the state of emergency at that time. If sensory analyses had been carried out by Pisco varieties, mainly at the distilled Pisco stage, they would have provided greater support for the conclusions of this work, as they would have revealed the influence of regional characteristics on the organoleptic properties of Pisco, thus complementing the determination of the Pisco terroir.

Nevertheless, this work represents a first step in describing the microbiota present in the eight Pisco varieties from the Arequipa and Ica regions, serving as preliminary findings that can be complemented with a sensory analysis to determine the aromatic profile of Pisco.

In the light of the fact that spontaneous (*i.e.*, not induced) fermentation is essential in the production of Pisco, specifically that involving non-*Saccharomyces* yeasts, this study reveals

key information on the microorganisms that contribute to the uniqueness of Pisco in the regions examined.

1. The distribution of microbial communities provides information on the microbiome of Pisco grapes varieties

The characterisation of microbial diversity using a metagenomic approach has highlighted the importance of microorganisms and their interactions (Fadiji and Babalola, 2020; Tronchoni *et al*., 2022), and hence their relevance to the wine industry to know the microbiome population in soil, grape, grape leaves, grape juice and wine (Wei *et al*., 2018). In this study, the microorganisms that colonise Pisco grape berries were identified, the most predominant bacterial genera being *Ralstonia, Gluconobacter, Pantoea, Tatumella, Bradyrhizobium, Komagataeibacter* and some unclassified species from the Orbaceae family These findings coincide with those of studies by Marsano *et al*. (2016), who characterised the microbiota associated with the winemaking process from the three wine varieties Cabernet, Negramaro and Primitivo: they found *Giliamella*, *Gluconobacter* and *Komagataeibacter* to be the dominant genera of bacteria present in the samples at the beginning of wine fermentation. Berbegal *et al*. (2019), identified, *via* NGS analysis, the genus *Gluconobacter* to be one of the main acetic acid bacteria in malolactic fermentations in wine, and in their research on the endophytic microbiome of *Vitis vinifera*, Campisano *et al*. (2014) detected the presence of the genera *Ralstonia, Burkholderia*, and *Pseudomonas* in all their samples of grapevine branches. In the present study, we also identified *Ralstonia* to be one of the dominant genera.

It is worth highlighting that in this study at the bacterial level the Orbaceae family was identified as dominant under the denomination 'unclassified', indicating that there is not enough preliminary information from other studies carried out on berries. However, this family has been reported in fermented samples of grapes in a study by Shi *et al*. (2022), who found it highly relevant, because it showed a positive correlation with the aromas of these distillates.

Meanwhile, the most abundant fungal microorganisms at the genus level identified in the present study were *Cladosporium, Starmerella, Pichia, Hanseniaspora, Wallemia, Claviceps* and *Alternaria,* which are similar to those identified in a study carried out by Hall *et al*. (2019); in research on the epiphytic microbiota of grapes with acid rot, these authors recorded yeasts such as *Candida, Hanseniaspora, Pichia* and *Saccharomyces* in greater abundance, which shows the etiological role they play in diseases such as acid rot. Additionally, the study by Pinto *et al*. (2015) identified filamentous fungi (moulds) in the initial fermentation of musts, such as *Alternaria, Aspergillus, Botrytis, Cladosporium, Penicillium* and *Rhizopus*, which are undesirable due to their impact on the quality of the wine; of these reported genera, two of them were identified in this work: *Cladosporium* and *Alternaria*–although the latter in a lower percentage, but still of concern at the time of distillate production. In addition to *Cladosporium* and *Hanseniaspora,* Bokulich *et al*. (2014) and Wei *et al*. (2022) have reported that other functionally related genera to be part of the wine microbiome; both these studies used wine grape musts and NGS analysis.

Using samples taken from the fermentation stage, Onetto *et al*. (2024) found *Aureobasidium, Cladosporium, Saccharomyces, Hanseniaspora* and *Metschnikowia* to be the dominant genera at the fungal level, unlike the results of our study on grape berries, which revealed the predominant genera to be different, except for genus *Hanseniaspora* (identified as the fourth predominant genus). Onetto *et al*. (2024) used musts which were at the beginning of fermentation, while our study used recently harvested grapes, thus confirming *Hanseniaspora* to be an oxidative, sensitive and oxygen-habitant yeast, but with the potential to be used in the sensory profile of distillates, influencing the quality of the final product (Stefanini and Cavalieri, 2018; van Wyk *et al*., 2023). In addition, according to a study by Leal *et al*. (2024), the most representative genera of the fungal microbiome were *Phaeomoniella, Devriesia, Fusarium, Diplodia* and *Alternaria*, showing differences with this study; this is mainly due to the fact that the samples analysed by Leal and colleagues were at the level of the bark of the vine trunk and sampled in two seasons over two years, thus confirming how fungal microorganisms vary in their predominance in each part of the vine.

2. Contrasting the richness and diversity of the microbiota in the different varieties of Pisco grapes

This being the first study of this kind performed on Pisco, we discuss the richness and diversity of the microbiota in the light of similar analyses that have been performed on wine grapes.

The results of the Alpha Chao 1 bacterial diversity show Pisco grape varieties Mollar, Albilla, Moscatel and Torontel to have the highest richness. The results for the alpha diversity of fungi show the Italia, Mollar, Negra Criolla and Uvina varieties to have the highest richness and diversity. Liu *et al*. (2019) analysed the richness and diversity of nine varieties of wine grape berries: Chardonnay (Cha), Riesling (Rie), Pinot noir (Pin), Gem (Gem), Cabernet-Sauvignon (Cab), Zinfandel (Zin), Longan (Lon), Syrah (Syr) and Riesling (Rie), of which the Chardonay variety showed the highest richness in bacterial communities, and the Longan variety the highest richness in fungal communities.

The Shannon index indicates that the Pisco grape varieties of the Ica region are bacterially less diverse (*i.e*., few taxa cover most individuals) than the Pisco grape varieties in Arequipa, on which the distribution of bacterial communities is more uniform and diverse. Meanwhile, the Shannon index indicates that both regions have similar dispersion in the richness and abundance of fungal species. For comparison, Zhang *et al*. (2020), who studied samples of wine grape leaves, reported the Syrah variety to have the highest diversity of bacterial communities, and the Longan variety the highest diversity of fungal communities. This thus highlights the importance of the Shannon index for measuring microbial richness in these kinds of studies.

Furthermore, according to the Simpson index for the analysis of bacterial communities in the present study, the Pisco grape varieties with the highest diversity of species in the Arequipa

region were Torontel, Italia and Moscatel, and in the Ica region, Italia, Mollar and Albilla. In turn, at the fungi level, the varieties with the highest species diversity recorded were Italia, Quebranta and Mollar for Arequipa and Italia, Mollar and Albilla for Ica. This index shows the tendency to be smaller when the community is more diverse, which is also demonstrated, when using the Simpson index for wine grapes, Wei et al. (2023) found that Fengzao grape was more diverse than the Kyoho grape, and that the fruit had the highest diversity of microbial species in comparison to the stem and leaf.

3. Influence of edaphoclimatic, geographical and cultivation practices on the regional identity of the Pisco terroir

The terroir is closely linked to the regional identity of a wine or distillate, and is therefore important in the Pisco and distillate industry. In this context, edaphoclimatic factors, biodiversity elements and cultivation practices in each region condition the microbial populations that will be associated with the production of Pisco. This study took into account data on temperature, precipitation, relative humidity, altitude and soil pH, as well as cultivation practices related to phytosanitary applications, conduction and irrigation systems; all of these factors affect the microbiota identified in the Pisco grape berries, whether from Arequipa or Ica. Zarraonanindia *et al.* (2015) addressed in detail the critical factors determining vine terroir, such as soil pH, soil carbon and the carbon–nitrogen relationship, since most of the microbial taxa associated with the grape came from the soil and showed specificity for the local vineyard analysed. Another study that demonstrates the relevance of environmental conditions is that of Karagöz *et al.* (2012), who consider soil pH to be a determinant of bacterial communities and their interaction with the plant. The interaction of environmental factors, such as topography, climate, soil properties, cultivars and agricultural management, affects soil microbial communities, have also been reported (Burns *et al.*, 2015; Mezzasalma *et al.*, 2018; Rivas *et al.*, 2021; Cruz-Silva *et al.*, 2023).

Given that the microbial assembly function is inherently difficult to measure and define due to its highly changing nature (Nannipieri *et al.*, 2003; Lazcano et al., 2020), complementary research is required to correlate the identified taxa of oenological importance with different sensory patterns or physicochemical tests in order to better define the Pisco terroir; this would, for instance, contribute to a higher quality wine and thus fulfill consumer expectations (Belda *et al*, 2017; Hervé, 2020). There is also a need for carrying out individual evaluations of microbiotas in order to determine to what extent and with what stability they could preserve the regionality of Pisco profiles over time.

CONCLUSION

This study characterised for the first time the microbial communities present in the eight varieties of Pisco grapes from two PDO regions of Peru: Ica and Arequipa. The predominant genera in the bacterial communities were *Ralstonia*, *Gluconobacter*, *Pantoea*, *Tatumella*, *Bradyrhizobium*, *Komagataeibacter,* and some unclassified species in the Orbaceae family. In the fungal communities, the predominant genera were *Cladosporium*, *Starmerella*, *Pichia*, *Hanseniaspora*, *Wallemia*, *Claviceps*, *Alternaria* and some unclassified species in the order Saccharomycetales and within the division of Ascomycota. Edaphoclimatic factors and cultivation practices seem to have a major effect on microbial populations in the vineyards, even more than varietal or aromatic/non-aromatic classifications. These results are an important starting point, since all eight varieties of authorised Pisco grapes have been evaluated, providing fundamental information for both grape growers and Pisco or wine makers.

Future research will focus on A) examining correlations between edaphoclimatic factors and cultivation practices and the sensory components of Pisco for a complete characterisation of the Pisco microbial terroir, B) the microbial characterisation of Pisco grapes from the three other PDO regions (Lima, Moquegua, Tacna), and C) classifying the significant number of unidentified microorganisms that were observed here; this will soon be made possible as a result of the constant updating of reference molecular databases.

Peru has five PDO regions for Pisco, and that strictly follow procedures set out in the Pisco PDO Regulations, which are administered by the Pisco Regulatory Council; these include the Peruvian Technical Standard NTP 211.001: 2006 on the use of Pisco varieties and their processing from harvest to storage (NTP 212.033, 2007). In this study, we have highlighted the significance of the regional identity of Pisco for the Pisco industry, and sought to show how the identified microbial communities are key players in the development of the Pisco microbial terroir. As a consequence, various complementary lines of research are warranted, such as a study of the first stages of fermentation, during which microbiota, especially the non-*Saccharomyces*, play a very important role in conferring a fermentative aromatic profile, which together with the contribution of varietal aromas, can more consistently reinforce the concept of the Pisco "aromatic footprint".

Applying metagenomics can help understand the phytopathogenic and oenological importance of microbiota in Pisco grape berries to improve the quality of the Pisco distillate and increase recognition of its terroir (unique footprint) in each region.

ACKNOWLEDGEMENTS

We thank the directors and staff of CITEagroindustrial Ica, Vineyard Álvarez (Ica), and Majes Tradición Vineyeard (Arequipa), for access to the sampling sites and providing essential biological material and logistic support. We are particularly grateful to Dr. Hanna Cáceres and Eng. Alejandro Ponce from CITEagroindustrial Ica, Mrs. Mirtha Álvarez from Álvarez Vineyard, and Eng. Marcos Zúñiga from Majes Tradición Vineyard for sharing their knowledge on Pisco and Pisco grapes.

Funding was provided by Gen Lab del Perú S.A.C. through their Gen Lab Incentive Programme 2019.

The authors also thank Oksana Huerta for her assistance during sample collection, Y. Pamela Aroni, Elmer Ramos and Fiorella Chávez for their help in the laboratory, Guillermo Trujillo for the support on sequencing and data analyses and Dr. Kenneth Young for his writing review of the article.

REFERENCES

Aleynova, O. A., Nityagovsky, N. N., Ananev, A. A., Suprun, A. R., Ogneva, Z. V., Dneprovskaya, A. A., Beresh, A.A., Dubrovina, A. S., Chebukin, P.A. & Kiselev, K. V. (2023). Bacterial and fungal endophytes of grapevine cultivars growing in Primorsky Krai of Russia. *Horticulturae*, *9*(12), 1257. https://doi.org/10.3390/horticulturae9121257

Bakker, J. D. (2024). Applied multivariate statistics in R. University of Washington. https://uw.pressbooks.pub/appliedmultivariatestatistics/chapter/nmds/

Barbero, A. D. (2017). Aportaciones de las Nuevas técnicas moleculares metagenómica y qPCR a la vitivinicultura [Bachelor thesis, University of Valladolid]. https://uvadoc.uva.es/handle/10324/26523

Belda, I., Gobbi, A., Ruiz, J., de Celis, M., Ortiz-Álvarez, R., Acedo, A., & Santos, A. (2020). Microbiomics to define wine terroir. Elsevier: Comprehensive *Foodomics*, *3*, 438-451. https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.22875-8

Belda, I., Zarraonaindia, I., Perisin, M., Palacios, A. & Acedo, A. (2017). From vineyard soil to wine fermentation: microbiome approximations to explain the "terroir" concept. *Frontiers in Microbiology*, *8*, 247040. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00821

Berbegal, C., Borruso, L., Fragasso, M., Tufariello, M., Russo, P., Brusetti, L., Spano, G., & Capozzi, V. A. (2019). Metagenomic-based approach for the characterization of bacterial diversity associated with spontaneous malolactic fermentations in wine. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(16), 3980. https://doi.org/10.3390/ijms20163980

Blanco, P., Rodríguez, I., Fernández-Fernández, V., Ramil, M., Castrillo, D., Acín-Albiac, M., Adamo, I., Fernández-Trujillo, C., García-Jiménez, B., Acedo, A., Calvo-Portela, N., Parente-Sendín, A., Acemel-Míguez, I., & Alonso-Vega, F. (2024). Physicochemical properties and microbiome of vineyard soils from DOP Ribeiro (NW Spain) are influenced by agricultural management. *Microorganisms*, *12*(3), 595. https://doi.org/10.3390/microorganisms12030595

Bokulich, N. A., Collins, T. S., Masarweh, C., Allen, G., Heymann, H., Ebeler, S. E., & Mills, D. A. (2016). Associations among wine grape microbiome, metabolome, and fermentation behavior suggest microbial contribution to regional wine characteristics. *MBio*, *7*(3), e00631-16. https://doi.org/10.1128/mBio.00631-16

Bokulich, N. A., Joseph, C. L., Allen, G., Benson, A. K., & Mills, D. A. (2012). Next-generation sequencing reveals significant bacterial diversity of botrytized wine. *PloS one*, *7*(5), e36357. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0036357

Bubeck, A. M., Preiss, L., Jung, A., Dörner, E., Podlesny, D., Kulis, M., Maddox, C., Arze, C., Zörb, C., Merkt, N., & Fricke, W. F. (2020). Bacterial microbiota diversity and composition in red and white wines correlate with plant-derived DNA contributions and botrytis infection. *Scientific reports*, *10*(1), 13828. https://doi.org/10.1038/s41598-020-70535-8

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/10.1038/ismej.2015.18

Cachón, D. C., Crego, E. R., González, N. N., & Camba, P. B. (2019). Yeast diversity on grapes from Galicia, NW Spain: biogeographical patterns and the influence of the farming system. *OENO One*, *53*(3). https://doi.org/10.20870/oeno-one.2019.53.3.2379

Cadot, Y., Caillé, S., Thiollet-Scholtus, M., Samson, A., Barbeau, G., & Cheynier, V. (2012). Characterisation of typicality for wines related to terroir by conceptual and by perceptual representations. An application to red wines from the Loire Valley. *Food Quality and Preference*, *24*, 48-58. https://doi.org/10.1016/j.foodqual.2011.08.012

Campisano, A., Antonielli, L., Pancher, M., Yousaf, S., Pindo, M., & Pertot, I. (2014). Bacterial endophytic communities in the grapevine depend on pest management. *PLoS ONE*, *9*(11), e112763. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112763

Compant, S., Samad, A., Faist, H., & Sessitsch, A. (2019). A review on the plant microbiome: Ecology, functions, and emerging trends in microbial application. *Journal of Advanced Research*, *19*, 29-37. https://doi.org/10.1016/j.jare.2019.03.004

Cruz-Silva, A., Laureano, G., Pereira, M., Dias, R., Silva, J. M. D., Oliveira, N., Gouveia, C., Cruz, C., Gama-Carvalho, M., Alagna, F., Duarte, B., & Figueiredo, A. (2023). A new perspective for vineyard terroir identity: Looking for microbial indicator species by long read nanopore sequencing. *Microorganisms*, *11*(3), 672. https://doi.org/10.3390/microorganisms11030672

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

Fabres, P. J., Collins, C., Cavagnaro, T. R., & Rodríguez López, C. M. (2017). A concise review on multi-omics data integration for terroir analysis in Vitis vinifera. *Frontiers in Plant Science*, *8*, 259101. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01065

Fadiji, A. E., & Babalola, O. O. (2020). Metagenomics methods for the study of plant-associated microbial communities: a review. *Journal of Microbiological Methods*, *170*, 105860. https://doi.org/10.1016/j.mimet.2020.105860

Fernandes, P., Afonso, I. M., Pereira, J., Rocha, R., & Rodrigues, A. S. (2023). Epiphitic microbiome of Alvarinho wine grapes from different geographic regions in Portugal. *Biology*, *12*(2), 146. https://doi.org/10.3390/biology12020146

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

García-Izquierdo, L., Colino-Rabanal, V. J., Tamame, M., & Rodríguez-López, F. (2024). Microbiota Ecosystem Services in Vineyards and Wine: A Review. *Agronomy*, *14*(1), 131. https://doi.org/10.3390/agronomy14010131

Ghiță, S., Hnatiuc, M., Ranca, A., Artem, V., & Ciocan, M. A. (2022). Studies on the short-term effects of the cease of pesticides use on vineyard microbiome. *IntechOpen*. https://doi.org/10.5772/intechopen.105706

Gobbi, A., Acedo, A., Imam, N., Santini, R. G., Ortiz-Álvarez, R., Ellegaard-Jensen, L., Belda, I., & Hansen, L. H. (2022). A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs. *Communications Biology*, *5*(1), 241. https://doi.org/10.1038/s42003-022-03202-5

Hall, M. E., O'Bryon, I. G., Wilcox, W. F., Osier, M. V., & Cadle-Davidson, L. (2019). Epiphytic microbiome of grapes berries varies between phenological timepoints, growing seasons and regions. *BioRxiv*, *12*. https://doi.org/10.1101/2019.12.20.884502

Hervé, A. (2020). Wine yeast terroir: Separating the wheat from the chaff-for an open debate. *Microorganisms*, *8*(5), 787. https://doi.org/10.3390/microorganisms8050787

Johnston-Monje, D., Vergara, L. I., Lopez-Mejia, J., & White, J. F. (2023). Plant microbiomes as contributors to agricultural terroir. *Frontiers in Agronomy*, *5*, 1216520. https://doi.org/10.3389/fagro.2023.1216520

Karagöz, K., Ateş, F., Karagöz, H., Kotan, R., & Çakmakçı, R. (2012). Characterization of plant growth-promoting traits of bacteria isolated from the rhizosphere of grapevine grown in alkaline and acidic soils. *European Journal of Soil Biology*, *50*, 144-150. https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2012.01.007

Kioroglou, D., Kraeva-Deloire, E., Schmidtke, L. M., Mas, A., & Portillo, M. C. (2019). Geographical origin has a greater impact on grape berry fungal community than grape variety and maturation state. *Microorganisms*, *7*(12), 669. https://doi.org/10.3390/microorganisms7120669

Knief, C. (2014). Analysis of plant microbe interactions in the era of next generation sequencing technologies. *Frontiers in Plant Science*, *5*, 1-23. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00216

Lazcano, C., Decock, C., & Wilson, S. G. (2020). Defining and managing for healthy vineyard soils, intersections with the concept of terroir. *Frontiers in Environmental Science*, *8*, 68. https://doi.org/10.3389/fenvs.2020.00068

Leal, C. M., Geiger, A., Molnár, A., Váczy, K. Z., Kgobe, G., Zsófi, Z., & Geml, J. (2024). Disentangling the effects of terroir, season, and vintage on the grapevine fungal pathobiome. *Frontiers in Microbiology*, *14*, 1322559. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1322559

Li, J., Wang, S., Yu, J., Wang, L., & Zhou, S. (2013). A modified CTAB protocol for plant DNA extraction. *Chinese Bulletin of Botany*, *48*(1): 72-78. https://www.chinbullbotany.com/CN/10.3724/SP.J.1259.2013.00072

Liu, D., Zhang, P., Chen, D., & Howell, K. S. (2019). From the vineyard to the winery: how microbial ecology drives regional distinctiveness of wine. *Frontiers in Microbiology*, *10*, 2679. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02679

Mandakovic, D., Pulgar, R., Maldonado, J., Mardones, W., González, M., Cubillos, F. A., & Cambiazo, V. (2020). Fungal diversity analysis of grape musts from central valley-chile and characterization of potential new starter cultures. *Microorganisms*, *8*(6), 956. https://doi.org/10.3390/microorganisms8060956

Martiniuk, J. T., Hamilton, J., Dodsworth, T., & Measday, V. (2023). Grape-associated fungal community patterns persist from berry to wine on a fine geographical scale. *FEMS Yeast Research*, *23*, foac067. https://doi.org/10.1093/femsyr/foac067

Marzano, M., Fosso, B., Manzari, C., Grieco, F., Intranuovo, M., Cozzi, G., Mulè, G., Scioscia, G., Valiente, G., Tullo, A., Sbisà, E., Pesole, G., & Santamaria, M. (2016). Complexity and dynamics of the winemaking bacterial communities in berries, musts, and wines from Apulian grape cultivars through time and space. *PLoS ONE 11*(6), e0157383. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157383

McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS ONE*, *8*(4), e61217. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217

Mezzasalma, V., Sandionigi, A., Guzzetti, L., Galimberti, A., Grando, M. S., Tardaguila, J., & Labra, M. (2018). Geographical and cultivar features differentiate grape microbiota in Northern Italy and Spain vineyards. *Frontiers in Microbiology*, 9, 365832. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00946

Miura, T., Sánchez, R., Castañeda, L. E., Godoy, K., & Barbosa, O. (2017). Is microbial terroir related to geographic distance between vineyards?. *Environmental Microbiology Reports*, *9*(6), 742-749. https://doi.org/10.1111/1758-2229.12589

Morgan, H. H., du Toit, M., & Setati, M. E. (2017). The grapevine and wine microbiome: Insights from high-throughput amplicon sequencing. *Frontiers in Microbiology*, *8*, 820. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00820

Morrison-Whittle, P., Lee, S. A., & Goddard, M. R. (2017). Fungal communities are differentially affected by conventional and biodynamic agricultural management approaches in vineyard ecosystems. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, *246*, 306-313. https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.05.022

Morrison-Whittle, P., & Goddard, M. R. (2018). From vineyard to winery: a source map of microbial diversity driving wine fermentation. *Environmental Microbiology*, *20*(1), 75-84. https://doi.org/10.1111/1462-2920.13960

Nanetti, E., Palladino, G., Scicchitano, D., Trapella, G., Cinti, N., Fabbrini, M., Cozzi, A., Accetta, G., Tassini, C., Iannaccone, L., Candela, M., & Rampelli, S. (2023). Composition and biodiversity of soil and root-associated microbiome in Vitis vinifera cultivar Lambrusco distinguish the microbial terroir of the Lambrusco DOC protected designation of origin area on a local scale. *Frontiers in Microbiology*, *14*, 1108036. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1108036

Nannipieri, P., Ascher, J., Ceccherini, M. T., Landi, L., Pietramellara, G. & Renella, G. (2003). Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, *54*, 655-670. https://doi.org/10.1046/j.1351-0754.2003.0556.x

NTP 212.033. (2007). Bebidas Alcohólicas Vitivinícolas. Pisco. Buenas Prácticas de elaboración de Pisco. INDECOPI.

Onetto, C. A., Ward, C. M., Van Den Heuvel, S., Hale, L., Cuijvers, K., & Borneman, A. R. (2024). Temporal and spatial dynamics within the fungal microbiome of grape fermentation. *BioRxiv*, *1* https://doi.org/10.1101/2024.01.15.574562

Oyuela, M. M. (2019). Análisis de la microbiota de la vid de distintas regiones vitivinícolas y sus propiedades promotoras del crecimiento vegetal [Doctoral dissertation, Universidad Nacional de La Plata]. https://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/76354

Pacifico, D., Squartini, A., Crucitti, D., Barizza, E., Lo Schiavo, F., Muresu, R., & Zottini, M. (2019). The role of the endophytic microbiome in the grapevine response to environmental triggers. *Frontiers in Plant Science*, *10*, 1256. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01256

Pinto, C., Pinho, D., Cardoso, R., Custódio, V., Fernandes, J., Sousa, S. & Gomes, A. C. (2015). Wine fermentation microbiome: a landscape from different Portuguese wine appellations. *Frontiers in Microbiology*, *6*, 905. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00905

R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing.

Ranade, Y., Pathak, P., Chandrashekar, M., & Saha, S. (2023). Diversity Analysis of Culturable Epiphytic Microbial Consortia of Table Grape Berry Surface. *Food Biotechnology*, *37*(1), 54-73. https://doi.org/10.1080/08905436.2022.2163402

Rivas, G. A., Guillade, A. C., Semorile, L. C., & Delfederico, L. (2021). Influence of climate on soil and wine bacterial diversity on a vineyard in a non-traditional wine region in Argentina. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 726384. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.726384

Sanz Heras, S. (2018). Identification and characterization of wine spoilage microorganisms in wineries: review of applications of new molecular techniques. [Degree thesis, University of Valladolid]. https://uvadoc.uva.es/handle/10324/31871

Shi, X., Liu, Y., Ma, Q., Wang, J., Luo, J., Suo, R., & Sun, J. (2022). Effects of low temperature on the dynamics of volatile compounds and their correlation with the microbial succession during the fermentation of Longyan wine. *LWT*, *154*, 112661. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.112661

Shimizu, H., Kamada, A., Koyama, K., Iwashita, K., & Goto-Yamamoto, N. (2023). Yeast diversity during the spontaneous fermentation of wine with only the microbiota on grapes cultivated in Japan. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, *136*(1), 35-43. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2023.03.013

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*, 346237. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00991

Tong-Lu, W., Zheng, Y. P., Wang, Z. H., Shang, Y. X., Pei, M. S., Liu, H. N., Yu, Y. H., Shi, Q, F., Jiang, D. M., & Guo, D. L. (2023). Comparative microbiome analysis reveals the variation in microbial communities between 'Kyoho' grape and its bud mutant variety. *Plos one*, *18*(8), e0290853. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0290853

Tonietto, J., & Carbonneau, A. (2004). A multicriteria climatic classification system for grape-growing regions worldwide. *Agricultural and Forest Meteorology*, *124*(1-2), 81-97. https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2003.06.001

Tronchoni, J., Setati, M. E., Fracassetti, D., Valdetara, F., Maghradze, D., Foschino, R., Curiel, J. A., Morales, P., Gonzalez, R., Vigentini, I., & Bauer, F. F. (2022). Identifying the main drivers in microbial diversity for cabernet sauvignon cultivars from Europe to South Africa: Evidence for a cultivar-specific microbial fingerprint. *Journal of Fungi*, *8*(10), 1034. https://doi.org/10.3390/jof8101034

van Wyk, N., Badura, J., von Wallbrunn, C., & Pretorius, I. S. (2023). Exploring future applications of the apiculate yeast *Hanseniaspora*. *Critical Reviews in Biotechnology*, *44*(1), 100-119. https://doi.org/10.1080/07388551.2022.2136565

Vitulo, N., José, W., Lemos, F., Calgaro, M., Confalone, M., Felis, G. E., & Nardi, T. (2019). Bark and grape microbiome of Vitis vinifera: Influence of geographic patterns and agronomic management on bacterial diversity. *Frontiers in Microbiology*, *9*, 1-12. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03203

Wang, C., García-Fernández, D., Mas, A., & Esteve-Zarzoso, B. (2015). Fungal diversity in grape must and wine fermentation assessed by massive sequencing, quantitative PCR and DGGE. *Frontiers in microbiology*, *6*, 1156. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01156

Wei, R. T., Chen, N., Ding, Y. T., Wang, L., Liu, Y. H., Gao, F. F., Zhang L., Li, H., & Wang, H. (2022). Correlations between microbiota with physicochemical properties and volatile compounds during the spontaneous fermentation of Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) wine. *LWT*, *163*, 113529. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2022.113529

Wei, T. L., Zheng, Y. P., Wang, Z. H., Shang, Y. X., Pei, M. S., Liu, H. N., Yu, Y. H., Shi, Q. F., Jiang, D. M., & Guo, D. L. (2023). Comparative microbiome analysis reveals the variation in microbial communities between 'Kyoho'grape and its bud mutant variety. *PLoS ONE*, *18*(8), e0290853. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0290853

Wei, Y. J, Wu, Y., Yan, Y. Z, Zou, W., Xue, J., Ma, W. R, Wang, W., Tian, G., & Wang, L.Y. (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

Yang, Z., Sun, B., Zhang, S., Bao, L., Wei, Y., Li, Z., & Bai, Z. (2020). Grape cultivar features differentiate the grape rhizosphere of microbiota. *Plants*, *11*(9), 1111. https://doi.org/10.21203/rs.2.21632/v1

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), 10-1128. https://doi.org/10.1128/mBio.02527-14

Zhang, S., Wang, Y., Chen, X., Cui, B., Bai, Z., & Guoqiang Zhuang. (2020). Variety features differentiate microbiota in the grape leaves. *Canadian Journal of Microbiology*, *66*(11), 653-663. https://doi.org/10.1139/cjm-2019-0551

Zhou, J., Cavagnaro, T., De Bei, R., Nelson, T. M., Stephen, J. R., Metcalfe, A., & Lopez, C. M. R. (2020). Wine terroir and the soil microbiome: an amplicon sequencing-based assessment of the Barossa Valley and its sub-regions. *BioRxiv*, 2020-08. https://doi.org/10.1101/2020.08.12.246447