

## Exame de Proficiência

2022.2

**Espanhol**

**Ciências Agrárias**

### Instruções

1	Confira se os dados contidos na parte inferior desta capa estão corretos e, em seguida, assine no espaço reservado para isso. Se você assinar, rubricar, escrever mensagem, etc., em qualquer outro local deste Caderno, será excluído do Exame.
2	Este Caderno contém 5 questões discursivas referentes à Prova da Língua Estrangeira escolhida pelo candidato. Não destaque nenhuma folha.
3	As respostas às questões deverão ser redigidas <b>apenas em PORTUGUÊS</b> .
4	Se o Caderno estiver incompleto ou contiver imperfeição gráfica que impeça a leitura, solicite imediatamente ao Fiscal que o substitua.
5	Será avaliado apenas o que estiver escrito no espaço reservado para cada resposta, razão por que os rascunhos não serão considerados.
6	Escreva de modo legível, pois dúvida gerada por grafia, sinal ou rasura implicará redução de pontos.
7	<b>Não será permitido o uso de dicionário.</b>
8	A Comperve recomenda o uso de caneta esferográfica de tinta preta confeccionada em material transparente. Em nenhuma hipótese, será avaliada resposta escrita com grafite.
9	Utilize para rascunhos, caso queira, o verso de cada página deste Caderno.
10	Você dispõe de, no máximo, três horas para responder às 5 questões que constituem a Prova.
11	Antes de retirar-se definitivamente da sala, devolva ao Fiscal este Caderno.

Assinatura do Candidato: \_\_\_\_\_

As questões de 01 a 05, cujas respostas deverão ser redigidas EM PORTUGUÊS, referem-se ao texto abaixo.

---

## Revisión: biotecnología aplicada a la viticultura

*Tapia, E.A.; Madrigal, B.; Herrera, E.*

### RESUMEN

El vino es una bebida altamente comercializada; en las últimas tres décadas se ha observado un aumento en la globalización de este producto. Las empresas vitivinícolas buscan nuevos avances tecnológicos que permitan aumentar la producción de vino mediante el mejoramiento del cultivo de vides y el uso de estándares de calidad para responder a la alta competitividad del mercado. Hoy en día, la industria vitivinícola se enfrenta a problemáticas mundiales como el descenso del consumo y aumento de excedentes; por lo que se busca a futuro la obtención de productos más competitivos, mejoras de calidad y tipicidad de los vinos. El objetivo de esta revisión es recabar las principales aplicaciones de la ingeniería genética y la biotecnología aplicada a la viticultura. Desde los métodos actuales de identificación molecular de variedades de vid hasta la producción de vinos botritizados mediante el uso de técnicas microbiológicas que permiten la infección de las uvas con el hongo *Botrytis cinerea* y el uso de transgénicos, entre otros; tomando en cuenta la bioética y bioseguridad que debe estar presente en el desarrollo de estas tecnologías innovadoras que impactan positivamente en el cultivo y producción de las variedades de vides.

**Palabras clave:** *Vitis vinifera*, *Botrytis cinerea*, OGM, microsátélites, SNP, micropropagación.

### INTRODUCCIÓN

El vino es un producto altamente consumido a nivel mundial según la Organización Internacional de la Viña y el Vino (OIV). Se estima que el consumo global en 2019 fue de 244 millones de hectolitros (hL) (OIV, 2020), y la producción mundial en 2018, excluyendo zumos y mostos, alcanza la cifra de 279 millones de hL, por lo que la industria vitivinícola es de gran importancia económica.

En las últimas tres décadas se ha observado un aumento en la globalización del vino, principalmente en el número de países productores y exportadores: Estados Unidos, Argentina, Chile, Nueva Zelanda, China, Sudáfrica, entre otros (Medina Albaladejo et al., 2014). Las exportaciones mundiales aumentaron en las últimas décadas de 2.61 millones de toneladas en 1961-1965 pasaron a 4.31 millones en 1986-1990 y a 9.8 millones en 2010 (Medina-Albaladejo et al., 2014). Actualmente los principales países productores de vino en el mundo son Italia, Francia, España, Estados Unidos y Argentina (OIV, 2018).

En México la industria vitivinícola se ha incrementado gracias a la demanda del vino. Según el Consejo Mexicano Vitivinícola (CMV, 2018), el consumo de vino pasó de 450 mL en 2012 a 950 mL per cápita en 2018. Se ha buscado incrementar la producción de vino en nuestro país ya que el producto generado actualmente solo satisface el 30% de la demanda interna. Los 5 principales estados productores de vino en México son: Coahuila, Querétaro, Baja California, Zacatecas y Aguascalientes (CMV, 2020).

Hoy en día existe una alta competencia en la industria vitivinícola tanto en México como en el mundo, por lo que se han buscado nuevos conocimientos y tecnologías que permitan aumentar la producción de vino y alcanzar mayores estándares internacionales de calidad.

El objetivo de esta revisión es recabar las principales aplicaciones de la ingeniería genética y la biotecnología que han permitido obtener avances innovadores para el mejoramiento de los cultivos, maximizar la producción de vino y mantener la competitividad mundial en la viticultura.

### REVISIÓN DE LITERATURA

En las últimas décadas se han desarrollado avances innovadores a nivel mundial, específicamente en genética y biotecnología. En el campo de la viticultura el aprovechamiento de estos avances abarca desde nuevas técnicas moleculares para la identificación y diferenciación

de variedades de vid, el uso de la microbiología para aislar, purificar y utilizar un hongo fitopatógeno para la producción de vinos botritizados hasta métodos enfocados a la agrobiotecnología para acelerar el desarrollo de plantas como es la micropropagación y el uso de transgénicos. De esta forma, se busca optimizar los cultivos y alcanzar estándares de calidad generando un impacto positivo en la industria vitivinícola.

### **Métodos moleculares de identificación de variedades de vid**

Las grandes empresas productoras de vino buscan desarrollar nuevas estrategias que permitan diferenciarlos dentro del mercado. La introducción de nuevas variedades de uva es una de estas estrategias (Lavarello et al., 2011).

La industria vitivinícola está basada en la venta de cultivos y especies de vid, gracias a su fácil diseminación se han generado confusiones en su denominación; de esta manera, una misma variedad puede recibir diversos nombres en diferentes zonas o países donde se cultiva. En el mundo existen aproximadamente 5.000 variedades de *Vitis vinifera* (Gomes et al., 2018), la cual es considerada la especie más dominante entre las diferentes especies de vides cultivadas para la elaboración de vino (Troggio et al., 2008). Por lo que su correcta identificación mediante métodos de biología molecular con métodos ampelográficos es importante para su denominación y venta de producto en el mercado.

Se han implementado normas internacionales como el Código Internacional de Prácticas Enológicas y la Norma Internacional para el Etiquetado de Vinos de la OIV (OIV, 2019), las cuales permiten regular el proceso de producción, empaquetado y delimitar especificaciones sobre el etiquetado del producto final. Dentro del etiquetado debe de ir especificado la denominación del producto (OIV, 2015).

En la actualidad, la ampelografía práctica se usa como un método complementario de identificación (Ruiz, 2019); por lo que para poder llevar a cabo una denominación más detallada y certera del género, especie y variedad de la vid se utilizan métodos de biología molecular.

La identificación y designación correcta de la variedad de la vid es un requerimiento necesario para los productores vinícolas, puesto que permite conservar variedades tradicionales que se han mantenido en denominaciones de origen durante siglos debido a alguna característica. Asimismo, permite la corrección de sinonimias, las cuales son frecuentes en el ámbito de la viticultura, la conservación de germoplasma y el correcto etiquetado del producto. Existen varios métodos de identificación de variedades de vides; sin embargo, el más utilizado en la actualidad es la identificación de marcadores genéticos conocidos como secuencias repetidas cortas (SSR) o también comúnmente llamados microsatélites (San Pedro-Galan, 2017).

### **Secuencias repetidas cortas o microsatélites (SSR)**

Los SSR son unidades cortas de uno a seis pares de bases que se encuentran repetidos en tándem en el genoma de los organismos eucariontes (Picó-Sirvent et al., 2012); son altamente variables en su longitud entre los diferentes alelos de un mismo locus (sitio en el genoma). El uso de este método molecular de identificación se apoya principalmente en la amplificación de las secuencias mediante el uso de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), la cual utiliza primers o cebadores complementarios a las secuencias conservadas de interés (Pérez de Castro, 2011).

La OIV ha propuesto un protocolo de identificación de variedades de vid (*Vitis vinifera*) mediante el uso de nueve diferentes SSR (OIV, 2019) con el fin de uniformar los criterios internacionales, así como para revisar denominaciones varietales. Existen más marcadores SSR, sin embargo, nueve microsatélites permiten diferenciar entre una variedad de *Vitis vinifera* y otra gracias a su alta capacidad de discrepancia a diferencia de los demás. Los nueve determinados por la OIV son los marcadores necesarios para obtener la validación de los datos (OIV, 2019).

El uso de los marcadores genéticos SSR es el método estándar designado por la OIV (OIV, 2019). Sin embargo, el desarrollo de técnicas y métodos novedosos han generado nuevas propuestas como la identificación de variedades mediante el uso de SNP (por sus siglas en inglés, Single Nucleotide Polymorphisms).

## **Polimorfismos de nucleótido único (SNP)**

Los polimorfismos de nucleótido único (SNP) han surgido como una alternativa viable para una identificación más rápida y eficaz (Ibáñez et al., 2010). Estos polimorfismos son mutaciones que se pueden encontrar en cualquier parte del genoma de un organismo y son característicos por presentar un cambio en una sola base nitrogenada en un sitio específico (Ramírez-Bello et al., 2013). Gracias a la secuenciación del genoma completo de la vid en 2007 (Jaillon et al., 2007) se han identificado gran variedad de SNP, facilitando de esta forma la diferenciación entre variedades.

El método de identificación de SNP se apoya en el uso de microarreglos de ADN, su frecuencia en el genoma de la vid es muy alta y se necesita una herramienta que pueda acelerar el proceso. Estos microarreglos están basados en el uso de bibliotecas de ADNc (complementario) que se realiza a partir de la retrotranscripción de los RNAm del organismo y posteriormente las secuencias complementarias se almacenan en un vector. Estas bibliotecas de ADNc son de gran importancia porque permiten la impresión de los microarreglos; y estos son usados para agilizar el análisis de la expresión génica de una muestra (Martínez-Hernández et al., 2010). El fundamento principal de los microarreglos es hibridar moléculas complementarias de ADNc entre sí, identificarlas mediante marcaje fluorescente y medir la presencia e intensidad de la expresión del gen diana (Heidari, 2019); que en este caso contiene a los SNP.

Un microarreglo común tiene una superficie aproximada de 2x2 cm, el cual puede contener aproximadamente 10.000 moléculas diana para su análisis. Debido a esto, los microarreglos de SNP han surgido como una herramienta novedosa para aumentar la rapidez y eficacia de la identificación de variedades de vid; así como aplicarse para la generación de mapas genómicos y determinar relaciones genéticas entre variedades (Laucou et al., 2018).

## **CONCLUSIÓN**

El desarrollo de nuevos métodos para la caracterización e identificación de variedades de *Vitis vinífera*, la implementación de nuevas técnicas de cultivo y la experimentación en el ámbito de vides transgénicas han permitido a las empresas vitivinícolas alcanzar un estándar de calidad internacional, un mejor desarrollo en la producción y optimización de procesos dentro de la industria agroalimentaria de gran competitividad.

Aún se necesita realizar una mayor cantidad de investigaciones biotecnológicas y de ingeniería genética aplicada a la viticultura con la finalidad de establecer protocolos estandarizados y para desarrollar nuevas metodologías que permitan aprovechar al máximo los avances científicos.

RIA, Vol. 47, n. 3, Diciembre, 2021, Argentina.

---

Disponible en: [http://ria.inta.gob.ar/sites/default/files/numeros/pubria2021\\_47\\_diciembre.pdf](http://ria.inta.gob.ar/sites/default/files/numeros/pubria2021_47_diciembre.pdf). Accesado en: 10 mar. 2022. [Adaptado]

### Pregunta 1

Conteste:

- A)** Según Heidari (2019), ¿cuál es el fundamento principal de los microarreglos?
- B)** ¿A qué corresponde el hecho de que los microarreglos han surgido como una herramienta novedosa en la identificación de las variedades de vid?

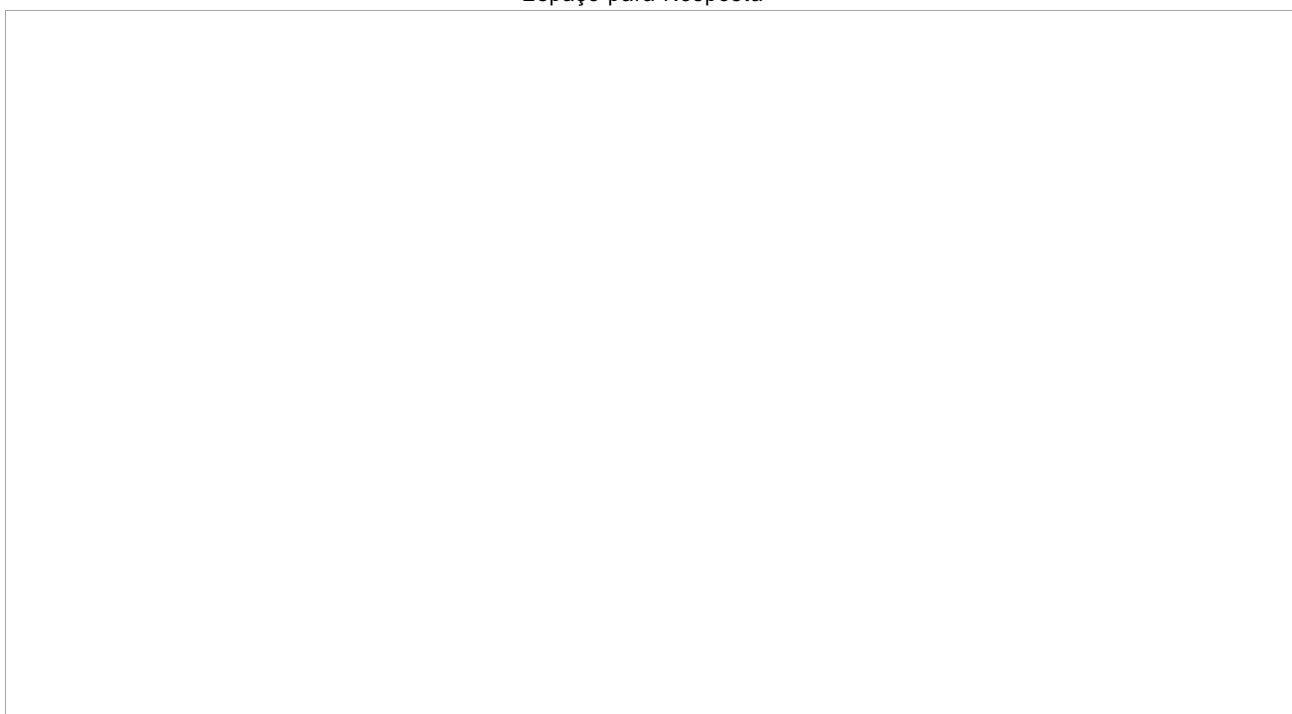
Espaço para Resposta



### Pregunta 2

Según informaciones del texto, ¿está correcto afirmar que las exportaciones de vino han incrementado la economía de España entre 1986 y 1990? Explica tu respuesta.

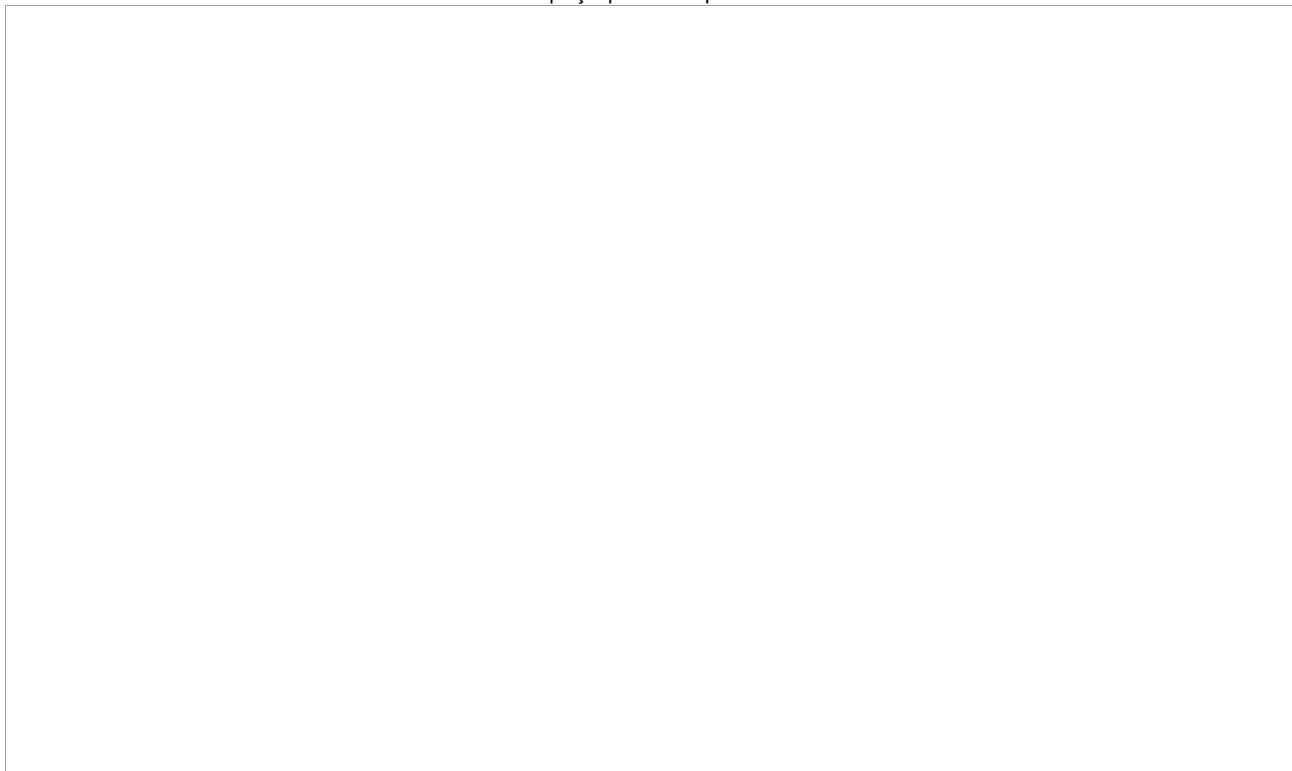
Espaço para Resposta



### Pregunta 3

¿Por qué el texto afirma que para la venta del vino es importante identificar correctamente la variedad *Vitis vinífera*?

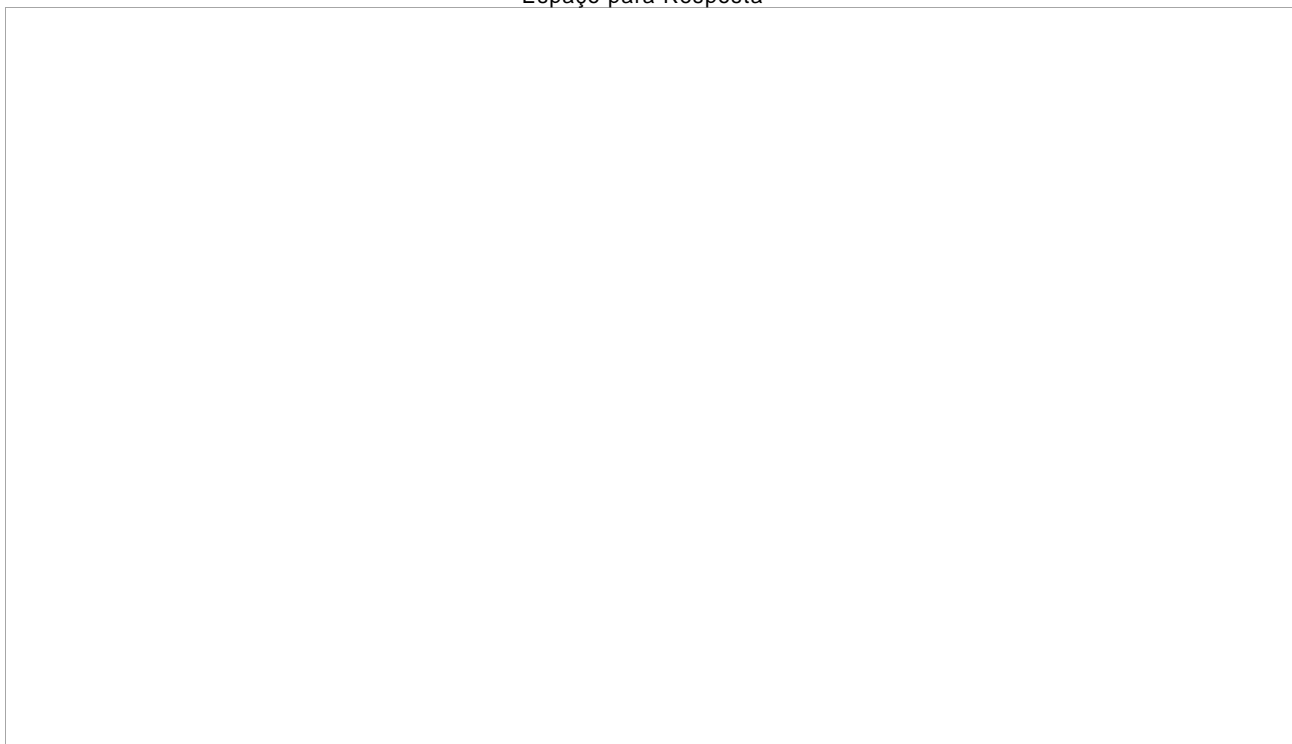
Espaço para Resposta



### Pregunta 4

¿Cuáles son las ventajas para los productores vinícolas hacer la correcta identificación y designación de la variedad de la vid?

Espaço para Resposta



### Pregunta 5

- Traduzca el fragmento del texto en el espacio reservado.
- Asegúrese que su producción final en lengua portuguesa, en estilo formal, sea coherente, con cohesión y refleje el pensamiento original del autor.

*“La OIV ha propuesto un protocolo de identificación de variedades de vid (Vitis vinifera) mediante el uso de nueve diferentes SSR (OIV, 2019) con el fin de uniformar los criterios internacionales, así como para revisar denominaciones varietales. Existen más marcadores SSR, sin embargo, nueve microsatélites permiten diferenciar entre una variedad de Vitis vinifera y otra gracias a su alta capacidad de discrepancia a diferencia de los demás. Los nueve determinados por la OIV son los marcadores necesarios para obtener la validación de los datos (OIV, 2019).*

*El uso de los marcadores genéticos SSR es el método estándar designado por la OIV (OIV, 2019). Sin embargo, el desarrollo de técnicas y métodos novedosos han generado nuevas propuestas como la identificación de variedades mediante el uso de SNP (por sus siglas en inglés, Single Nucleotide Polymorphisms).”*

---

Espaço destinado à Resposta

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

---

