

## Uso de bacteriófagos como herramienta de biocontrol de *Campylobacter* desde la granja hasta la mesa

**I. NAFARRATE<sup>1</sup>, E. ERKOREKA<sup>2</sup>, E. MATEO<sup>2</sup> and A. LASAGABASTER<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>AZTI, División de Investigación Alimentaria, Parque Tecnológico de Bizkaia, Astondo bidea, Ed. 609, 48160 Derio, Bizkaia, España; <sup>2</sup>Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina y Enfermería, UPV/EHU, Bilbao, Bizkaia, España.  
\*email: [alasa@azti.es](mailto:alasa@azti.es)

La campilobacteriosis es la enfermedad transmitida por alimentos más comúnmente reportada en la Unión Europea desde 2005, con 246.158 casos confirmados en 2017 y se estima que tiene un coste asociado para la salud pública de aproximadamente 2,4 billones de euros cada año. Se considera que las aves de corral son el reservorio natural de estas bacterias y el consumo de carne de ave cruda o poco cocinada es una de las fuentes más comunes de infección humana. Se han propuesto múltiples estrategias de mitigación para el control de *Campylobacter*, sin embargo, ninguna de ellas ha sido capaz de solventar completamente el problema. Además, el uso de antimicrobianos en la producción primaria ha provocado la propagación de cepas resistentes a antibióticos, una amenaza adicional para la salud pública. En consecuencia, ante la necesidad de reducir la contaminación por *Campylobacter* desde la granja hasta la mesa, el uso de bacteriófagos se presenta como una prometedora alternativa. AZTI lleva varios años desarrollando una herramienta a base de fagos para el biocontrol de *Campylobacter*. Con ese fin se han aislado más de 300 fagos activos frente a *Campylobacter* a partir de muestras ambientales (heces de gallina y de cerdo) y alimentarias (carne de pollo). Una vez purificados y conservados, se ha determinado el tamaño de genoma de todos ellos mediante PFGE, de los cuales 18 han tenido un tamaño de genoma de cerca de 190 kb y se han clasificado como fagos del grupo II o *Cp220virus*, mientras que el resto, con genomas de unos 140 kb han correspondido al grupo III o *Cp8virus*. Conocido el tamaño de genoma, se ha analizado el rango de huésped de todos los fagos frente a 19 cepas, incluyendo nueve *C. jejuni*, ocho *C. coli* y una cepa de *C. fetus* y *C. upsaliensis*. Estos análisis han posibilitado la selección de los 59 fagos más prometedores (18 del grupo II y 41 del grupo III), con los que se ha estudiado el perfil de restricción de sus genomas. Los del grupo II se han digerido con el enzima *SmiI* y además han sido genotipados por RAPD-PCR dando lugar a seis perfiles diferentes. Los del grupo III únicamente se han digerido con el *HhaI*. A pesar de requerirse una mayor caracterización, los bacteriófagos seleccionados presentan un gran potencial para el desarrollo de nuevos productos a base de fagos.

**Palabras clave:** aves de corral, *Campylobacter*, bacteriófagos, biocontrol, caracterización