

CARATTERIZZAZIONE FENOTIPICA E MOLECOLARE DI CEPPI DI *V. VULNIFICUS* DEL MARE ADRIATICO

PHENOTYPIC AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF V. VULNIFICUS STRAINS FROM THE ADRIATIC SEA

Serratore P.¹, Zavatta E.¹, Bignami G.², Piano A.¹

¹Dipartimento di Scienze Mediche Veterinarie – Università di Bologna.

²Polo Scientifico Didattico di Cesena – Università di Bologna.

SUMMARY

Vibrio vulnificus, is an ubiquitous marine bacterium responsible of human food-borne disease and wound infection. Notwithstanding the great severity of the cases of septicemia (with up to 50% of mortality), the incidence of disease is relatively low, probably as a consequence of different virulence characteristics of the strains. At present *V. vulnificus* is divided into three distinct biotypes (BT): BT1 and BT3 strains cause human disease, while B2 strains infects primarily eels. The present study represent a first attempt to investigate the complete characterization of environmental strains isolated from molluscan shellfish of the North-West Adriatic Sea.

KEYWORDS

V. vulnificus, bivalve molluscs, Adriatic sea.

Vibrio vulnificus è un batterio Gram-negativo, alofilo, diffuso negli ambienti marini e salmastri di tutto il mondo, particolarmente abbondante nei molluschi bivalvi. È considerato l'agente causale di infezioni alimentari e da contatto. Le forme setticemiche primarie risultano particolarmente gravi, con una mortalità che supera il 50%. Infezioni causate da *V. vulnificus* sono segnalate in tutto il mondo ma solo sporadicamente nel Mediterraneo, dove tuttavia è stato isolato nel corso di numerosi studi. Attualmente sono riconosciuti 3 biotipi (BT) di cui il BT1 ed il BT3 patogeni per l'uomo. Il presente studio riguarda la completa caratterizzazione di ceppi di *V. vulnificus* isolati da molluschi bivalvi dell'Adriatico. Per la caratterizzazione fenotipica ci si è basati principalmente sullo schema proposto da Noguerola e Blanch (1). L'identificazione molecolare è stata effettuata in PCR analizzando i geni *vvhA* (2), *hsp* (3), *toxR* (4), *dnaj* (5) e *pntA* (6). Gli isolati sono stati sottoposti all'analisi dei geni *vcg*, 16S e CPS, set di marcatori proposti da (7) per discriminare i ceppi virulenti da quelli non virulenti. Sulla base di tale schema, su 14 ceppi testati, 8 si collocano nel gruppo dei non virulenti, 3 nel gruppo dei virulenti, e 3 hanno fornito dati contrastanti. I nostri dati confermano l'elevata eterogeneità

dei ceppi ambientali di questa specie.

BIBLIOGRAFIA

1. Noguerola, I., Blanch, A.R. (2008). Identification of *Vibrio* spp. with a set of dichotomous keys. *Journal of Applied Microbiology*, 105(1), 175-85.
2. Panicker, G., Call, D.R., Krug, M.J., Bej, A.K. (2004). Detection of pathogenic *Vibrio* spp. in shellfish by using multiplex PCR and DNA microarrays. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(12):7436-7444.
3. Tarr, C.L., Patel, J.S., Pühr, N.D., Sowers, E.G., Bopp, C.A., Strockbine, N.A. (2007). Identification of *Vibrio* isolates by a multiplex PCR assay and *rpoB* sequence determination. *Journal of Clinical Microbiology*, 45(1):134-40.
4. Bauer, A., Rørvik, L.M. (2007). A novel multiplex PCR for the identification of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae* and *Vibrio vulnificus*. *Letters in Applied Microbiology*, 45(4):371-5.
5. Nhung, P.H., Ohkusu, K., Miyasaka, J., Sun, X.S., Ezaki, T. (2007). Rapid and specific identification of 5 human pathogenic *Vibrio* species by multiplex polymerase

- chain reaction targeted to *dnaJ* gene. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 59(3):271-5.
6. Teh, C.S.J., Chua, K.H., Thong, K.L. (2010). Simultaneous differential detection of human pathogenic and nonpathogenic *Vibrio* species using a multiplex PCR based on *gyrB* and *pntA* genes. *Journal of Applied Microbiology*, 108(6):1940-5.
 7. Han, F., Ge, B. (2010). Multiplex PCR assays for simultaneous detection and characterization of *Vibrio vulnificus* strains. *Letters in Applied Microbiology*, 51(2), 234-40.