



LIBRO DE RESÚMENES

CYTAL[®] 2023

Innovación, sustentabilidad y productividad en la transformación del sistema alimentario



Asociación Argentina
de Tecnólogos Alimentarios



UCA
FACULTAD DE INGENIERÍA
Y CIENCIAS AGRARIAS

**XVIII CONGRESO ARGENTINO DE CIENCIA
Y TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS**

IX SIMPOSIO INTERNACIONAL DE NUEVAS TECNOLOGÍAS

VII SIMPOSIO LATINOAMERICANO SOBRE HIGIENE

Y CALIDAD DE ALIMENTOS

V SIMPOSIO DE INNOVACIÓN EN INDUSTRIAS ALIMENTARIAS

4 al 6 de Octubre de 2023
Universidad Católica Argentina
Sede Puerto Madero
Buenos Aires - Argentina

Libro de resúmenes Congreso Cytal 2023 /
Stella Maris Alzamora
María del Pilar Buera
Ricardo Castellano
Silvia Mónica Raffellini
Emilia Elisabeth Raimondo
Susana Emilia Socolovsky
Sergio Ramón Vaudagna
Susana Leontina Vidales
Angela Zuleta

1a ed compendiada. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires : Asociación
Argentina de Tecnólogos Alimentarios - AATA , 2023.
Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online
ISBN 978-987-47615-3-8

1. Tecnología de los Alimentos. I. Alzamora, SM [et al.]
CDD 664.0071

ISBN 978-987-47615-3-8





1

4005 DIVERSIDAD DE SISTEMAS CRISPR EN CEPAS DE *Streptococcus thermophilus* EMPLEADAS EN ARGENTINA

Pedron Lara ¹, Pujato Silvina ¹, Quiberoni Andrea ¹, Mercanti Diego ¹

1. Instituto de Lactología Industrial (INLAIN) - Universidad Nacional del Litoral-CONICET; Santiago del Estero 2829, 3000 Santa Fe

El crecimiento de bacterias lácticas (BAL) durante la producción de un alimento fermentado aumenta su tiempo de conservación y resulta favorable para el proceso de elaboración, sus características higiénicas y su perfil sensorial. La principal BAL utilizada en la industria láctea argentina es *Streptococcus thermophilus*. Como toda bacteria empleada para elaborar alimentos, resulta perjudicada por el ataque de (bacterio)fagos.

Dentro de los sistemas bacterianos de defensa contra fagos, en esta especie en particular se destacan notablemente los sistemas **CRISPR** (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats), extensamente estudiados en cepas de *S. thermophilus* en otros países, pero no en Argentina. Estos sistemas incorporan segmentos cortos (llamados espaciadores) de ADN exógeno, como ser de un fago, volviendo a la célula bacteriana y a su descendencia inmunes a futuras infecciones por dicho fago, u otro emparentado que comparta dicha secuencia de ADN.

Mediante PCR empleando primers universales, en el presente estudio se buscaron sistemas CRISPR1 y CRISPR3 (los 2 conocidos y activos en *S. thermophilus*), y se hallaron en 35 y 40 cepas, respectivamente, de 79 analizadas; 21 de dichas cepas presentaron ambos sistemas, y en 22 cepas no se detectó ninguno. Se secuenciaron 13 loci CRISPR1, conteniendo 77 espaciadores distintos, 48 encontrados en genomas reportados de fagos, y 1 en plásmidos. Con respecto a CRISPR3, 28 loci secuenciados contuvieron 183 espaciadores distintos, 123 encontrados en genomas de fagos, y 7 en plásmidos. Del total de espaciadores, hubo 36 nuevos (no encontrados en bases de datos): 6 de CRISPR1, hallados en una única cepa local, y 30 de CRISPR3, distribuidos en 19 cepas. La comparación de espaciadores entre nuestras cepas y las reportadas en otros países muestra una elevada similitud. Sin embargo, en las cepas locales se observó una adquisición de espaciadores nuevos y diferentes significativamente menor en los sistemas CRISPR1, lo que indicaría una baja actividad, o bien una resistencia bacteriana a la infección por la mayoría de los fagos de su entorno. A diferencia de reportes previos, encontramos una mayor proporción de arreglos únicos para CRISPR3 con respecto a CRISPR1, posiblemente indicando una mayor actividad de sistemas CRISPR3 en cepas de circulación nacional, si bien los arreglos de espaciadores son similares a los ya reportados en *S. thermophilus*. Se analizó la presencia de espaciadores en un pool de 66 genomas de bacteriófagos reportados en base de datos; CRISPR1-sp22 y CRISPR3-sp30 fueron los espaciadores más conservados en dicho pool, hallándose en 12 y 19 fagos del pool, respectivamente. Nuestros resultados permiten conocer la diversidad de sistemas CRISPR en cepas de *S. thermophilus* circulantes en nuestro país, generando un recurso importante para el diseño de estrategias para disminuir el impacto de bacteriófagos en la industria láctea regional.

↑