

Małgorzata Pawlikowska^{1*}, Wiesław Deptuła¹

¹ Katedra Mikrobiologii i Immunologii Wydział Biologii Uniwersytet Szczeciński,
ul. Felczaka 3c, 71-412 Szczecin

Wpłynęło w lipcu 2011 r.

1. Wprowadzenie. 2. Charakterystyka rodziny *Parachlamydiaceae*. 3. Charakterystyka rodziny *Simkaniaceae*. 4. Charakterystyka rodziny *Rhabdochlamydiaceae*. 5. Charakterystyka rodziny *Waddliaceae*. 6. Charakterystyka rodziny *Piscichlamydiaceae*. 7. Charakterystyka rodziny *Clavochlamydiaceae*. 8. Charakterystyka rodziny *Criblamydiaceae*. 9. Charakterystyka chlamydii niesklasyfikowanych. 10. Podsumowanie

Environmental chlamydiae – new data

Abstract: To date, studies concerning bacteria from the order *Chlamydiales* were focused on a pathogen belonging to *Chlamydiaceae* family. Lately, thanks to molecular biology techniques, the taxonomy of *Chlamydiales* was expanded with four new families: *Rhabdochlamydiaceae*, *Piscichlamydiaceae*, *Clavochlamydiaceae* and *Criblamydiaceae* and new isolates non-classified to any family. These bacteria are isolated as endosymbionts of insects, fishes and from water and water desposits. Among these microorganisms, environmental chlamydiae have been identified, as pathogens of human and animals.

1. Introduction. 2. Characteristics of *Parachlamydiaceae* family. 3. Characteristics of *Simkaniaceae* family. 4. Characteristics of *Rhabdochlamydiaceae* family. 5. Characteristics of *Waddliaceae* family. 6. Characteristics of *Piscichlamydiaceae* family. 7. Characteristics of *Clavochlamydiaceae* family. 8. Characteristics of *Criblamydiaceae* family. 9. Characteristics of non-classified chlamydiae. 10. Summary

Słowa kluczowe: chlamydie środowiskowe, *Rhabdochlamydiaceae*, *Piscichlamydiaceae*, *Clavochlamydiaceae*, *Criblamydiaceae*

Key words: environmental chlamydiae, *Rhabdochlamydiaceae*, *Piscichlamydiaceae*, *Clavochlamydiaceae*, *Criblamydiaceae*

1. Wprowadzenie

Chlamydie od wielu lat znane są głównie jako patogeny człowieka i zwierząt, a ich systematyka do końca XX wieku obejmowała jeden rodzaj z 4 gatunkami [40]. W 1999 roku na podstawie badań molekularnych nastąpiła „rewolucja” w systematyce chlamydii, na podstawie której wyodrębniono w rzędzie *Chlamydiales* 4 rodziny: *Chlamydiaceae* z dwoma gatunkami *Chlamydia* sp. i *Chlamydophila* sp. oraz 3 nowe rodziny *Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae* i *Waddliaceae* [29]. Te trzy rodziny utworzyły bakterie bytujące w nowych niszach ekologicznych, jako że pierwotnie stwierdzano je u ameb, ryb, owadów, a obecnie izoluje się je także od ludzi i zwierząt ze stanów chorobowych [1, 18, 29, 58]. Fakty te przybliżyliśmy w poprzedniej pracy [58], która po raz pierwszy w piśmiennictwie polskim, scharakteryzowała chlamydie środowiskowe tworzące rodziny *Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae* i *Waddliaceae*. Obecna systematyka chlamydii [52] została rozbudowana o następne 4 nowe rodziny, zaliczane także do chlamydii środowiskowych, to jest *Rhabdochlamydiaceae*, *Piscichlamydiaceae*, *Clavochlamydiaceae* i *Criblamydiaceae* (tab. I). O chlamydiach środowiskowych pojawiły się nowe dane, także dotyczące ich potencjalnej chorobotwórczości dla człowieka oraz zwierząt i te fakty prezentujemy w obecnej pracy.

2. Charakterystyka rodziny *Parachlamydiaceae*

Do rodziny *Parachlamydiaceae* (tab. I) przynależą dwa rodzaje *Parachlamydia* i *Neochlamydia*, każdy z jednym gatunkiem, odpowiednio *Parachlamydia* (*P.*) *acanthamoebae*, *Neochlamydia* (*N.*) *hartmanelleae* oraz rodzaj *Protochlamydia* z dwoma gatunkami: *Protochlamydia* (*Pr.*) *amoebophila* i *Pr. nagleriophila* oraz przypisany do rodziny „*Candidatus* *Metachlamydia lacustris*” [1, 5, 12, 15, 33, 42, 54, 66]. Charakterystykę rodziny oraz gatunków *P. acanthamoebae*, *N. hartmanelleae* i *Pr. amoebophila*, opisano poprzednio [58]. Obecnie należy tylko dodać, że parachlamydie, mimo że pierwotnie zostały wyizolowane jako endosymbionty ameb, są potencjalnymi patogenami dla ludzi i zwierząt [28, 37], gdyż mają zdolność do namnażania się w komórkach ludzi i małp [9, 11, 36]. Pierwsze doniesienia o chorobotwórczości u ludzi dotyczyły zapalenia rogówki u osób noszących soczewki kontaktowe, jako że ich gospodarze (ameby), znajdowały się w biofilmie występującym na szklach kontaktowych [17, 37]. U osób z obniżoną odpornością wykazano, że parachlamydie mogą powodować zmiany skórne [17, 37]. Nadto zdolność parachlamydii do przeżywania wewnątrz ameb, może doprowadzać do utajonych infekcji dróg oddechowych u ludzi, gdyż ameby ulegają lizie w błonie śluzowej nosa, a uwalniane parachlamydie zakażają komórki układu oddechowego

* Autor korespondencyjny: Katedra Mikrobiologii i Immunologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Szczeciński, ul. Felczaka 3c, 71-412 Szczecin; tel.: (091) 444 16 05, 444 15 92; fax: (091) 444 16 06; e-mail: kurp13@univ.szczecin.pl

Tabela I

Systematyka rzędu *Chlamydiales* z uwzględnieniem chlamydii środowiskowych [1, 5, 7, 9-11, 12, 14-16, 18-21, 23-26, 30, 31, 37, 39, 41-44, 46-51, 54-57, 63, 65, 66]

Rząd Rodzina	Chlamydiales									
	Chlamydiaceae	Parachlamydiaceae	Simkaniaceae	Rhabdo-chlamydiaceae	Waddliaceae	Piscichlamydiaceae	Clavochlamydiaceae	Criblamydiaceae	Chlamydie nie zaklasyfikowane do rodzin	
Rodzaj i gatunek	Rodzaj: <i>Chlamydia</i> (C.) Gatunek: <i>C. trachomatis</i> <i>C. suis</i> <i>C. muridarum</i> Rodzaj: <i>Chlamydia</i> (<i>Cp.</i>) Gatunek: <i>N. hartmannellae</i> Rodzaj: <i>Cp. psittaci</i> <i>Cp. abortus</i> <i>Cp. felis</i> <i>Cp. caviae</i> <i>Cp. pecorum</i> <i>Cp. pneumoniae</i>	Rodzaj: <i>Parachlamydia</i> (P) Gatunek: <i>P. acanthamoebae</i> Rodzaj: <i>Neochlamydia</i> (N.) Gatunek: <i>N. hartmannellae</i> Rodzaj: <i>Protochlamydia</i> (Pr.) Gatunek: <i>Pr. amoebophila</i> <i>Pr. naegleriophila</i> <i>Candidatus</i> <i>Metachlamydia</i> <i>lacustris</i>	Rodzaj: <i>Simkania</i> (S.) Gatunek: <i>S. negevensis</i> Rodzaj: <i>Fritschea</i> (F.) Gatunek: <i>F. bemisiae</i> <i>F. eriococci</i>	Rodzaj: <i>Rhabdochlamydia</i> (R.) Gatunek: <i>R. porcellioni</i> <i>R. crassifcans</i>	Rodzaj: <i>Waddlia</i> (W.) Gatunek: <i>W. chondrophila</i> <i>W. malaysiensis</i>	„ <i>Candidatus</i> <i>Piscichlamydia</i> <i>salmonis</i> ”	„ <i>Candidatus</i> <i>Clavochlamydia</i> <i>salmonicola</i> ”	<i>Criblamydia</i> <i>sequanensis</i> <i>Estralla</i> <i>lausamensis</i>	**bakterie chlamydiopodobne: Taynaya-24, CRG18, CRG20, CRG98, cvE60, CRIB32	
Inne gatunki	ECL VII*	ECL I-V, VII*; <i>Parachlamydia</i> sp. UV-7, cvC7, cvC15, Burton-46, UKC1-9, CRIB35, CRIB36, CRIB37	ECL VI, cvE6, cvE9, cvE38, cvE41	CRIB33, CRIB34	Brak danych	Brak danych	Brak danych	CRIB31		

Objaśnienia: ECL – chlamydialne linie środowiskowe (environmental chlamydiae lineage); ECL VII* – szczepy tej linii wykazują 87–89% podobieństwo do bakterii z rodziny *Chlamydiaceae*;
** – sugeruje się, że zarazki te przynależą do rzędu *Chlamydiales* – grupa chlamydie niesklasyfikowane

[17]. Warto dodać, że ameby z parachlamydiami izolowano od ludzi z epidemią gorączki wilgotnej [27]. Ich patogenność potwierdzono wywołując eksperymentalnie zapalenie płuc u myszy i wykazując w ich płucach metodą PCR, obecność materiału genetycznego *P. acanthamoebae* [8]. Ponadto stwierdzono metodami biologii molekularnej udział tej bakterii w pozaszpitalnym zapaleniu płuc u ludzi [38] oraz wykazano ją w płynie mózgowo-rdzeniowym pacjentów chorych na stwardnienie rozsiane [13], w płytkach miażdżycowych u ludzi [35], a także w poronionych płodach u bydła [6, 67], owiec i kóz [62]. U kobiet zakażonych *P. acanthamoebae*, wykazano możliwość jej przechodzenia przez łożysko i prowokowanie przedwczesnych porodów [2], jak też powodowanie schorzeń układu oddechowego u wcześniaków [53]. Bakterię tę wykazano metodą PCR w zapaleniu płuc, osierdza, nerek i wątroby u gadów (węże, żółwie, jaszczurki) [64]. *P. acanthamoebae* stwierdzano również u kotów z zapaleniem rogówki, nekrozą i erozją rogówki, nie wykazując obecności ameb, co sugerowałoby przeżywalność tych bakterii poza swoistym gospodarzem [59]. Bakterię wykryto u kurczaków z objawami typowymi dla chlamydiozy (zapalenie spojówek, osłabienie) [59]. Zainfekowanie *P. acanthamoebae* hodowli makrofagów (BMDM – bone-marrow derived macrophages), powoduje ich stymulację poprzez receptor TLR2 i TLR4, do produkcji TNF α , IL-6 i IL-12 [61]. Natomiast *Neochlamydia* sp. – szczep UWC22, izolowano z ameb rodzaju *Acanthamoeba* występujących na soczewkach kontaktowych u osób z zapaleniem rogówki [31]. Nowo opisany gatunek *Pr. naegleriophila*, został wyizolowany jako endosymbiont ameb z rodzaju *Naegleria*, występujących w wodach słodkich [9]. Bakteria ta wykazuje około 70% podobieństwo genetyczne w rejonie 16S rRNA do bakterii z rzędu *Chlamydiales* oraz 91,1% podobieństwo do *P. acanthamoebae* [9]. Zarzek ten może być przyczyną zapalenia płuc u ludzi, jako że ma zdolność przeżywania w ludzkich makrofagach [36]. Stwierdzono ją także w próbach pochodzących z płukania pęcherzyków oskrzelowych u osób z zapaleniem płuc [9]. Do rodziny *Parachlamydiaceae* przypisano także „*Candidatus Metachlamydia lacustris*”, zidentyfikowany jako endosymbiont nowo opisanego gatunku ameb *Saccamoeba lacustris* [15]. Analiza genetyczna jego 16S rDNA, wykazała podobieństwo 99,4% do *P. acanthamoebae*, 93,9% do bakterii z rodzaju *Protochlamydia* i 93,5% do rodzaju *Neochlamydia* oraz poniżej 89% do innych „linii chlamydialnych” [15]. Cechą tego endosymbionta jest to, że tworzy typowe chlamydialne inkluzje, ale namnaża się jedynie w amebie *Saccamoeba lacustris*, a nie namnaża się w amebach z rodzaju *Acanthamoeba* [15]. Również do tej rodziny (*Parachlamydiaceae*) zaliczono dwa nowe fylotypy, oznaczone jako cvC7 i cvC15, otrzymane w próbach pochodzących odpowiednio z popłuczyn z nosa i płwociny człowieka [19].

Obydwa izolaty wykazują 93,8% podobieństwo sekwencji 16S rDNA wobec siebie oraz 93,5% (cvC15) i 95,3% (cvC7) do *P. acanthamoebae* [19]. Także do tej rodziny przypisano wyizolowany z osadu słonego jeziora Burton (Wschodnia Antarktyda), izolat Burton-46, wykazujący 92% podobieństwo do bakterii z rodziny *Parachlamydiaceae* [7], a także 88,7% do *W. chondrophila* [20]. Nadto Devereaux i wsp. [23] do tej rodziny przypisali także 9 nowych fylotypów (UKC1-9) zidentyfikowanych u koali w Australii. Bakterie te wykryto w populacji koali, u których w latach 1999–2000 wykazano oprócz zakażeń typowych dla *Chlamydophila* (*Cp.*) *pneumoniae* i *Cp. pecorum*, obecność materiału genetycznego tych nowych „chlamydii”, wykazujących podobieństwo do bakterii z rodziny *Parachlamydiaceae*. Warto również wspomnieć, że do *Parachlamydiaceae* zaklasyfikowano izolaty CRIB35, CRIB36 i CRIB37, zidentyfikowane odpowiednio w biofilmie i osadzie zbiornika wodnego oraz w amebach *Acanthamoeba* [14]. Izolaty te (CRIB35 i CRIB36) wykazują podobieństwo na poziomie 97,5–97,6% do *Pr. amoebophila* i 99,4–99,5% do *Pr. naegleriophila*, zaś izolat CRIB37 wykazuje podobieństwo rzędu 97,1% do *N. hartmannellae* i 99,8% do szczepu UWC22 *N. hartmannellae* [14].

3. Charakterystyka rodziny *Simkaniaceae*

Rodzinę *Simkaniaceae* (tab. I) tworzy obecnie rodzaj *Simkania* (*S.*) z jednym gatunkiem oraz rodzaj *Fritschea* z dwoma gatunkami. Poprzednio [58] należały tu także dwa gatunki *Rhabdochlamydia* (*R.*) *porcellionis* i *R. crassificans*, ale obecnie tworzą one nową rodzinę *Rhabdochlamydiaceae*. Rodzaje *Simkania* i *Fritschea* zostały opisane i scharakteryzowane w poprzedniej pracy [58]. Dodać należy, że zdolność do przenoszenia tej bakterii przez ameby potwierdzono, wprowadzając zakażone tą bakterią ameby *Acanthamoeba polyphaga* do hodowli monocytów i makrofagów ludzkich, w których stwierdzono po pewnym czasie *S. negevensis* [45]. Także obecnie do tej rodziny przypisano klady cvE6 i cvE9, wyizolowane z wody świeżej, odpowiednio z Francji i Włoch, które wykazują 87,9–92,7% podobieństwo do bakterii z rodzaju *Simkania* [20]. Ponadto opisano fylotypy cvE38 i cvE41, zidentyfikowane w wodzie słodkiej, które wykazują 98% podobieństwo do kładu cvE9 z rodziny *Simkaniaceae*, co dowodzi, że można umieścić je także w tej rodzinie [18].

4. Charakterystyka rodziny *Rhabdochlamydiaceae*

Rodzinę tę tworzą bakterie wcześniej klasyfikowane do rodziny *Simkaniaceae*, czyli *R. porcellionis* i *R. crassificans* (tab. I). Po raz pierwszy izolowano je z ciał

owadów, a obecnie także identyfikuje się je metodami biologii molekularnej u pacjentów w pozaszpitalnym zapaleniu płuc [38] oraz wcześniaków z problemami ze strony układu oddechowego [53], choć także otrzymano je z przypadków poronień u bydła [67]. Do tej rodziny, oprócz opisanych dwóch gatunków *R. porcellionis* i *R. crassificans* [58], przypisano izolaty CRIB33 i CRIB34 otrzymane w Hiszpanii, odpowiednio z osadu ze zbiornika wodnego oraz z wody powierzchniowej [14]. Analiza genetyczna wykazała 89,0% (CRIB33) i 87,5% (CRIB34) podobieństwo do *R. crassificans* [14].

5. Charakterystyka rodziny *Waddliaceae*

Do rodziny *Waddliaceae* należy rodzaj *Waddlia* (*W.*) z dwoma gatunkami: *W. chondrophila* i *W. malasyensis* (tab. I), które scharakteryzowano poprzednio [58]. Dowiedziono, że *W. chondrophila* odpowiedzialna jest za ronienia u bydła [6, 24, 50], ale także może powodować ronienia u ludzi, co wykazano na podstawie występowania przeciwciał anti-*W. chondrophila* w teście immunofluorescencyjnym i western-blott u kobiet po poronieniach [3, 4]. Także metodą nested-PCR wykazano występowanie materiału genetycznego *W. chondrophila* u pacjentów z pozaszpitalnym zapaleniem płuc [38], zaś metodą PCR-HRM stwierdzono ją u kur [60]. Bakteria ta ma zdolność namnażania się w ludzkich makrofagach [32], powodując odpowiedź immunologiczną, manifestującą się słabą syntezą IL-1 β i IL-10 [34]. Wykazano także, że bakteria ta w hodowlach ameb *Acanthamoeba castellanii*, wykazuje wrażliwość na doksycylinę i azytromycynę [33]. Opisano także, że *W. chondrophila* charakteryzuje się nieco odmiennym cyklem replikacyjnym w ludzkich makrofagach, niż klasyczne chlamydie czy parachlamydie [22]. Dowiedziono, że wczesna inkluzja tych bakterii przemieszcza się поближе mitochondrium w komórce gospodarza oraz łączy się z kalneksyną – białkiem siateczki endoplazmatycznej, co pozwala na przetrwanie tych zarazków w komórkach gospodarza [22].

6. Charakterystyka rodziny *Piscichlamydiaceae*

Do tej rodziny przynależą bakterie izolowane z cyst skrzelowych łososi, dla których zaproponowano nazwę „*Candidatus* *Piscichlamydia salmonis*” [26], a opisano wcześniej jako bakterię należącą do chlamydii niesklasyfikowanych [58]. Bakteria ta wykazuje cykl życiowy z trzema formami (ciałko podstawowe EB, ciałko siateczkowate RB i ciałko pośrednie IB), a jej podobieństwo genetyczne do bakterii z rodziny *Parachlamydiaceae* wynosi 81–82% i 80% do bakterii z rodzaju *Chlamydomphila* [26].

7. Charakterystyka rodziny *Clavochlamydiaceae*

Do tej rodziny przynależy „*Candidatus* *Clavochlamydia salmonicola*” izolowany z cyst skrzelowych łososi norweskich oraz ze skrzelu łososi atlantyckich hodowanych w Irlandii (tab. I). Otrzymano je również u wolno żyjących łososi, które wykazywały objawy ze strony układu oddechowego, m.in. cysty skrzelu [49]. W badaniach tych wykazano w oparciu o analizę genu 16S rRNA, ponad 90% podobieństwo do bakterii z rzędu *Chlamydiales* [49]. Analiza filogenetyczna „umieściła” tę bakterię w rodzinie *Chlamydiaceae* i ECLVII [49], choć podobieństwo *Clavochlamydia salmonicola* na poziomie 81% do *Piscichlamydia salmonis*, pozwoliło na utworzenie nowej rodziny *Clavochlamydiaceae*.

8. Charakterystyka rodziny *Criblamydiaceae*

Do tej rodzinie zaklasyfikowano *Criblamydia sequanensis* (tab. I) wyizolowaną z wód Sekwany [66], choć także obecność materiału genetycznego tego zarazka stwierdzono w hodowli ameb *Acanthamoeba castellanii*. Analiza genetyczna polegająca na sekwencjonowaniu genów 16S rRNA, 16S rDNA, translokazy ADP/ATP i RnpB, wykazała 88,5–89,8% podobieństwo ich do przedstawicieli rodziny *Parachlamydiaceae*, 87,1–88,3% do bakterii z rodziny *Waddliaceae*, 86,2–85,6% do zarazków z rodziny *Chlamydiaceae* oraz 84,7–85,6% do mikroorganizmów z rodziny *Simkaniaceae*. Stąd oceniono, że nowa bakteria nie przynależy do żadnej z rodzin, ale cechuje ją podobieństwo do zarazków z rzędu *Chlamydiales* i zaproponowano utworzenie nowej rodziny *Criblamydiaceae* fam. nov. [66]. Bakteria ta charakteryzuje się tym, że posiada cykl życiowy z dwiema formami morfologicznymi: ciałkiem EB o kształcie gwiazdzistym i ciałkiem RB. Próby hodowli tego zarazka w liniach tkankowych Vero, HEL, Hep-2 i A549, dały wynik negatywny, ale wykazano możliwość reinfekcji kultur ameb supernatantem z tych hodowli [66]. Również do tej rodziny przynależy *Estrella lausannensis*, wyizolowana w wody gruntowej w Hiszpanii i oznaczona pierwotnie jako CRIB30 [14], a która wykazuje podobieństwo, zarówno morfologiczne jak i genetyczne, we fragmencie 16S rDNA, do *Criblamydia sequanensis*, które wynosi 93% [14].

9. Charakterystyka niesklasyfikowanych chlamydii środowiskowych

W obrębie rzędu *Chlamydiales*, oprócz 8 rodzin, to jest *Chlamydiaceae*, *Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae*, *Rhabdochlamydiaceae*, *Waddliaceae*, *Piscichlamydiaceae*, *Clavochlamydiaceae* i *Criblamydiaceae*, znajdują

się inne bakterie wewnątrzkomórkowe, które jeszcze nie zostały całkowicie sklasyfikowane (tab. I). Do tej grupy został przypisany jeszcze nie nazwany endosymbiont wyizolowany z komórek gastrodermy bezkręgowca *Xenoturbella* [43], który na podstawie analiz 16S i 23S rRNA, wykazuje podobieństwo do rodzaju *Fritschea* i do rodzaju *Simkania*. Jest to forma pleomorficzna, posiadająca spłaszczone dyskoideale ciało elementarne, owalne lub kształtu muchy, w przekroju poprzecznym oraz sferyczne, wielokątne lub nieregularne ciało siateczkowate. Podobnie jak u wszystkich chlamydii nie zauważa się efektu cytopatycznego w hodowli [43]. Do tej grupy zalicza się także chlamydiopodobną bakterię wyizolowaną z naskórka białych krewetek pacyficznych (*Litopenaeus vannamei*) [44], która charakteryzuje się pleomorfizmem dwóch stadiów rozwojowych, ciała EB jak i ciała RB, bo są albo sferyczne albo owalne i obie formy mogą występować jako małe lub duże komórki [44]. Podkreślić należy, że nie wykazano obecności tej bakterii poza naskórkiem, co potwierdzałoby tropizm tych zarazków do komórek nabłonkowych [44]. W tej grupie niesklasyfikowanych chlamydii znalazł się także izolat Taynaya-24, otrzymany z osadu słonego jeziora z terenu Wschodniej Antarktydy [7]. Wykazuje on 87,9% podobieństwo do izolatu cvE6 należącego do rodziny *Simkaniaceae* [19]. Ponieważ oba nie reagowały ze starterami specyficznymi dla *S. negevensis*, sugeruje się, że stanowią one osobną linię. Również do niesklasyfikowanych chlamydii środowiskowych, należą bakterie zidentyfikowane genetycznie w cystach nabłonkowych skrzeli pławikonika australijskiego (CRG20) i okonia srebrzystego (CRG18) oraz z cyst skrzeli i skóry baramundi (CRG98) [55]. Analiza filogenetyczna wykazała, że nie należą one do rodzin w rzędzie *Chlamydiales*, a grupują się odpowiednio CRG20 z *R. porcellionis*, CRG18 z endosymbiontami ameb TUME1 i UWC22, zaś CRG98 tworzy odrębną linię, pomiędzy liniami z *Piscichlamydia salmonis* i *R. porcellionis* [55]. Także do chlamydii środowiskowych, przynależy otrzymany z biofilmu ze zbiornika wody w Hiszpanii izolat CRIB32 [14], który tworzy osobną linię w analizie genetycznej i wykazuje 85,6–88,7% podobieństwo do innych bakterii z rzędu *Chlamydiales* [14].

10. Podsumowanie

Z przedstawionych faktów wynika, że chlamydie środowiskowe są mikroorganizmami powszechnie występującymi w środowisku, zarówno wodnym jako endosymbionty ameb, krewetek czy ryb, ale także lądowym, gdyż stwierdza się je u owadów i ssaków. Wśród nich są bakterie patogenne dla człowieka, izolowane głównie ze schorzeń układu oddechowego i są to *Parachlamydia acanthamoebae*, *Protochlamydia naegleriophila* i *Simka-*

nia negevensis lub z przypadków poronień u kobiet i jest to *Waddlia chondrophila*. Bakterie te izolowano nie tylko od ssaków (bydło, koty), ale także od gadów (np. węże, żółwie, jaszczurki). Wykazują też zdolność do infekowania takich komórek jak monocyty/makrofagi. Fakty te, czyli powszechne występowanie ich w środowisku oraz potencjał chorobotwórczy, dowodzi konieczności przybliżania ich biologii, gdyż stają się one nowymi patogenami dla ssaków, w tym człowieka.

Piśmiennictwo

1. Amman R., Springer N., Schonhuber W., Ludwig W., Schmid E.N., Muller K.D., Michel R.: Obligate intracellular bacterial parasites of acanthamoebae related to *Chlamydia* spp. *Appl. Environment. Microbiol.* **63**, 115–121 (1997)
2. Baud D., Goy G., Gerber S., Vial Y., Hohlfeld P., Greub G.: Evidence of maternal-fetal transmission of *Parachlamydia acanthamoebae*. *Emerg. Infect. Dis.* **15**, 120–121 (2009)
3. Baud D., Thomas V., Arafa A., Regan L., Greub G.: *Waddlia chondrophila*, a potential agent of human fetal death. *Emerg. Infect. Dis.* **13**, 1239–1243 (2007)
4. Bavoil P., Stephens R.S., Falkow S.A.: A soluble 60 kilodalton antigen of *Chlamydia* spp. is a homologue of *Escherichia coli* GroEL. *Mol. Microbiol.* **4**, 461–469 (1990)
5. Birtles R.J., Rowbotham T.J., Storey C., Marrie T.J., Raoult D.: Chlamydia-like obligate parasite of free-living amoeba. *Lancet*, **349**, 925–926 (1997)
6. Borel N., Ruhl S., Casson N., Kaiser C., Pospischil A., Greub G.: *Parachlamydia* spp. and related Chlamydia-like organisms and bovine abortion. *Emerg. Infect. Dis.* **13**, 1904–1907 (2007)
7. Bowman J.P., Rea S.M., McCammon S.A., McMeekin T.A.: Diversity and community structure within anoxic sediment from marine salinity meromictic lakes and a coastal meromictic basin, Vestfold Hills, Eastern Antarctica. *Environment. Microbiol.* **2**, 227–237 (2000)
8. Casson N., Entenza J.M., Borel N., Pospischil A., Greub G.: Murine model of pneumonia caused by *Parachlamydia acanthamoebae*. *Microb. Pathog.* **45**, 92–97 (2008)
9. Casson N., Michel R., Müller K.-D., Aubert J.D., Greub G.: *Protochlamydia naegleriophila* as etiologic agent of pneumonia. *Emerg. Infect. Dis.* **14**, 168–172 (2008)
10. Chua P.K.B., Corkill J.E., Hooi P.S., Cheng S.C., Winstanley C., Hart C. A.: Isolation of *Waddlia malaysiensis*, a novel intracellular bacterium, from fruit bat (*Eonycteris spelaea*). *Emerg. Infect. Dis.* **11**, 271–277 (2005)
11. Collingro A., Poppert S., Heinz E., Schmitz-Esser S., Essig A., Schweikert M., Wagner M., Horn M.: Recovery of an environmental sludge by co-cultivation with *Acanthamoeba* sp. *Microbiology*, **151**, 301–309 (2005)
12. Collingro A., Toenshoff E.R., Taylor M.W., Fritsche T.R., Wagner M., Horn M.: 'Candidatus Protochlamydia amoebophil' an endosymbiont of *Acanthamoeba* spp. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **55**, 1863–1866 (2005)
13. Contini C., Seraceni S., Cultrera R., Castellazzi M., Granieri E., Fainardi E.: Molecular detection of *Parachlamydia*-like organisms in cerebrospinal fluid of patients with multiple sclerosis. *Mult. Scler.* **14**, 564–566 (2008)
14. Corsaro D., Feroldi V., Saucedo G., Ribas F., Loret J.-F., Greub G.: Novel *Chlamydiales* strains isolated from a water treatment plant. *Environ. Microbiol.* **11**, 188–200 (2009)

15. Corsaro D., Michel R., Walochnik J., Müller K.-D., Greub G.: *Saccamoeba lacustris*, sp. nov. (*Amoebozoa: Lobosea: Hartmannellidae*), a new lobose amoeba, parasitized by novel Chlamydia 'Candidatus Metachlamydia lacustris' (*Chlamydiae: Parachlamydiaceae*). *Eur. J. Protistol.* **46**, 86–95 (2010)
16. Corsaro D., Thomas V., Goy G., Venditti D., Radek R., Greub G.: 'Candidatus Rhabdochlamydia crassificans', an intracellular bacterial pathogen of the cockroach *Blatta orientalis* (Insecta: Blattodea). *Syst. Appl. Microbiol.* **30**, 221–228 (2007)
17. Corsaro D., Venditti D.: Emerging Chlamydial infections. *Crit. Rev. Microbiol.* **30**, 75–106 (2004)
18. Corsaro D., Venditti D.: Detection of Chlamydiae from freshwater environments by PCR, amoeba coculture and mixed coculture. *Res. Microbiol.* **160**, 547–552 (2009)
19. Corsaro D., Venditti D., Valassina M.: New parachlamydial 16S rDNA phylotypes detected in human clinical samples. *Res. Microbiol.* **153**, 563–567 (2002)
20. Corsaro D., Venditti D., Valassina M.: New chlamydial lineages from freshwater samples. *Microbiology*, **148**, 343–344 (2002)
21. Crespo S., Zarza C., Padros F., Marin de Mateo M.: Epitheliocystis agents in sea bream *Spartus aurata*: morphological evidence for two distinct chlamydia-like developmental cycles. *Dis. Aquat. Org.* **37**, 61–72 (1999)
22. Croxatto A., Greub G.: Early intracellular trafficking of *Waddlia chondrophila* in human macrophages. *Microbiology*, **156**, 340–355 (2010)
23. Devereaux L.N., Polkinghorne A., Meijer A., Timms P.: Molecular evidence for novel chlamydial infections in the koala (*Phascogaleoleo cinereus*). *Syst. Appl. Microbiol.* **26**, 245–253 (2003)
24. Dilbeck P.M., Evermann J.F., Crawford T.B., Ward A.C.S., Leathers C.W., Holland C.J., Mebus C.A., Logan L.L., Rurangirwa F.R., McGuire T.C.: Isolation of a previously undescribed rickettsia from an aborted bovine fetus. *J. Clin. Microbiol.* **28**, 814–816 (1990)
25. Dilbeck-Robertson P., McAllister M.M., Bradway D., Evermann J.F.: Results of a new serologic test suggest an association of *Waddlia chondrophila* with bovine abortion. *J. Vet. Diagn. Invest.* **15**, 468–469 (2003)
26. Draghi A., Popov V.L., Kahl M.M., Stanton J.B., Brown C.C., Tsongalis G.J., West A.B., Frasca S.: Characterization of 'Candidatus Piscichlamydia salmonis' (order *Chlamydiales*), a chlamydia-like bacterium associated with epitheliocystis in farmed atlantic salmon (*Salmo salar*). *J. Clin. Microbiol.* **42**, 5286–5297 (2004)
27. Everett K.D.: Chlamydia and Chlamydiales: more than meets the eye. *Vet. Microbiol.* **75**, 109–126 (2000)
28. Everett K.D.E., Andersen A.A., Planut M., Hatch T.P.: Cloning and sequence analysis of the major outer membrane protein gene of *Ch. psittaci* 6BC. *Infect. Immun.* **59**, 2853–2855 (1991)
29. Everett K.D., Bush R.M., Andersen A.A.: Emended description of the order *Chlamydiales*, proposal of *Parachlamydiaceae* fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family *Chlamydiaceae*, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. *Int. J. Syst. Bacteriol.* **49**, 415–440 (1999)
30. Everett K.D.E., Thao M.L., Horn M., Dyszynski G.E., Baumann P.: Novel chlamydiae in whiteflies and scale insects: endosymbionts 'Candidatus Fritschea bemisiae' strain Falk and 'Candidatus Fritschea eriococci' strain Elm. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **55**, 1581–1587 (2005)
31. Fritsche T.R., Horn M., Wagner M., Herwig R.P., Schleifer K.-H., Gautom R.K.: Phylogenetic diversity among geographically dispersed *Chlamydiales* endosymbionts recovered from clinical and environmental isolates of *Acanthamoeba* spp. *Appl. Environm. Microbiol.* **66**, 2613–2619 (2000)
32. Goy G., Croxatto A., Greub G.: *Waddlia chondrophila* enters and multiplies within human macrophages. *Microbes Infect.* **10**, 556–562 (2008)
33. Goy G., Greub G.: Antibiotic susceptibility of *Waddlia chondrophila* in *Acanthamoeba castellanii* amoebae. *Antimicrob. Agents Chemother.* **53**, 2663–2666 (2009)
34. Greub G., Desnues B., Raoult D., Mege J.-M.: Lack of microbicidal response in human macrophages infected with *Parachlamydia acanthamoebae*. *Microbes Infect.* **7**, 714–719 (2005)
35. Greub G., Hartung O., Adekambi T., Alimi Y.S., Raoult D.: Chlamydia-like organisms and atherosclerosis. *Emerg. Infect. Dis.* **12**, 705–706 (2006)
36. Greub G., Mege J.L., Raoult D.: *Parachlamydia acanthamoeba* enters and multiplies within human macrophages and induces their apoptosis. *Infect. Immun.* **71**, 5979–5985 (2003)
37. Greub G., Raoult D.: *Parachlamydiaceae*: potential emerging pathogens. *Emerg. Inf. Dis.* **8**, 625–630 (2002)
38. Haider S., Collingro A., Walochnik J., Wagner M., Horn M.: Chlamydia-like bacteria in respiratory samples of community-acquired pneumonia patients. *FEMS Microbiol. Lett.* **281**, 198–202 (2008)
39. Henning K., Schares G., Granzow H., Polster U., Hartmann M., Hotzel H., Sachse K., Peters M., Rauser M.: *Neospora caninum* and *Waddlia chondrophila* strain 2032/99 in a septic stillborn calf. *Vet. Microbiol.* **85**, 285–292 (2002)
40. Holt J.G. i wsp. (red.): Bergey's Manual of Systematic Bacteriology. Williams & Wilkins, Baltimore 1988.
41. Horn M., Wagner M.: Evidence for additional genus-level diversity of *Chlamydiales* in the environment. *FEMS Microbiol. Lett.* **204**, 71–74 (2001)
42. Horn M., Wagner M., Müller K.-D., Schmid E.N., Fritsche T.R., Schleifer K.-H., Michel R.: *Neochlamydia hartmannellae* gen. nov., sp. nov. (*Parachlamydiaceae*), an endoparasite of amoeba *Hartmannella vermiformis*. *Microbiology*, **146**, 1231–1239 (2000)
43. Israelsson O.: Chlamydial symbionts in the enigmatic *Xenoturbella* (Deuterostomia). *J. Invertebr. Pathol.* **96**, 213–220 (2007)
44. Jimenez R., Barniol R., de Barniol L., Machuca M.: A dual infection by infectious cuticular epithelial necrosis virus and a Chlamydia-like organism in cultured *Litopenaeus vannamei* (Boone) in Ecuador. *Aquacult. Res.* **32**, 875–883 (2001)
45. Kahane S., Dvoskin B., Friedman M.G.: The role of monocyte/macrophages as vehicles of dissemination of *Simkania negevensis*: an in vitro simulation model. *FEMS Immunol. Med. Microbiol.* **52**, 219–227 (2008)
46. Kahane S., Gonen R., Sayada C., Elion J., Friedman M.G.: Description and partial characterization of a new chlamydia-like microorganism. *FEMS Microbiol. Lett.* **109**, 329–334 (1993)
47. Kahane S., Kimmel N., Friedmann M.G.: The growth cycle of *Simkania negevensis*. *Microbiology*, **148**, 735–742 (2002)
48. Kahane S., Metzger E., Friedman M.G.: Evidence that the novel microorganism „Z” may belong to a new genus in the family *Chlamydiaceae*. *FEMS Microbiol. Lett.* **126**, 203–208 (1995)
49. Karlsen M., Nylund A., Watanabe K., Helvik J.V., Nylund S., Plarre H.: Characterization of 'Candidatus Clavochlamydia salmonicola': an intracellular bacterium infecting salmonid fish. *Environ. Microbiol.* **10**, 208–218 (2007)
50. Kocan K.M., Crawford T.B., Dilbeck P.M., Evermann J.F., McGuire T.C.: Development of a rickettsia isolated from an aborted bovine fetus. *J. Bacteriol.* **172**, 5949–5955 (1990)
51. Kostanjsek R., Strus J., Drobne D., Avgustin G.: 'Candidatus Rhabdochlamydia porcellionis', an intracellular bacterium from the hepatopancreas of the terrestrial isopod *Porcellio scaber* (Crustacea: Isopoda). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **54**, 543–549 (2004)

52. Krieg N.R., Ludwig W., Whitman W.B., Hedlund B.P., Paster B.J., Staley J.T., Ward N., Brown D., Parte A (eds.): *Bergey's manual of systematic bacteriology*. Vol. 4. The Bacteroidetes, Spirochaetes, Tenericutes (Mollicutes), Acidobacteria, Fibrobacteres, Fusobacteria, Dictyoglomi, Gemmatimonadetes, Lentisphaerae, Verrucomicrobia, Chlamydiae, and Planctomycetes. 2nd ed., Springer Verlag, Nowy Jork 2011
53. Lamoth F., Aeby S., Schneider A., Jatton-Ogay K., Vaudaux B., Greub G.: *Parachlamydia* and *Rhabdochlamydia* in premature neonates. *Emerg. Infect. Dis.* **15**, 2072–2075 (2009)
54. Marrie T.J., Raoul D., la Scola B., Birtles R.J., de Carolis E.: *Legionella*-like and other amoebal pathogens as agents of community-acquired pneumonia. *Emerg. Inf. Dis.* **7**, 1026–1029 (2001)
55. Meijer A., Roholl P.J.M., Ossewaarde J.M., Jones B., Nowak B.F.: Molecular evidence for association of *Chlamydiales* bacteria with epitheliocystis in leafy seadragon (*Phycodurus eques*), silver perch (*Bidyanus bidyanus*), and barramundi (*Lates calcarifer*). *Appl. Environment. Microbiol.* **72**, 284–290 (2006)
56. Mitchell S.O., Steinum T., Rodger H., Holland C., Falk K., Colquhoun D.J.: Epitheliocystis in Atlantic salmon, *Salmo salar L.*, farmed in Ireland is associated with 'Candidatus Clavochlamydia salmonicola' infection. *J. Fish Dis.* **33**, 665–673 (2010)
57. Nylund A., Kvenseth A.M., Isdal E.: A morphological study of the epitheliocystis agent in farmed Atlantic salmon. *J. Aquat. Anim. Health.* **10**, 43–55 (1998)
58. Pawlikowska M., Deptuła W.: Chlamydie środowiskowe – nowe patogeny człowieka i zwierząt. *Post. Mikrobiol.* **46**, 59–67 (2007)
59. Richter M., Mathies F., Gönchi E., Aeby S., Spiess B., Greub G.: *Parachlamydia acanthamoebae* in domestic cats with or without corneal disease. *Vet. Ophthalmol.* **13**, 235–237 (2010)
60. Robertson T., Bibby S., O'Rourke D., Belifore T., Agnew-Crumpton R., Noormohammadi A.H.: Identification of chlamydial species in crocodiles and chickens by PCR-HRM curve analysis. *Vet. Microbiol.* **145**, 373–379 (2010)
61. Roger T., Casson N., Croxatto A., Entenza J.M., Pusztaszeri M., Akira S., Reymond M.K., Le Roy D., Calandra T., Greub G.: Role of MyD88 and Toll-like Receptors 2 and 4 in the sensing of *Parachlamydia acanthamoebae*. *Infect. Immun.* **78**, 5195–5201 (2010)
62. Ruhl S., Goy G., Casson N., Thoma R., Pospischil A., Greub G., Borel N.: *Parachlamydia acanthamoebae* infection and abortion in small ruminants. *Emerg. Infect. Dis.* **14**, 1966–1968 (2008)
63. Rurangirwa F.R., Dilbeck P.M., Crawford T.B., McGuire T.C., McElwain T.F.: Analysis of the 16S rRNA gene of micro-organism WSU 86–1044 from an aborted bovine foetus reveals that it is a member of the order *Chlamydiales*: proposal of *Waddlia* fam. nov., *Waddlia chondrophila* gen. nov., sp. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* **49**, 577–581 (1999)
64. Soldati G., Zu Z.H., Vaughan L., Polkinghorne A., Zimmermann D.R., Huder J.B., Pospischil A.: Detection of Mycobacteria and Chlamydiae in granulomatous inflammation of reptiles: a retrospective study. *Vet. Pathol.* **41**, 388–397 (2004)
65. Thao M-L., Baumann L., Hess J.M., Falk B.W., Ng J.C.K., Gullan Baumann P.: Phylogenetic evidence for two new insect-associated chlamydia of the family *Simkaniaceae*. *Curr. Microbiol.* **47**, 46–50 (2003)
66. Thomas V., Casson N., Greub G.: *Criblamydia sequanensis*, a new intracellular *Chlamydiales* isolated from Seine river water using amoebal co-culture. *Environ. Microbiol.* **8**, 2125–2136 (2006)
67. Wheelhouse N., Katzer F., Wright F., Longbottom D.: Novel Chlamydia-like organisms as cause of bovine abortions, UK. *Emerg. Inf. Dis.* **16**, 1323–1324 (2010)