P086

BATTERIOLOGIA

KLEBSIELLA SPALLANZANII E KLEBSIELLA PASTEURII: DUE NUOVE SPECIE BATTERICHE

C. Merla [7], M. Corbella [6], D. Sassera [2], C. Bandi [5], J. Corander [1], E.J. Feil [4], S. Brisse [3], P. Marone [6]

[1]*Department of Biostatistics, University of Oslo, Oslo*

[2]*Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, Università degli Studi di Pavia, Pavia*

[3]*Institut Pasteur, Biodiversity and Epidemiology of Bacterial Pathogens, Paris*

[4]*Milner Centre for Evolution, Department of Biology and Biochemistry, University of Bath, Bath*

[5]*PCRC Romeo ed Enrica Invernizzi, Università di Milano, Milano*

[6]*UOC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia*

[7]*UOC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia; Scuola di Specializzazione in Microbiologia e Virologia, Università degli Studi di Pavia, Pavia*

INTRODUZIONE

Klebsiella spp, microrganismo ubiquitario è spesso associata a infezioni ospedaliere. Tra le diverse specie, Klebsiella oxytoca è responsabile di infezioni opportunistiche. K. oxytoca (sensu lato) è un complesso di specie costituito da 7 filogruppi di cui finora sono state descritte le specie K. oxytoca (sensu stricto) corrispondente al filogruppo Ko2, K. michiganensis a Ko1, K. grimontii a Ko6 e K. huaxiensis a Ko8. Le specie dei filogruppi Ko3, Ko4 e Ko7, per le quali è riportato in letteratura un singolo isolato, non sono state finora descritte. Nel corso del progetto Joint Programming Initiative of the European Commission on Antimicrobial Resistance "SpARK", volto ad analizzare i genomi di circa 3000 isolati di Klebsiella sono stati isolati 3 stipiti di Ko3 da urine umane, feci bovine, superfici e 13 isolati di Ko4 da feci umane, bovine e di tartaruga.
Scopo del presente lavoro è stato definire lo stato tassonomico di Ko3 e Ko4.

METODI

I ceppi sono stati isolati su terreno Simmons citrato con inositolo 1%. Il DNA genomico è stato estratto utilizzando il kit QIAsymphony DSP Virus/Pathogen (Qiagen). Dopo sequenziamento con Illumina HiSeq X Ten con protocollo paired-end (2 x 150 nt). La Average Nucleotide Identity (ANI) è stata calcolata con JSpeciesWS e l'ibridazione DNA-DNA in silico (isDDH) è stata ottenuta con GGDC. Le distanze filogenetiche sono state ottenute utilizzando il metodo neighbor-joining con la correzione Jukes-Cantor. L'analisi è stata effettuata su un concatenato di 3,814 geni core. Con FasTree v2.1 è stato ottenuto un albero filogenetico maximum-likelihood. Tutti gli isolati sono stati caratterizzati mediante API20E, Biolog e sottoposti a spettrometria MALDI-ToF (Bruker).

RISULTATI

Le analisi filogenetiche dimostrano che i 3 isolati di Ko3 e i 14 isolati di Ko4 formano cluster distinti rispetto a K. michiganensis, K. oxytoca, K. huaxiensis e K. grimontii. La ANI tra Ko3 e Ko4 e il filogruppo ad esse più vicino, rispettivamente K. huaxiensis e K. grimontii è 90.7% e 95.5%. Le analisi biochimiche e la spettrometria di massa MALDI-ToF hanno permesso di differenziare Ko3 e Ko4 dalle altre specie di K. oxytoca.

CONCLUSIONI

I nomi K. spallanzanii e K. pasteurii sono stati proposti rispettivamente per Ko3 e Ko4. Il ceppo SPARK_775_C1T (CIP 111695T, DSM 109531T) è stato proposto come type strain della specie K. spallanzanii e il ceppo SPARK_836_C1T (CIP 111696T, DSM 109530T) della specie K. pasteurii.