

# 2° Jornadas Latinoamericanas de Bacteriófagos

**22 Y 23 DE  
NOVIEMBRE DE 2022**

*Buenos Aires, Argentina*

**RESÚMENES DE  
PONENCIAS**



**FAGOS DE *Streptococcus thermophilus* AISLADOS DE YOGUR:  
VIRULENCIA, DIVERSIDAD GENÉTICA Y RESISTENCIA TÉRMICA**

Marangon A.M.(1); Quiberoni A.(1); Guglielmotti D. (1)

1. Instituto de Lactología Industrial (INLAIN, UNL-CONICET), Santiago del Estero 2829, 3000 Santa Fe, Argentina. [dgugliel@fiq.unl.edu.ar](mailto:dgugliel@fiq.unl.edu.ar)

La elaboración de yogur se basa en la actividad de *Streptococcus thermophilus* y *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*. El desarrollo de estos cultivos puede verse retrasado por diversos factores, entre los que se destacan las infecciones por bacteriofagos (fagos). Con el objetivo de enfrentar racionalmente la problemática, algunas empresas han sumado protocolos de monitoreo fágico en zonas críticas del proceso, así como en materia prima e insumos. Para que el diseño de estos protocolos sea apropiado es indispensable conocer las características de los fagos detectados y aislados. Además, se sabe que la capacidad evolutiva de estos fagos es muy grande, por lo que estudiar su ecología en los ambientes de procesamiento podría facilitar la selección de las nuevas alternativas tecnológicas a proponer. En este trabajo se estudiaron 25 fagos de *S. thermophilus* aislados por nuestro grupo entre 2002 y 2017, a partir de producciones de yogur de una importante industria láctea. Los objetivos de este trabajo fueron: (i) determinar la virulencia de los fagos aislados frente a cepas comerciales de *S. thermophilus*, (ii) caracterizar los fagos genéticamente, (iii) analizar la frecuencia y permanencia en la planta y (iv) estudiar su resistencia térmica. El estudio del perfil de hospedadores (mediante Test de turbidez y Spot test) reveló que estos fagos son capaces de infectar entre 2 y 5 de las 8 cepas comerciales analizadas. Por su parte, 3 de las 8 cepas son infectadas por 24 de los 25 fagos, demostrando una gran sensibilidad fágica. La diversidad genética de los fagos se analizó mediante la obtención de los perfiles de restricción de sus genomas (usando las enzimas HindIII, EcoRV y EcoRI). Además, se determinó la pertenencia a alguno de los grupos genéticos (*cos*, *pac*, 5093 y 987) definidos al día de hoy, aplicando una metodología PCR multiplex. El análisis de los perfiles de restricción permitió reunirlos en 10 grupos distintos. Fagos pertenecientes a tres de estos grupos se aislaron en repetidas ocasiones en el transcurso de varios años, indicando una elevada persistencia en el ambiente de elaboración. La PCR multiplex permitió clasificar los fagos en dos grupos genéticos, correspondiendo 16 fagos al grupo *cos* (Moineuvirus) y 9 al grupo *pac* (Brussowvirus). Luego del tratamiento térmico aplicado (72 °C – 45 min) a los fagos suspendidos en caldo de cultivo (M17) o leche descremada reconstituida estéril (LDR), aún fue posible recuperar partículas virales infectivas, demostrando que no se logró la inactivación total de la población fágica. Además, se observó un efecto protector de la leche, ya que los recuentos fueron mayores en este medio en comparación con el caldo de cultivo. Estos resultados permiten analizar la diversidad y evolución ecológica de fagos de *S. thermophilus* en el ambiente industrial y también modificar/diseñar, con herramientas apropiadas, diversas estrategias de sanitización de materias primas e insumos usados en la planta elaboradora.