

## ESTUDIO DE LA MICROBIOTA DE CERVEZA ARTESANAL PRODUCIDA A PEQUEÑA ESCALA

### *Study of the Microbiota of Craft Beer Produced on a Small Scale*

Beatriz MATÍAS<sup>1</sup>; Lorena CARRO<sup>1\*</sup>; Esther MENÉNDEZ<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Farmacia/CIALE. Departamento de Microbiología y Genética. Edificio Departamental. Universidad de Salamanca. Campus Miguel de Unamuno. Pl. Doctores de la Reina, s/n. 37007 Salamanca, España

\*Correo-e: [esthermenendez@usal.es](mailto:esthermenendez@usal.es) / [lcg@usal.es](mailto:lcg@usal.es)

**RESUMEN:** La cerveza es la bebida alcohólica más consumida en el mundo, con un creciente interés por parte de los consumidores, que demandan sabores nuevos y productos más saludables. Las cervezas artesanas son objeto de esta demanda, debido a sus características organolépticas. En este estudio, se pretende conocer y comparar la estructura y la composición microbianas presentes en 4 cervezas artesanales tipo *pale ale*, de diferentes orígenes: 2 de pequeña fábrica y 2 industriales adquiridas en supermercado. Para ello, se aislaron e indentificaron una gran variedad de microorganismos en diferentes medios de cultivo. Los resultados demostraron la presencia de una gran diversidad microbiana, sobre todo en aquellas cervezas artesanas de pequeña fábrica respecto a las provenientes de un ambiente más industrial. Además, se detectó la presencia de ciertas cepas o especies que pueden representar potenciales contaminantes. Mediante este estudio se concluyó que la cerveza artesana producida a pequeña escala posee una microbiota más diversa que aquellas cervezas “artesanas” de tipo comercial, siendo importante la adopción de métodos de control de contaminaciones para preservar la salud de los consumidores.

*Palabras clave:* cerveza artesana; contaminación; microorganismos; *Saccharomyces*.

**ABSTRACT:** Beer is the most consumed alcoholic beverage in the world, with growing interest from consumers, who demand new flavors and healthier products. Craft beers are the subject of this demand, mostly due to their organoleptic characteristics. In this study, we aim to elucidate and compare the microbial structure and composition present in 4 artisanal *pale ale* craft beers, from different origins: 2 from a small factory and 2 from industrial factories purchased in supermarkets. To achieve this aim, a wide variety of microorganisms were isolated and identified in different culture media. The results demonstrated the presence of a high microbial diversity, especially in those craft beers from small factories compared to those coming from a more industrial environment. Additionally, the presence of certain strains or species that may represent potential contaminants was detected. Through this study, we concluded that craft beer produced on a small scale has a more diverse microbiota than commercial “craft” beers, making it important to adopt contamination control methods to preserve the health of consumers.

*Keywords:* craft beer; contamination; microorganisms; *Saccharomyces*.

## 1. INTRODUCCIÓN

La cerveza es una bebida alcohólica que se produce a partir de la fermentación alcohólica de mosto cervecero mediante levaduras. Este mosto cervecero proviene de malta de cebada, en el que el almidón contenido se transforma en azúcares mediante una digestión enzimática que ha sido sometida a un proceso de cocción y normalmente aromatizada con lúpulo.

La cerveza es una de las bebidas fermentadas más antiguas de la historia. Hoy en día es la bebida alcohólica más consumida en el mundo, produciéndose en 2019 aproximadamente 27.5 millones de litros (Observatorio sectorial DBK; Informa D&B, 2013-2021), pero en los últimos años se ha producido un crecimiento tanto en producción como en consumo de la cerveza artesana. La producción de cerveza artesana conlleva un proceso minucioso, el cual incluye brevemente los siguientes pasos: malteado, molienda y maceración, filtración del mosto, cocción, centrifugación, fermentación de la cerveza, maduración y finalmente el envasado.

Los puntos críticos en el proceso son las temperaturas en la fermentación y la maduración, que son muy importantes para el tipo de cerveza que se va a obtener y/o dependiendo del tipo de levadura que se tenga. Pueden ser para producción de cerveza de la familia *lager* (fermentación baja, es decir, se depositan en la parte baja de los depósitos durante la fermentación) o de la familia *ale* (fermentación alta, estas suben a la superficie durante la fermentación). Además, al utilizar un tipo u otro de levadura hay que tener en cuenta la temperatura de fermentación, ya que

para tipo *lager* fermentan entre 5-15 °C y las levaduras para tipo *ale* fermentan entre 18-24 °C (Burini *et al.*, 2021).

En las cervezas artesanas es más probable que podamos encontrar alguna contaminación, que puede provenir tanto de levaduras como de bacterias que son capaces de crecer incluso en los ambientes típicos de estas cervezas, que, a su vez, disminuyen el crecimiento de algunas bacterias y levaduras por su bajo pH, alto contenido de dióxido de carbono o por tener pocos nutrientes. Esta posible contaminación puede alterar la cerveza, por ejemplo, enturbiándola y formándose sedimento (Jevons *et al.*, 2022; Latorre *et al.*, 2022). Las cervezas artesanales, por lo general, son más propensas al deterioro y la contaminación.

## 2. OBJETIVO

El *objetivo* de este trabajo es conocer la microbiota cultivable presente en diferentes tipos de cervezas artesanas y su grado de relación con sus propiedades organolépticas y con potenciales contaminaciones que puedan afectar a la seguridad alimentaria de los consumidores.

## 3. MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron 4 tipos diferentes de cervezas artesanas de tipo *pale ale*, 2 de las cuales eran de pequeñas fábricas de cervecerías artesanales de Salamanca (MC1, MC2) y las otras 2 eran cervezas artesanales *pale ale* compradas en supermercado (MC3, MC4). Se utilizaron 7 medios distintos para obtener diferentes microorganismos (bacterias, levaduras y hongos) que pueden estar en las cervezas. En la Tabla 1 se especifican los medios, la composición y los microorganismos que potencialmente se pueden aislar en ellos.

TABLA 1. Medios, composición y microorganismos que crecen de forma preferencial en cada medio de cultivo

MEDIO	COMPOSICIÓN (g/L)	MICROORGANISMOS
MRS (Sigma-Aldrich)	Agar (12 g) peptona (10,0 g), extracto de carne (5,0 g), extracto de levadura (5,0 g), D-glucosa (20,0g), K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub> (2,0 g), C <sub>2</sub> H <sub>3</sub> NaO <sub>2</sub> (5,0 g), citrato de hidrógeno diamónico (5,0 g), MgSO <sub>4</sub> (0,1 g), MnSO <sub>4</sub> (0,05 g)	Bacterias lácticas (bacilos), levaduras

MEDIO	COMPOSICIÓN (g/L)	MICROORGANISMOS
PDA (Difco)	Agar (15 g), extracto de patata (4 g), dextrosa (20,0 g)	Hongos
MYP	Manitol (25 g), extracto de levadura (5 g), peptona (3 g), Na <sub>2</sub> CO <sub>3</sub> (20 g), vinagre filtrado (10 mL), agar (15 g)	Bacterias ácido-acéticas
PCA (Sigma-Aldrich)	Agar (15 g), triptona (5 g), extracto de levadura (2,5 g), glucosa (1 g)	Bacterias en general
TJA (Sigma-Aldrich)	Agar (15 g), jugo de tomate (20 g), extracto de levadura (10 g), dextrosa (10 g), K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub> (0,5 g), NaCl (0,01 g), FeSO <sub>4</sub> (0,01 g), K <sub>2</sub> SO <sub>4</sub> (0,5g), MgSO <sub>4</sub> (0,20 g), MnSO <sub>4</sub> (0,01 g)	Bacterias ácido-lácticas y levaduras
YGC	Extracto de levadura (5 g), glucosa (20 g), agar (15 g)	Levaduras, hongos
M <sub>2</sub> LEV	Extracto de malta (20 g), extracto de levadura (3 g), agar (15 g)	Hongos filamentosos

Se tomó una alícuota de cada cerveza y se realizaron diluciones 1:10 ( $10^{-1}$ ,  $10^{-2}$  y  $10^{-3}$ ). Se sembraron 100  $\mu$ l de la muestra directa y las diluciones en los medios seleccionados y se incubaron a 28 °C. Tras 48 h, se realizó un recuento de las colonias y se seleccionaron las colonias más diferentes en morfología, realizándose con ellas un aislamiento en estría. Tras asegurarnos de tener cultivos puros, se extrajo el ADN y se amplificó por PCR el gen 16S rRNA (bacterias) o el ITS (eucariotas), utilizando *primers* universales para dichos genes. Se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 1 % y la banda correspondiente se purificó con un kit comercial (NZY GelPure, Nzytech). Se utilizó la base de datos de NCBI (Nucleotide BLAST) para la identificación de los aislados.

#### 4. RESULTADOS

Del total de las cuatro cervezas, se aislaron 40 cepas con diferente forma, tamaño, viscosidad, color u otras características visuales (Tabla 2). De estas 40 cepas se identificaron 33 por medio de secuenciación Sanger, es decir, un 82,5 % de las cepas (Tabla 2). En el 17,5 % no hubo amplificación de forma correcta.

TABLA 2. Resultados de muestras de cervezas, medios de cultivo, dilución utilizada, microorganismo identificado y porcentaje de similitud (T indica que son cepas tipo)

MUESTRA	CEPA	MEDIO	DILUCIÓN	TAXÓN MÁS CERCANO	% SIMILITUD CON BASES DE DATOS
MC1	MC1.1	M2LEV	10 <sup>-1</sup>	No identificado	–
MC2	MC2.1	M2LEV	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> INSC1005	100 %
	MC2.3	MRS	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> SRCM100587	99,09 %
	MC2.4	MRS	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> 1014	98,77 %
	MC2.5	MYP	Sin dilución	No identificado	–
	MC2.6	MYP	10 <sup>-2</sup>	<i>Cytobacillus purgationiresistens</i> DS22 <sup>T</sup>	100 %
	MC2.8	YGC	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> 1014	100 %
	MC2.9	TJA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> SRCM100587	100 %
	MC2.10	TJA	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> beer027	100 %
	MC2.11	TJA	10 <sup>-1</sup>	No identificado	–
	MC2.12	PCA	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> FDAARGOS_613	98,00 %
	MC2.13	PCA	10 <sup>-2</sup>	<i>Paenibacillus albicereus</i> UniB2	99,26 %
	MC2.14	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces eubayanus</i> CBS 1503	98,59 %
	MC2.15	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> DBVPG6765	100 %

MUESTRA	CEPA	MEDIO	DILUCIÓN	TAXÓN MÁS CERCANO	% SIMILITUD CON BASES DE DATOS
MC2	MC2.16	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> FDAARGOS_613	100 %
	MC2.17	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> 1014	100 %
	MC2.18	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> x <i>Saccharomyces kudriavzevii</i> x <i>saccharomyces eubayanus</i> yHQL560	100 %
MC3	MC3.1	M2LEV	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> FDAARGOS_613	100 %
	MC3.2	M2LEV	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> FDAARGOS_613	100 %
	MC3.3	MRS	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> FDAARGOS_613	100 %
	MC3.4	MRS	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> I-329	100 %
	MC3.5	YGC	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> BJ23	100 %
	MC3.6	TJA	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> ŠA1	100 %
	MC3.7	TJA	10 <sup>-2</sup>	<i>Aspergillus latus</i> ASFU1710	97,77 %
	MC3.9	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> YAF156	100 %
	MC3.10	PDA	Sin dilución	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> 1014	100 %
	MC3.11	PDA	10 <sup>-1</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> AL1	100 %

MUESTRA	CEPA	MEDIO	DILUCIÓN	TAXÓN MÁS CERCANO	% SIMILITUD CON BASES DE DATOS
MC4	MC4.1	M2LEV	10 <sup>-2</sup>	No identificado	–
	MC4.2	M2LEV	10 <sup>-2</sup>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> YAF156	100 %
	MC4.3	M2LEV	Sin dilución	<i>Filobasidium floriforme</i> CBS 6241 <sup>T</sup>	99,67 %
	MC4.4	M2LEV	Sin dilución	No identificado	–
	MC4.5	PCA	10 <sup>-2</sup>	<i>Staphylococcus hominis</i> ATCC 700236 <sup>T</sup>	100 %
	MC4.6	PCA	10 <sup>-2</sup>	<i>Staphylococcus hominis</i> ATCC 700236 <sup>T</sup>	100 %
	MC4.7	MYP	10 <sup>-2</sup>	<i>Corynebacterium freneyi</i> DNF00450	100 %
	MC4.8	MYP	10 <sup>-2</sup>	No identificado	–
	MC4.9	M2LEV	10 <sup>-2</sup>	<i>Gluconobacter japonicus</i> CECT 8443	100 %
	MC4.10	PDA	Sin dilución	No identificado	–
	MC4.11	PDA	10 <sup>-2</sup>	<i>Gluconobacter oxydans</i> DSM 3503 <sup>T</sup>	99,78 %
	MC4.12	PCA	10 <sup>-2</sup>	<i>Gluconobacter japonicus</i> CECT 8443	100 %
	MC4.14	TJA	10 <sup>-2</sup>	<i>Gluconobacter japonicus</i> CECT 8443	100 %

Observamos que un alto porcentaje de las muestras identificadas (72,7 %) son levaduras, específicamente del género *Saccharomyces* (*Saccharomycetales*), siendo en su mayoría *S. cerevisiae* (60 % del total de identificadas) y otras cepas (7 %), perteneciendo la mayoría de estas a las cervezas MC2 y MC3. También se han identificado hongos (6 %) como *Filobasidium floriforme* (*Filobasidiales*) y

*Aspergillus latus* (*Eurotiales*) en las cervezas MC3 y MC4. Tanto *Saccharomyces* como *Aspergillus* pertenecen a la división *Ascomycota*, mientras que *Filobasidium* pertenece a la división *Basidiomycota*.

Se observa que solo una especie es común a las 3 cervezas estudiadas con aislamientos, *Saccharomyces cerevisiae* (Figura 3A), y el resto son diferentes viendo que la que menos diversidad presenta es una de las cervezas comerciales. Además, hay que destacar que de la cerveza MC1 solo se obtuvo un aislado (hongo), el cual no se pudo identificar.

1. *Saccharomyces cerevisiae*
2. *Cytobacillus purgationiresistens*
3. *Paenibacillus albicereus*
4. *Aspergillus latus*
5. *Filobasidium floriforme*
6. *Staphylococcus hominis*
7. *Gluconobacter japonicus*
8. *Gluconobacter oxydans*
9. *Saccharomyces kudriavzevii*
10. *Saccharomyces eubayanus*

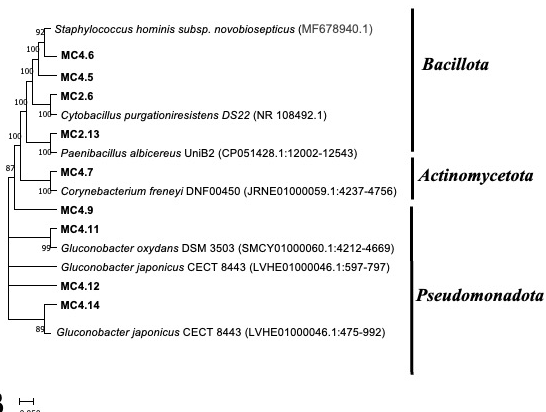
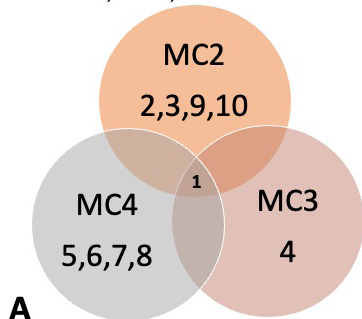


Figura 1. Microorganismos identificados en común en las tres cervezas y microorganismos identificados en cada cerveza (A); Árbol filogenético “neighbour-joining” (B) basado en un fragmento del gen 16S rRNA de las cepas aisladas y sus taxones más cercanos. Valor de “bootstrap” basado en 1 000 réplicas. Barra 5 nucleótidos sustituidos por cada 100.

Se observa cierta diversidad bacteriana, con un 27 % de aislados, sobre todo de la muestra MC4, siendo la mayoría de las bacterias identificadas pertenecientes a los filos *Bacillota* y *Pseudomonadota*, habiéndose identificado la mayoría en la cerveza MC4. En *Bacillota*, identificamos aislados como *Staphylococcus hominis*, *Cytobacillus purgationiresistens* y *Paenibacillus albicereus*; en *Actinomycetota* solo se identificó *Corynebacterium freneyi*, y en *Pseudomonadota* todos pertenecen al género *Gluconobacter* (*G. oxydans* y *G. japonicus*) (Figura 3B).



## 5. DISCUSIÓN

Las cervezas artesanales son productos muy apreciados con un proceso de elaboración que debe estar muy controlado con el fin de minimizar las contaminaciones con microorganismos indeseados. En este trabajo, realizamos un muestreo de 4 marcas de cerveza “artesanas” (2 cervezas fabricadas de manera artesana y 2 cervezas “artesanas” de supermercado) para conocer y comparar los microorganismos cultivables presentes en ellas, que presuntivamente podían tener algún efecto en sus características organolépticas.

La mayoría de las levaduras se identificaron como *Saccharomyces cerevisiae*, siendo el único microorganismo común en las marcas de cerveza. Es lógico encontrar este microorganismo ya que el proceso de fermentación por el cual se obtiene cerveza a partir de mosto lo realizan las levaduras, siendo la más utilizada *Saccharomyces cerevisiae*; estas van a transformar los azúcares presentes en el mosto a alcohol produciendo cerveza, siendo utilizadas mayoritariamente en la producción de cervezas tipo *ale*.

Además, se encontraron otras levaduras del mismo género, pero no de la misma especie, como son *S. kudriavzevii* y *S. eubayanus* (MC2). *S. eubayanus* es una levadura tolerante al frío que explica la posibilidad de la producción de algunos tipos de cerveza a bajas temperaturas de fermentación y que suele encontrarse en combinación con *S. cerevisiae* en varios tipos de cerveza como la cerveza tipo *lager* (Sampaio *et al.*, 2018); *S. kudriavzevii* es una levadura que también se distingue por su capacidad de fermentar a bajas temperaturas como la producción de vino y cervezas *lager*, a veces encontrándose de manera conjunta *Saccharomyces cerevisiae* x *Saccharomyces kudriavzevii* (Peris *et al.*, 2018; Gonzalez *et al.*, 2008). En la cerveza MC2, se identificó un híbrido *Saccharomyces cerevisiae* x *Saccharomyces kudriavzevii* x *Saccharomyces eubayanus*. Este híbrido se ha observado en la producción de vinos (Gonzalez *et al.*, 2006). Esta cerveza artesana se produce en la misma fábrica que el vino y otro tipo de cervezas de distintos tipos, como el *lager*, por lo que puede que se haya producido una contaminación cruzada en origen. Observamos que en las tres cervezas artesanas en las que hemos obtenido aislados se han identificado levaduras de la especie *Saccharomyces cerevisiae*, las cuales ayudan a darle el sabor característico de la cerveza, aunque la presencia de otras levaduras más presentes en vino puede haber modificado su sabor.

Se han identificado dos especies bacterianas del género *Gluconobacter* (*Gluconobacter japonicus* y *Gluconobacter oxydans*) (MC3), un género de bacterias ácido-acéticas, es decir, a través de una oxidación convierten el etanol en ácido acético, lo cual es importante ya que este tipo de bacterias suelen ser incluidas en procesos de malteado y macerado para dar cierta protección a la cerveza frente a hongos o bacterias que la pueden deteriorar. Además, el ácido acético producido por estas bacterias aporta un sabor más amargo y significativo de la cerveza (Diaz *et al.*,

2022; Romero-Rodríguez *et al.*, 2022). La aparición de estas especies nos indica que esta cerveza puede tener un sabor más amargo, el cual sería una característica distintiva de otras cervezas de supermercado.

Se ha identificado *Filobasidium floriforme* (MC4), esta especie de levadura no se ha descrito en cervezas, aunque su género (*Filobasidium*) está incluido dentro del grupo de levaduras no *Saccharomyces* relacionado con el deterioro de las cervezas, produciendo una mayor turbidez, producción de compuestos fenólicos y/o exceso de carbonatación (Latorre *et al.*, 2022; Esmaeli *et al.*, 2015). Este tipo de levaduras no se deberían haber encontrado por el alto control de calidad que se aplica en la producción de cervezas de supermercado.

En este trabajo, hemos aislado un número superior al esperado de cepas bacterianas o fúngicas que se relacionan más con infecciones oportunistas o con otros nichos. Se ha identificado *Aspergillus latus* (MC3), un hongo del género *Aspergillus* que puede afectar a animales, tierra o personas produciendo aspergilosis, que no se ha descrito con anterioridad en cervezas. Además, se ha identificado *Staphylococcus hominis* (MC4), una bacteria encontrada de manera natural en piel humana y que, además, suele causar infecciones como patógeno oportunista. No se ha observado ninguna relación entre la cerveza y la presencia de *S. hominis* en esta, por lo que suponemos que se ha producido la identificación de la bacteria por una posible contaminación que puede haberse producido tanto a nivel de producción como en el momento de la siembra de las muestras en el laboratorio.

Además, encontramos aislados identificados como *Cytobacillus purgationiresistens* (MC2), *Paenibacillus albicereus* (MC2) y *Corynebacterium freneyi* (MC4), de los que no se ha descrito con anterioridad su presencia en cerveza. Sin embargo, *Corynebacterium freneyi* y *Cytobacillus purgationiresistens* se han detectado en agua (Desta *et al.*, 2010; Vaz-Moreira *et al.*, 2012), por lo que al utilizarse agua en el proceso de fabricación de la cerveza podría provenir de esta. Por otro lado, *Paenibacillus albicereus* es una especie recientemente descrita, aislada de un sirope digestivo contaminado (medicina ayurvédica) proveniente de la India (Thorat *et al.*, 2022). Sin embargo, el género *Paenibacillus* junto con otros géneros formadores de esporas (*Bacillus*, *Brevibacillus*) se han observado en numerosas muestras de cervezas y podrían posicionarse como indicadores de la calidad de los materiales de partida y/o la higiene de las fábricas cerveceras (Mundorf *et al.*, 2017).

Cabe destacar que no se han encontrado aislados del género *Lactobacillus* ni *Pediococcus*, los cuales están relacionados con la contaminación y/o el deterioro de cervezas artesanas (Latorre *et al.*, 2022; Diaz *et al.*, 2022), aunque existe cierta contradicción, ya que a veces estas bacterias lácticas se han descrito como microorganismos que aportan un sabor amargo a las cervezas (Romero-Rodríguez *et al.*, 2022), apreciado en algunos tipos, como por ejemplo en las cervezas de barril de tipo *ale*.

En resumen, tanto en las cervezas artesanas como en las “artesanas de supermercado” se han identificado levaduras convencionales. Sin embargo, en las artesanas, se han identificado una gran variedad de levaduras no convencionales, que aportan nuevos sabores y texturas, los cuales crean una mayor demanda de cervezas “especiales” (Lengeler *et al.*, 2020). En cambio, en las “artesanas de supermercado”, se han identificado un alto número bacterias que se pueden haber añadido para proteger la cerveza de posibles microorganismos contaminantes y/o para dar un sabor más parecido al que tienen las cervezas producidas de manera artesanal, como, por ejemplo, añadiendo bacterias ácido-acéticas identificadas que les aportan un sabor más amargo y característico (Díaz *et al.*, 2022; Romero-Rodríguez *et al.*, 2022).

## 6. CONCLUSIONES

Las cervezas artesanales producidas a pequeña escala presentan una mayor diversidad microbiana, tanto fúngica como bacteriana, que las cervezas “artesanales” comercializadas en supermercado o grandes superficies. Como era de esperar, el microorganismo más frecuente y común a todas las muestras evaluadas es la levadura *Saccharomyces cerevisiae*. Sin embargo, la aparición de otras levaduras y bacterias propias de procesos de deterioro depende de otros factores, como el tipo de cerveza y/o el proceso de producción. La presencia de dichos microorganismos puede comprometer la viabilidad de la cerveza y la salud de los consumidores, por lo que es esencial un refuerzo de los métodos de control de contaminaciones en producción artesanal de cervezas.

## 7. BIBLIOGRAFÍA

- Burini JA, Eizaguirre JI, Loviso C, Libkind D. Non-conventional yeasts as tools for innovation and differentiation in brewing. *Rev Argent Microbiol.* 2021;53(4):359-377.
- Desta AF, Dalhammer G, Kittuva GR. A modified culture-based study of bacterial community composition in a tannery wastewater treatment plant. *Water Sci Technol.* [Internet]. 2010;62(11):2543-2549.
- Díaz AB, Durán-Guerrero E, Lasanta C, Castro R. From the Raw Materials to the Bottled Product: Influence of the Entire Production Process on the Organoleptic Profile of Industrial Beers. *Foods.* 2022;11(20):3215.
- Esmaili S, Mogharrabi M, Safi F, Sohrabvandi S, Mortazavian AM, Bagheripoor-Fallah N. The Common Spoilage Microorganisms of Beer: Occurrence, Defects, and Determination-A Review. *Carpathian J Foos Sci Technol.* 2015;7(4):68-73.
- González SS, Barrio E, Gafner J, Querol A. Natural hybrids from *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces bayanus* and *Saccharomyces kudriavzevii* in wine fermentations. *FEMS Yeast Res.* 2006;6(8):1221-1234.

- González SS, Barrio E, Querol A. Molecular characterization of new natural hybrids of *Saccharomyces cerevisiae* and *S. kudriavzevii* in brewing. *Appl Environ Microbiol.* 2008;74(8):2314-2320.
- Jevons AL, Quain DE. Identification of spoilage microflora in draught beer using culture-dependent methods. *J Appl Microbiol* 2022;133(6):3728-3740.
- Latorre M, Bruzone MC, De García V, Libking D. Contaminantes microbianos en cervezas artesanales embotelladas de la Patagonia andina argentina, *Rev Argent Microbiol.* 2022; 55(1): 11-20.
- Lengeler KB, Stovicek V, Fennessy RT, Katz M, Förster J. Never change a brewing yeast? Why not, there are plenty to choose from. *Front Genet.* 2020;11:582789.
- Munford ARG, Alvarenga VO, do Prado-Silva L, Crucello A, Campagnollo, FB, Chaves RD *et al.* Sporeforming bacteria in beer: Occurrence, diversity, presence of hop resistance genes and fate in alcohol-free and lager beers. *Food control.* 2017;81:126-136.
- Peris D, Pérez-Torrado R, Hittinger CT, Barrio E, Querol A. On the origins and industrial applications of *Saccharomyces cerevisiae* × *Saccharomyces kudriavzevii* hybrids. *Yeast.* 2018;35(1):51-69.
- Romero-Rodríguez R, Durán-Guerrero E, Castro R, Díaz AB, Lasanta C. Evaluation of the influence of the microorganisms involved in the production of beers on their sensory characteristics. *Food Bioprod Process.*2022;135:33-47.
- Sampaio JP. Microbe Profile: *Saccharomyces eubayanus*, the missing link to lager beer yeasts. *Microbiology.* 2018;164(9):1069-1071.
- Thorat V, Kirdat K, Tiwarekar B, Dhanavade P, Karodi P, Souche Y *et al.* *Paenibacillus albicereus* sp. nov. and *Niallia alba* sp. nov., isolated from digestive syrup. *Arch Microbiol.* 2022;204(2):127.
- Vaz-Moreira I, Figueira V, Lopes AR, Lobo-da-Cunha A, Spröer C, Schumann P *et al.* *Bacillus purgationiresistans* sp. nov., isolated from a drinking-water treatment plant. *IJSEM.* 2012;62(1):71-77.