

## Prace przeglądowe

### ***Bartonella* spp. jako patogeny odzwierzęce przenoszone przez krwio pijne stawonogi**

### ***Bartonella* spp. as a zoonotic pathogens transmitting by blood-feeding arthropods**

**Małgorzata Adamska**

Katedra Genetyki, Uniwersytet Szczeciński, al. Piastów 40B, 71-065 Szczecin; E-mail: adamska.us@wp.pl

**ABSTRACT.** Prior to 1993, *Bartonella bacilliformis* was the only member of the *Bartonella* genus. Now, the genus *Bartonella* currently contains over 30 species of Gram-negative bacteria that parasitize mammalian erythrocytes and endothelial cells. *Bartonella* spp. have been isolated from a variety of mammal species, most often from rodents, ruminants and carnivores, and these animals are implicated as reservoirs for the genus *Bartonella*. The persistent bacteremia is more readily documented in the primary reservoir species and may occur less frequently or to a much lower level in accidental hosts. In the natural host, clinical manifestations of the infection may be minimal or unrecognizable. Several insects have been implicated in *Bartonella* transmission, including flies and ticks. The reservoir host and vector varying depending on the *Bartonella* species involved, although, neither the reservoir, nor the vector has been identified definitively for many recently described *Bartonella* species. Humans are natural reservoir hosts for two species: *Bartonella bacilliformis* and *Bartonella quintana*, but many animal-associated *Bartonella* can also cause disease in humans. Members of the genus *Bartonella* are involved in a variety of human diseases, such as Carrion's disease, cat scratch disease, trench fever, bacillary angiomatosis, endocarditis, pericarditis and neuroretinitis. Most cases of bartonellosis are now diagnosed by tests based on PCR or through serological tests using specific antigens.

**Key words:** *Bartonella* species, reservoirs, vectors, pathogenicity

#### **Charakterystyka bakterii z rodzaju *Bartonella***

Do rodzaju *Bartonella* należą Gram ujemne bakterie o kształcie małych, lekko zakrzywionych pałeczek, często posiadające rzęski lub wici [1,2]. Bakterie te są fakultatywnymi pasożytami wewnątrzkomórkowymi i wykazują tropizm do erytrocytów oraz komórek śródbłonna naczyń krwionośnych żywiciela. Każdy gatunek bartonelli wykazuje adaptację do jednego lub kilku gatunków żywicielskich, u których powoduje długo trwającą wewnątrzerytrocytarną bakteremię [3,4]. Poszczególne gatunki bartonelli posiadają również charakterystyczny dla siebie gatunek krwio pijnego stawonoga służący jako wektor, zależny od gatunku ssaka będącego żywicielem bakterii [2,5].

#### **Systematyka rodzaju *Bartonella***

Rodzaj *Bartonella* należy do grupy Proteobacteria, podgrupy  $\alpha$  i rodziny Bartonellaceae [6]. Do 1993 roku rodzaj ten zawierał tylko jeden gatunek, *Bartonella bacilliformis*, natomiast na podstawie badań DNA włączono do rodzaju *Bartonella* 4 gatunki z rodzaju *Rochalimea* oraz 2 gatunki z rodzaju *Grahamella* [7]. W następnych latach wykryto u różnych żywicieli szereg nowych gatunków *Bartonella*, a obecnie jest ich ponad trzydzieści (Tabela 1).

#### **Wektor i rezerwuar *Bartonella* spp.**

Rezerwuar *Bartonella* spp. stanowią różne gatunki ssaków, w tym również człowiek. Każdy gatunek bartonelli wykazuje określone preferencje co do gatunku żywiciela, jednakże coraz częściej wykrywa się odstępstwa od tej reguły [2,5]. W przy-

padku zakażenia gatunku żywiciela nie stanowiącego naturalnego rezerwuaru najczęściej nie występuje bakteriemia, lub też jej poziom jest niski, natomiast objawy kliniczne są wyraźniej zaznaczone [2,4,5].

Wektorem bakterii z rodzaju *Bartonella* są różne gatunki krwio pijnych stawonogów, a gatunek transmitujący bakterię jest zależny od gatunku bartonelli i jej gospodarza [2,5]. Przez długi czas jako wektora *Bartonella* nie brano pod uwagę kleszczy, dopiero w latach dziewięćdziesiątych ubiegłego wieku zaczęto rozważać ich rolę w transmisji *Bartonella*. Istniejące doniesienia o wykryciu obecności *Bartonella* sp. w różnych gatunkach kleszczy nie stanowią jednak dowodu na to, że stawonogi te stanowią wektor bartonelli, konieczne są więc dalsze badania.

### Rola kotowatych i ich pasożytów w cyklu życiowym bakterii z rodzaju *Bartonella*

Kot domowy (*Felis domestica*) jest głównym rezerwuarem *Bartonella henselae*, natomiast wektorem bakterii jest pchła kocia (*Ctenocephalides felis*), nie wiadomo jednak, jak dokładnie przebiega transmisja bartonelli za pośrednictwem tego pasożyta [5,6]. Przenoszenie bakterii może się odbywać poprzez ukłucie pchły kocięj [3,5,6], jednakże bardziej prawdopodobnym źródłem zakażenia są odchody pcheł wprowadzone pod skórę zwierzęcia lub na powierzchnię błon śluzowych poprzez zadrapanie lub ugryzienie [3,6]. Wektorem *B. henselae* mogą być również kleszcze z rodzaju *Ixodes* [8–11]. Zdrowe koty zakażone *B. henselae* przeważnie nie wykazują objawów chorobowych, częściej występują one u osobników zakażonych jednocześnie *B. henselae* i kocim wirusem powodującym obniżenie odporności oraz u osobników zakażanych eksperymentalnie [3]. U kotów będących nosicielami *B. henselae* rozwija się długotrwała, nawracająca bakteriemia trwająca nawet do 3 lat [6].

Kot jest także rezerwuarem gatunków: *Bartonella clarridgeiae* i *Bartonella koehleare*, a głównym wektorem tych gatunków jest prawdopodobnie pchła kocia [2]. Sporadycznie wykrywano u kotów także gatunek *Bartonella bovis* (wcześniej *Bartonella weissii*) [5,12], jednak jego głównym rezerwuarem są przeżuwacze [12]. Innym gatunkiem, wykrywanym sporadycznie u kota domowego oraz u pchły kocięj, jest *Bartonella quintana* [13], gatunek, którego rezerwuarem jest człowiek [2].

Również dziko żyjące gatunki kotowatych mogą stanowić rezerwar bakterii z rodzaju *Bartonella*.

Obecność *B. henselae* stwierdzano bowiem nie tylko u kotów domowych, ale także u rysia (*Lynx rufus*) i pumy (*Felis concolor*) żyjących dziko oraz w niewoli na terenie Ameryki Północnej [14], a także u dzikich populacji lwa (*Panthera leo*) i geparda (*Acinonyx jubatus*) w Afryce [15].

### Psowate i pasożytujące na nich stawonogi jako rezerwar i wektor *Bartonella* spp.

Pies domowy (*Canis familiaris*) uważany jest za główny rezerwar *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* [2]. Patogen ten wykrywa się u zdrowych psów nie wykazujących żadnych objawów klinicznych, będących nosicielami bakterii przez długi okres czasu [3]. Bakteria ta jest istotnym czynnikiem zapalenia wsierdza u psów, może też spowodować wystąpienie wielu powikłań, a nawet śmierć chorego zwierzęcia [5,16]. Pies domowy prawdopodobnie nie stanowi głównego rezerwuaru *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* [7]. Dzikie psowate, np. kojot (*Canis latrans*), lis wirginijski (*Urocyon cinereoargenteus*) i lis wyspowy (*Urocyon littoralis*) mogą być głównym rezerwuarem [17–20]. Przemawia za tym fakt, że przeciwciała przeciwko *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* występują częściej u kojotów, niż u psów [19], ponadto zakażone psy często mają poważne objawy chorobowe [5,16].

Nieznany jest jeszcze sposób wektorowania *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii*, rozważa się między innymi możliwość zakażenia poprzez ugryzienie, zadrapanie przez zakażonego psa lub kojota [17,18]. Większą rolę w transmisji tego gatunku bartonelli odgrywają jednak krwio pijne stawonogi, takie jak kleszcze [8,17,18] lub pchły [18,19]. Świadczy o tym fakt, że najwyższe miano przeciwciał przeciwko *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* występuje u kojotów w okresie najbardziej liczego występowania ektopasożytów. Ponadto zaobserwowano silną korelację pomiędzy obecnością u psów przeciwciał przeciwko *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* a ich ekspozycją psów na kleszcze i pchły oraz obecnością w krwi psów przeciwciał przeciwko patogenom odkleszczowym [18].

Niedawno odkrytym gatunkiem, którego rezerwar stanowią prawdopodobnie dzikie i domowe psowate, jest *Bartonella rochalimae* [19–22]. Bakteria ta była izolowana od psów domowych oraz lisów wirginijskich, i ze względu na duży stopień podobieństwa do *B. clarridgeiae* została nazwana „*Bartonella clarridgeiae*-like bacterium” [19,22]. Ten sam gatunek wyizolowano od pacjent-

ki z gorączką i powiększeniem śledziony, a następnie nadano mu nazwę *B. rochalimae* [20]. Podobnie jak w przypadku *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii*, zakażenie *B. rochalimae* może przebiegać u psów bezobjawowo [21], ale jednocześnie może też powodować zapalenie wsierdza [22]. Zaobserwowano także wyższy odsetek osobników zakażonych *B. rochalimae* wśród lisów wirginijskich niż wśród psów domowych [19]. Oprócz tych dwóch gatunków z rodziny psowatych rolę rezerwuaru nowo odkrytej bakterii może pełnić także lis wyspowy [20] oraz lis rudy (*Vulpes vulpes*) [21]. Wektor *B. rochalimae* nie został jeszcze zidentyfikowany, przypuszcza się,

że rolę tę pełnią różne gatunki pcheł (Tabela 1) [20,23].

U psowatych wykrywano także zakażenia wieloma innymi gatunkami bartonelli. Obecność DNA *B. elizabethae* wykryto we krwi psa z anemią i spadkiem masy ciała spowodowanymi brakiem apetytu oraz niestrawnością i wymiotami [24]. We krwi lub tkankach psów chorych na zapalenie wsierdza wykrywano obecność DNA *B. henselae*, *B. clarridgeiae*, *B. koehleare*, *B. quintana* i *B. waschoensis* [25]. Zakażenia psów tymi gatunkami są jednak rzadkie, a ich rezerwuar stanowią inne gatunki ssaków (Tabela 1).

Tabela 1. Rezerwuary i wektory *Bartonella* spp.  
Table 1. Reservoirs and vectors of *Bartonella* spp.

Gatunek bartonelli	Rezerwuar	Wektor	Literatura
<i>B. bacilliformis</i>	Człowiek	Moskit <i>Lutzomyia verrucarum</i>	[2]
<i>B. quintana</i> (wcześniej <i>Rochalimea quintana</i> )	Człowiek	Wesz ludzka ( <i>Pediculus humanus</i> ), rozważa się również rolę kleszczy	[2,7,8]
<i>B. tamiae</i>	Nieznany; gatunek został wyizolowany od pacjentów	Nieznany; gatunek wykryto w kleszczach <i>Amblyomma americanum</i>	[42,44]
<i>B. pediococcus</i>	Nieznany; gatunek został wyizolowany od pacjentów	Nieznany	[45]
<i>B. henselae</i> (wcześniej <i>Rochalimea henselae</i> )	Kot domowy ( <i>Felis domesticus</i> ), dziko żyjące <i>Felidae</i>	Pchła kocia ( <i>Ctenocephalides felis</i> ), rozważa się również rolę kleszczy z rodzaju <i>Ixodes</i>	[3,5–11,14,15,24]
<i>B. clarridgeiae</i> <i>B. koehleare</i>	Kot domowy	Prawdopodobnie pchła kocia	[2]
<i>B. rochalimae</i> (wcześniej „ <i>Bartonella clarridgeiae</i> -like”)	Prawdopodobnie dzikie i domowe psowate, proponuje się również szczura wędrownego ( <i>Rattus norvegicus</i> )	Prawdopodobnie pchła ludzka ( <i>Pulex irritans</i> ), proponuje się też pchłę szczurzą ( <i>Xenopsylla cheopis</i> ) i pchłę <i>Polygenis gwyni</i>	[4,19–23]
<i>B. vinsonii</i> subsp. <i>berkhoffii</i>	Dziko żyjące <i>Canidae</i> , pies domowy	Prawdopodobnie pchły i kleszcze	[2,8,17–19]
<i>B. vinsonii</i> subsp. <i>vinsonii</i> (wcześniej <i>Rochalimea vinsonii</i> )	Prawdopodobnie nornik kanadyjski ( <i>Microtus pennsylvanicus pennsylvanicus</i> )	Roztocz <i>Trombicula microti</i>	[5,7,46]
<i>B. vinsonii</i> subsp. <i>arupensis</i>	Myszak ( <i>Peromyscus leucopus</i> )	Kleszcz jeleni ( <i>Ixodes scapularis</i> )	[5,47]
<i>B. peromysci</i>	Nieznany, gatunek został wyizolowany od myszaków z rodzaju <i>Peromyscus</i>	Nieznany	[46]
<i>B. elizabethae</i> (wcześniej <i>Rochalimea elizabethae</i> )	Szczur wędrowny ( <i>Rattus norvegicus</i> )	Pchła <i>Xenopsylla cheopis</i>	[3,7]
<i>B. tribocorum</i>	Prawdopodobnie szczur wędrowny ( <i>Rattus norvegicus</i> )	Nieznany	[46]

<i>B. grahamii</i>	Normica ruda ( <i>Clethrionomus glareolus</i> ), Mysz leśna ( <i>Apodemus flavicollis</i> ) Normik bury ( <i>Microtus agrestis</i> )	Pchła <i>Ctenophtalmus nobilis</i>	[7,46,48]
<i>B. taylorii</i> (wcześniej <i>Grahamella taylorii</i> )	Prawdopodobnie normica ruda ( <i>Clethrionomus glareolus</i> ) i gryzonie z rodzaju <i>Apodemus</i>	Pchła <i>Ctenophtalmus nobilis</i>	[7,46,48]
<i>B. doshiae</i> (wcześniej <i>Grahamella doshiae</i> )	Nieznany; gatunek został wyizolowany od normika burego ( <i>Microtus agrestis</i> )	Nieznany	[7]
<i>B. birtlesii</i>	Prawdopodobnie gryzonie z rodzaju <i>Apodemus</i>	Nieznany	[46]
<i>B. washoensis</i>	Wiewiórka <i>Spermophilus beecheyi</i>	Nieznany, rozważa się rolę kleszczy	[3,8]
<i>B. japonica</i> <i>B. silvatica</i>	Nieznany; gatunek został wyizolowany od japońskich gryzoni z rodzaju <i>Apodemus</i>	Nieznany	[49]
<i>B. rattimassiliensis</i> <i>B. phoceensis</i>	Nieznany; gatunki zostały wyizolowane od gryzoni z rodzaju <i>Rattus</i>	Nieznany	[4,50]
<i>B. rattaustaliani</i> <i>B. queenslandensis</i> <i>B. coopersplainsensis</i>	Nieznany; gatunki zostały wyizolowane od gryzoni z rodzajów: <i>Melomys</i> , <i>Uromys</i> , <i>Rattus</i> , <i>Mus</i> i <i>Bandicota</i>	Nieznany	[4,51]
“ <i>Candidatus Bartonella thailandensis</i> ”	Nieznany; szczep został wyizolowany od gryzonia z gatunku <i>Rattus surifer</i>	Nieznany	[4]
<i>B. alsatica</i>	Prawdopodobnie dziki królik ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> )	Nieznany, prawdopodobnie pchły i kleszcze	[52]
<i>B. talpae</i>	Nieznany; gatunek został wyizolowany od kreta europejskiego ( <i>Talpa europea</i> )	Nieznany	[46]
„ <i>B. volans-like</i> ”	Nieznany; gatunek został wyizolowany od wydr morskich ( <i>Enhydra lutris kenyoni</i> ) padłych z powodu zapalenia wsierdza	Nieznany	[29]
<i>B. bovis</i> (wcześniej <i>B. weissii</i> )	Bydło domowe ( <i>Bos taurus</i> ), prawdopodobnie również dziko żyjące przeżuwacze	Prawdopodobnie kleszcze i pasożyty z rodziny Hippoboscidae	[8,12,26,33,34,46]
<i>B. capreoli</i> <i>B. schoenbuchensis</i> (wcześniej <i>B. schoenbuchii</i> )	Dziko żyjące przeżuwacze, być może również bydło domowe	Prawdopodobnie kleszcze i pasożyty z rodziny Hippoboscidae	[1,12,33,34,46]
<i>B. chomelii</i>	Bydło domowe ( <i>Bos taurus</i> )	Prawdopodobnie kleszcze i pasożyty z rodziny Hippoboscidae	[12, 29, 34]
<i>B. melophagi</i>	Prawdopodobnie owca domowa ( <i>Ovis aries</i> )	Prawdopodobnie wpleszcz owczy ( <i>Melophagus ovinus</i> )	[32]
<i>B. australis</i>	Nieznany; gatunek wyizolowano od kangura olbrzymiego ( <i>Macropus giganteus</i> )	Nieznany	[40]

## Rola przeźuwaczy i ich pasożytów w krążeniu bakterii z rodzaju *Bartonella*

Bydło domowe stanowi rezerwar gatunku *B. bovis*, który po raz pierwszy wyizolowano od kotów domowych i nazwano *B. weissii*. Ponieważ gatunek ten występuje u kotów sporadycznie, natomiast w przypadku bydła wykrywano go nawet u 89% badanych osobników, uznano, że głównym rezerwuarem *B. weissii* jest właśnie bydło domowe [12,26]. W 2002 roku wykryto u europejskiego bydła nowy gatunek bartonelli, któremu nadano nazwę *B. bovis* i dokładnie opisano. Badania wykazały jednak, że gatunek ten jest identyczny z opisanym wcześniej *B. weissii*, którego nazwę ostatecznie zmieniono na *B. bovis* [27]. Bydło wykazuje złożoną odpowiedź immunologiczną na *B. bovis*, co chroni je przed wystąpieniem objawów klinicznych po zakażeniu [26]. Stwierdzono, iż patogen ten może spowodować zapalenie wsierdza [28]. Nie udowodniono dotąd przechodzenia przez łożysko przeciwciał przeciwko *B. bovis* jak również samego patogenu, ale u cieląt od 1 do 8 miesiąca życia obserwuje się wysoki poziom przeciwciał we krwi. Istnieje możliwość, że cielęta otrzymują je z mlekiem matki, lub też zostają zakażone już w pierwszych dniach życia i następnie rozwija się u nich przewlekła infekcja [26].

Bydło domowe uważane jest również za rezerwar gatunku *Bartonella chomelii* [29], wykrywano u tych zwierząt również zakażenia gatunkami *Bartonella* wyizolowanymi wcześniej od dzikich przeźuwaczy: *Bartonella capreoli* [27] i *Bartonella schoenbuchensis* [30]. U domowych przeźuwaczy odnotowano także niespecyficzne zakażenie *B. henselae* [31]. Od owcy domowej (*Ovis aries*) wyizolowano gatunek *Bartonella melophagi* (Tabela 1) [32].

Dziko żyjące przeźuwacze również mogą stanowić rezerwar bakterii z rodzaju *Bartonella*. Gatunki *B. schoenbuchensis* (wcześniej *B. schoenbuchii*) i *B. capreoli* wykryto po raz pierwszy u europejskich saren [1,27]. We krwi jeleni (*Cervus elaphus*) i mulaków (*Odocoileus hemionus*) pochodzących z Kalifornii wykryto DNA gatunku wykazującego największe podobieństwo genetyczne do *B. bovis* [12]. Obecność DNA *B. schoenbuchensis* i *B. bovis* wykrywano także w tkankach saren i jeleni żyjących na Pomorzu Zachodnim [33].

Ponieważ przeźuwacze rzadko są infestowane przez pchły, przypuszcza się, że wektorem bartonelli wśród tej grupy zwierząt są najprawdopodobniej

kleszcze [8,12], rolę wektora *Bartonella* mogą pełnić także pasożyty z rodziny Hippoboscidae [34]. Badania przeprowadzone na Pomorzu Zachodnim wykluczają jednak rolę kleszczy *Ixodes ricinus* w wektorowaniu *Bartonella* spp. wśród dziko żyjących przeźuwaczy na tym terenie [33].

## Gryzonie i ich pasożyty jako rezerwar i wektor *Bartonella* spp.

Dziko żyjące gryzonie stanowią rezerwar dla szeregu gatunków bartonelli (Tabela 1), przy czym gatunki te w małym stopniu wykazują specyficzność żywicielską [35]. Charakterystyczna dla gryzoni jest sezonowość infekcji – procent zakażonych osobników wzrasta od wiosny do jesieni, co jest skorelowane ze zmienną liczebnością populacji pcheł w ciągu roku. Duży wpływ na występowanie zakażenia ma wiek gryzoni – najwięcej przypadków jest wśród osobników młodych, co jest związane ze zróżnicowanym stopniem odporności wśród poszczególnych grup wiekowych [36]. Wykazano również, że u gryzoni ostra postać infekcji bartonellą przechodzi w przetrwałą zakażenie [37], a bakteria długo utrzymuje się we krwi gospodarza – nawet do 120 dni w przypadku *B. grahamii* [36]. Późniejsza faza zakażenia charakteryzuje się nieregularnymi nawrotami bakteriemii [37].

Wektor bartonelli infekujących gryzonie nie jest dokładnie znany. Przypuszcza się, że jego rolę spełniają różne gatunki pcheł pasożytujących na dziko żyjących gryzoniach, czego dowodem może być związek prewalencji zakażenia wśród gryzoni z liczebnością pcheł [36]. Wektorem *Bartonella* w populacjach gryzoni mogą być także różne gatunki kleszczy, obserwowano bowiem u gryzoni koinfekcje *Bartonella* z *Borrelia burgdorferi* i *Babesia microti*, patogenami przenoszonymi przez kleszcze [38]. Możliwe jest również przechodzenie bakterii z rodzaju *Bartonella* przez łożysko [37].

## Inne gatunki zwierząt jako żywiele bakterii z rodzaju *Bartonella*

Obecność *Bartonella* sp. wykrywano u ryjówki aksamitnej (*Sorex araneus*), która obok gryzoni może pełnić rolę rezerwuaru tych bakterii [39]. Bakterie z rodzaju *Bartonella* wyizolowano także od kreta europejskiego (*Talpa europaea*), dzikiego królika (*Oryctolagus cuniculus*) oraz wydry morskiej (*Enhydra lutris kenyonii*) (Tabela 1). Nowy gatunek, *Bartonella australis*, wykryto u kangura olbrzymie-

Tabela 2. Gatunki *Bartonella* chorobotwórcze dla człowieka i wywoływane przez nie choroby  
 Table 2. Species of *Bartonella* that are pathogenic for human and diseases they cause

Gatunek bartonelli	Jednostka chorobowa/objawy	Literatura
<i>B. bacilliformis</i>	choroba Carriona	[2]
<i>B. quintana</i>	gorączka okopowa zapalenie wsierdza naczyniakowatość bakteryjna	[2,29]
<i>B. henselae</i>	choroba kociego pazura – CSD (Cat Scratch Disease) zapalenie wsierdza naczyniakowatość bakteryjna	
<i>B. clarridgeiae</i>	choroba kociego pazura	[2]
<i>B. grahamii</i>	zapalenie siatkówki i nerwu wzrokowego	[53]
<i>B. washoensis</i> <i>B. vinsonii</i> subsp. <i>arupensis</i> <i>B. vinsonii</i> subsp. <i>berkhoffii</i> <i>B. koehleare</i> <i>B. elizabethae</i> <i>B. alsatica</i>	zapalenie wsierdza	[29]
<i>B. pediococcus</i>	zapalenie wsierdza	[45]
<i>B. melophagi</i>	zapalenie osierdza, niewydolność zastawek	[54]
<i>B. tamiae</i>	gorączka i inne objawy charakterystyczne dla bartonelloz	[42]

go (*Macropus giganteus*) [40], jednakże nie ma żadnych badań nad rezerwuarem i wektorem tej bartonelli. U makaka jawańskiego (*Macaca fascicularis*) wykryto gatunek *B. quintana* [13]. We krwi dwóch koni stwierdzono obecność gatunku *B. henselae*. Jedno ze zwierząt cierpiało na zapalenie naczyń krwionośnych, drugie – na dolegliwości stawowe [41].

### Człowiek jako żywiciel bakterii z rodzaju *Bartonella*

Człowiek stanowi rezerwuara dwóch gatunków *Bartonella*: *B. bacilliformis* i *B. quintana*. *B. bacilliformis* wywołuje u człowieka chorobę Carriona, której przebieg może być ostry, prowadzący do śmierci (gorączka Oroya) lub łagodny (brodawczakowatość peruwiańska). Tereny endemiczne choroby Carriona to górskie rejony Peru, Ekwadoru, Kolumbii, Boliwii, Chile i Gwatemali. Wektorem *B. bacilliformis* jest moskit *Lutzomyia verrucarum* [2]. *B. quintana* powoduje u człowieka tzw. gorączkę okopową, przeważnie u osób bezdomnych, nie przestrzegających higieny czy u alkoholików. Jest to związane z przeniesieniem tej bakterii przez wesz ludzką (*Pediculus humanus*). Zakażenia *B. quinta-*

*na* obserwuje się na całym świecie [2]. Niedawno od pacjentów z Tajlandii, wykazujących zróżnicowane objawy kliniczne, wyizolowano gatunek *Bartonella tamiae*. Obecnie nie jest wiadomo, czy rezerwuarem tego gatunku jest człowiek czy inne ssaki, oraz w jaki sposób następuje zakażenie [42].

Zagrożenie dla zdrowia człowieka stanowią także liczne gatunki *Bartonella* (Tabela 2), których rezerwuarem są różne gatunki zwierząt (Tabela 1). Gatunki *B. henselae* i *B. clarridgeiae* przenoszone są do organizmu człowieka bezpośrednio poprzez zadrapanie lub ugryzienie przez kota, lub też za pośrednictwem stawonogów będących ich wektorem (Tabela 1) [2,9,11]. Gatunek *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* może być przenoszony bezpośrednio poprzez ugryzienie człowieka przez zakażonego psa lub kojota lub za pośrednictwem krwiopijnych stawonogów pasożytujących na psowatych [17,18]. Sposób transmisji do organizmu człowieka pozostałych gatunków (Tabela 2) nie został jeszcze poznany. W ich przeniesieniu mogą odgrywać rolę różne gatunki ektopasożytów (Tabela 1).

### Diagnostyka *Bartonella* spp.

Postawienie diagnozy na podstawie objawów klinicznych jest możliwe w przypadku choroby ko-

kiego pazura u człowieka. Wystąpienie nietypowych objawów lub chorób wywołanych przez inne gatunki *Bartonella* utrudnienia diagnozę i wymaga przeprowadzenia dodatkowych badań laboratoryjnych. Pod uwagę brane są również czynniki epidemiologiczne: fakt ugryzienia bądź zadrapania przez kota lub też sam kontakt z kotem, gryzoniami lub krwiopijnymi stawonogami [3].

Obecnie diagnostyka bartonellozy bazuje na testach serologicznych oraz łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR – Polymerase Chain Reaction). Komercyjne testy serologiczne są jednak dostępne tylko dla gatunków: *B. henselae*, *B. quintana* i *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii*, ponadto testy te nie wykazują stuprocentowej specyficzności, a ich wynik jest uzależniony od czasu, jaki minął od zakażenia [3]. Z powodu niedoskonałości tradycyjnych metod diagnostycznych zakażeń *Bartonella* zaczęto poszukiwać metod molekularnych, które mogłyby być pomocne w wykrywaniu bakterii z tego rodzaju. Najczęściej stosowaną w tym celu metodą molekularną jest PCR, a markerem molekularnym użytecznym do wykrywania i identyfikacji *Bartonella* w próbach klinicznych jest gen *ftsZ* kodujący białko pełniące ważną rolę w podziale komórki bakteryjnej [43].

## Podsumowanie

Rodzaj *Bartonella* obejmuje ponad trzydzieści gatunków bakterii, z których czternaście stanowi zagrożenie dla zdrowia człowieka. Rezerwuar wielu gatunków nie został jeszcze poznany, niewiele wiadomo także na temat wektora większości bartonelli, dlatego też dokładne poznanie ekologii tych bakterii wymaga dalszych badań. Brak jest także wystandaryzowanych metod diagnostycznych zakażeń *Bartonella*, konieczne są więc badania mające na celu ustalenie szybkiej, czułej i specyficznej metody wykrywania *Bartonella*, zwłaszcza, że coraz więcej gatunków wykrywa się u ludzi z zapaleniem wsierdza i innymi schorzeniami. Alternatywą dla tradycyjnych metod diagnostycznych mogłaby być łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR), pod warunkiem odpowiedniego doboru markera molekularnego, który pozwoliłby na uzyskanie odpowiedniej czułości i specyficzności.

## Literatura

- [1] Dehio C., Lanz C., Pohl R., Behrens P., Bermond D., Piemont Y., Sander A. 2001. *Bartonella schoenbuchii* sp. nov., isolated from the blood of deer. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 51: 1557-1565.
- [2] Jacomo B., Kelly P.J., Raoult D. 2002. Natural history of *Bartonella* infections (an exception to Koch's postulate). *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology* 9: 8-18.
- [3] Boulouis H.J., Chang C.C., Henn J.B., Kasten R.W., Chomel B.B. 2005. Factors associated with the rapid emergence of zoonotic *Bartonella* infections. *Veterinary Research* 36: 383-410.
- [4] Saisongkorh W., Wootta W., Sawanpanyalert P., Raoult D., Rolain J.M. 2009. „Candidatus *Bartonella thailandensis*”: A new genotype of *Bartonella* identified from rodents. *Veterinary Microbiology* 139: 197-201.
- [5] Breischwerdt E.B., Kordick D.L. 2000. *Bartonella* infection in animals: carriership, reservoir potential, pathogenicity, and zoonotic potential for human infection. *Clinical Microbiology Reviews* 13: 428-438.
- [6] Guptill L. 2003. Bartonellosis. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice* 33: 809-825.
- [7] Birtles R.J., Harrison T.G., Saunders N.A., Molyneux D.H. 1995. Proposals to unify the genera *Grahamella* and *Bartonella*, with descriptions of *Bartonella talpae* comb. nov., *Bartonella peromysci* comb. nov., and three new species, *Bartonella grahamii* sp. nov., *Bartonella taylorii* sp. nov., and *Bartonella doshiae* sp. nov. *International Journal of Systematic Bacteriology* 45: 1-8.
- [8] Chang C.C., Chomel B.B., Kasten R.W., Romano V., Tietze N. 2001. Molecular evidence of *Bartonella* spp. in questing adult *Ixodes pacificus* tick in California. *Journal of Clinical Microbiology* 39: 1221-1226.
- [9] Morozova O.V., Cabello F.C., Dobrotvorsky A.K. 2004. Semi-nested PCR detection of *Bartonella henselae* in *Ixodes persulcatus* ticks from Western Siberia, Russia. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 4: 306-309.
- [10] Podsiadły E., Chmielewski T., Sochon E., Tylewska-Wierzbanowska S. 2007. *Bartonella henselae* in *Ixodes ricinus* ticks removed from dogs. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 7: 189-192.
- [11] Sanogo Y.O., Zeaiter Z., Caruso G., Merola F., Shpynov S., Brouqui P., Raoult D. 2003. *Bartonella henselae* in *Ixodes ricinus* ticks (Acari: Ixodida) removed from humans, Belluno Province, Italy. *Emerging and Infectious Diseases* 9: 329-332.
- [12] Chang C.C., Chomel B.B., Kasten R.W., Heller R., Kocan K.M., Ueno H., Yamamoto K., Bleich V.C., Pierce B.M., Gonzales B.J., Swift P.K., Boyce W.M., Jang S.S., Boulouis H.J., Piemont Y. 2000. *Bartonella* spp. isolated from wild and domestic ruminants in North America. *Emerging Infectious Diseases* 6: 306-311.
- [13] Breitschwerdt E.B., Maggi R.G., Sigmon B.,

- Nicholson W.L. 2007. Isolation of *Bartonella quintana* from a woman and a cat following putative bite transmission. *Journal of Clinical Microbiology* 45: 270-272.
- [14] Chomel B.B., Kikuchi Y., Martenson J.S., Roelke-Parker M.E., Chang C.C., Kasten R.W., Foley J.E., Laudre J., Murphy K., Swift P.K., Kramer V.L., O'Brien S.J. 2004. Seroprevalence of *Bartonella* infection in American free-ranging and captive pumas (*Felis concolor*) and bobcats (*Lynx rufus*). *Veterinary Research* 35: 233-241.
- [15] Molia S., Chomel B.B., Kasten R.W., Leutenegger C.M., Steele B.R., Marker L., Martenson J.S., Keet D.F., Bengis R.G., Peterson R.P., Munson L., O'Brien S.J. 2004. Prevalence of *Bartonella* infection in wild African lions (*Panthera leo*) and cheetahs (*Acinonyx jubatus*). *Veterinary Microbiology* 100: 31-41.
- [16] Breitschwerdt E.B., Atkins C.E., Brown T.T., Kordick D.L., Snyder P.S. 1999. *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* and related members of the alpha subdivision of the Proteobacteria in dogs with cardiac arrhythmias, endocarditis, or myocarditis. *Journal of Clinical Microbiology* 37: 3618-3626.
- [17] Chang C.C., Kasten R.W., Chomel B.B., Simpson D.C., Hew C.M., Kordick D.L., Heller L., Piemont Y., Breitschwerdt E. B. 2000. Coyotes (*Canis latrans*) as a reservoir for a human pathogenic *Bartonella* sp.: molecular epidemiology of *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* infection in coyotes from central coastal California. *Journal of Clinical Microbiology* 38: 4193-4200.
- [18] Chang C.C., Yamamoto B.B., Chomel B.B., Kasten R.W., Simpson D.C., Smith C.R., Kramer V.L. 1999. Seroepidemiology of *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* infection in California coyotes, 1994-1998. *Emerging Infectious Diseases* 5: 711-715.
- [19] Henn J.B., Gabriel M.W., Kasten R.W., Brown R.N., Theis J.H., Foley J.E., Chomel B.B. 2007. Gray foxes (*Urocyon cinereoargenteus*) as a potential reservoir of a *Bartonella clarridgeiae*-like bacterium and domestic dogs as part of a sentinel system for surveillance of zoonotic arthropod-borne pathogens in northern California. *Journal of Clinical Microbiology* 45: 2411-2418.
- [20] Namekata M.S., Clifford D.L., Kasten R.W., Henn J.B., Garcelon D.K., Coonan T.J., Chomel B.B. 2009. Seroprevalence of *Bartonella* spp. in the endangered island fox (*Urocyon littoralis*). *Veterinary Microbiology* 136: 184-187.
- [21] Chomel B.B., Henn J.B., Kasten R.W., Nieto N.C., Foley J., Papageorgiou S., Allen C. Koehler J.E. 2009. Dogs are more permissive than cats or guinea pigs to experimental infection with a human isolate of *Bartonella rochalimae*. *Veterinary Research* 40: 27.
- [22] Henn J.B., Gabriel M.W., Kasten R.W., Brown R.N., Koehler J.E., MacDonald K.A., Kittleson M.D., Thomas W.P., Chomel B.B. 2009. Infective endocarditis in a dog and the phylogenetic relationship of the associated „*Bartonella rochalimae*” strain with isolates from dogs, gray foxes, and a human. *Journal of Clinical Microbiology* 47: 787-790.
- [23] Lin J.W., Chen C.Y., Chen W.C., Chomel B.B., Chang C.C. 2008. Isolation of *Bartonella* species from rodents in Taiwan including a strain closely related to „*Bartonella rochalimae*” from *Rattus norvegicus*. *Journal of Medical Microbiology* 57: 1496-1501.
- [24] Mexas A.M., Hancock S.I., Breitschwerdt E.B. 2002. *Bartonella henselae* and *Bartonella elizabethae* as potential canine pathogens. *Journal of Clinical Microbiology* 40: 4670-4674.
- [25] Ohad D.G., Morick D., Avidor B., Harrus S. 2009. Molecular detection of *Bartonella henselae* and *Bartonella koehlerae* from aortic valves of Boxer dogs with infective endocarditis. *Veterinary Microbiology*, w druku.
- [26] Breitschwerdt E.B., Sontakke S., Cannedy A., Hancock S.I., Bradley J.M. 2001. Infection with *Bartonella weissii* and detection of *Nanobacterium* antigens in a North Carolina beef herd. *Journal of Clinical Microbiology* 39: 879-882.
- [27] Bermond D., Boulouis H.J., Heller R., Van Laere G., Monteil H., Chomel B.B., Sander A., Dehio C., Piemont Y. 2002. *Bartonella bovis* Bermond et al. sp. nov. and *Bartonella capreoli* sp. nov., isolated from European ruminants. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 52: 383-390.
- [28] Maillard R., Petit E., Chomel B., Lacroux C., Schelcher F., Vayssier-Taussat M., Haddad N., Boulouis H.J. 2007. Endocarditis in cattle caused by *Bartonella bovis*. *Emerging Infectious Diseases* 13: 1383-1385.
- [29] Chomel B.B., Kasten R.W., Williams C., Wey A.C., Henn J.B., Maggi R., Carrasco S., Mazet J., Boulouis H.J., Maillard R., Breitschwerdt E.B. 2009. *Bartonella* endocarditis. A pathology shared by animal reservoirs and patients. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1166: 120-126.
- [30] Rolain J.M., Rousset E., La Scola B., Duquesnel R., Raoult D. 2003. *Bartonella schoenbuchensis* isolated from the blood of a French cow. *Annals of the New York Academy of Sciences* 990: 236-238.
- [31] Cherry N.A., Maggi R.G., Cannedy A.L., Breitschwerdt E.B. 2009. PCR detection of *B. bovis* and *B. henselae* in the blood of beef cattle. *Veterinary Microbiology* 135: 308-312.
- [32] Bemis D.A., Kania S.A. 2007. Isolation of *Bartonella* sp. from sheep blood. *Emerging Infectious Diseases* 13: 1565-1567.
- [33] Adamska M. 2008. Wild ruminants in the area of the north-western Poland as potential reservoir hosts of *Bartonella schoenbuchensis* and *Bartonella bovis*. *Acta Parasitologica* 53: 407-410.



- [34] Halos L., Jamal T., Maillard R., Girard B., Guillot J., Chomel B., Vayssier-Taussat M., Boulouis H.J. 2004. Role of Hippoboscidae flies as potential vectors of *Bartonella* spp. infecting wild and domestic ruminants. *Applied and Environmental Microbiology* 70: 6302-6305.
- [35] Engbaek K., Lawson P.A. 2004. Identification of *Bartonella* species in rodents, shrews and cats in Denmark: detection of two *B. henselae* variants, one in cats and the other in the long-tailed field mouse. *Acta Pathologica, Microbiologica et Immunologica Scandinavica* 112: 336-341.
- [36] Pawelczyk A., Bajer A., Behnke J.M., Gilbert F.S., E. Siński. 2004. Factors affecting the component community structure of haemoparasites in common voles (*Microtus arvalis*) from the Mazury Lake District region of Poland. *Parasitology Research* 92: 270-284.
- [37] Kosoy M., Mandel E., Green D., Marston E., Jones D., Childs J. 2004. Prospective studies of *Bartonella* of rodents. Part II. Diverse infections in a single rodent community. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 4: 296-305.
- [38] Hofmeister E.K., Kolbert C.P., Abdulkarim A.S., Magera J.M., Hopkins M.K., Uhl J.R., Ambyaye A., Telford S.R., Cockerill F.R., Persing D.H. 1998. Cosegregation of a novel *Bartonella* species with *Borrelia burgdorferi* and *Babesia microti* in *Peromyscus leucopus*. *The Journal of Infectious Diseases* 177: 409-416.
- [39] Bray D.P., Bown K.J., Stockley P., Hurst J.L., Bennet M., Birtles R.J. 2009. Haemoparasites of common shrews (*Sorex araneus*) in Northwest England. *Parasitology* 134: 819-826.
- [40] Fournier P.E., Taylor C., Rolain J.M., Barrassi L., Smith G., Raoult D. 2007. *Bartonella australis* sp. nov. from kangaroos, Australia. *Emerging Infectious Diseases* 13: 1961-1963.
- [41] Jones S.L., Maggi R., Shuler J., Alward A., Breitschwerdt E.B. 2007. Detection of *Bartonella henselae* in the blood of 2 adult horses. *Journal of Veterinary Internal Medicine* 22: 495-498.
- [42] Kosoy M., Morway C., Sheff K.W., Bai Y., Colborn J., Chalcraft L., Dowell S.F., Peruski L.F., Maloney S.A., Baggett H., Sutthirattana S., Sidhirat A., Maruyama S., Kabeya H., Chomel B.B., Kasten R., Popov V., Robinson J., Kruglov A., Petersen L.R. 2008. *Bartonella tamiae* sp. nov., a newly recognized pathogen isolated from three human patients from Thailand. *Journal of Clinical Microbiology* 46: 772-775.
- [43] Zeaiter Z., Fournier P.E., Ogata H., Raoult D. 2002. Phylogenetic classification of *Bartonella* species by comparing *groEL* sequences. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 52: 165-171.
- [44] Billeter S.A., Miller M.K., Breitschwerdt E.B., Levy M.G. 2008. Detection of two *Bartonella tamiae*-like sequences in *Amblyomma americanum* (Acari: Ixodidae) using 16S-23S intergenic spacer region-specific primers. *Journal of Medical Entomology* 45: 176-179.
- [45] Vento A., Pätälä T., Vaara M., Larinkari U., Sipponen J. 2008. *Bartonella quintana* and *Bartonella pediococcus* infection after aortic valve replacement. *The Heart Surgery Forum* 11: 94-95.
- [46] Bermond D., Heller R., Barrat F., Delacour G., Dehio C., Alliot A., Monteil H., Chomel B., Boulouis H.J., Piemont Y. 2000. *Bartonella birtlesii* sp. nov., isolated from small mammals (*Apodemus* spp.). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 50: 1973-1979.
- [47] Jardine C., Waldner C., Wobeser G., Leighton F.A. 2006. Demographic features of *Bartonella* infections in Richardson's ground squirrels (*Spermophilus richardsoni*). *Journal of Wildlife Diseases* 42: 739-749.
- [48] Bown K.J., Bennett M., Begon M. 2004. Flea-borne *Bartonella grahamii* and *Bartonella taylorii* in bank voles. *Emerging Infectious Diseases* 10: 684-687.
- [49] Inoue K., Kabeya H., Shiratori H., Ueda K., Kosoy M.Y., Chomel B.B., Boulouis H.J., Maruyama S. 2009. *Bartonella japonica* sp. nov. and *Bartonella silvatica* sp. nov., isolated from *Apodemus* mice in Japan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*: doi. 10.1099/ijs.0.011528-0.
- [50] Gundi V.A., Davoust B., Khamis A., Boni M., Raoult D., La Scola B. 2004. Isolation of *Bartonella rattimassiliensis* sp. nov. and *Bartonella phoceensis* sp. nov. from european *Rattus norvegicus*. *Journal of Clinical Microbiology* 42: 3816-3818.
- [51] Gundi V.A., Taylor C., Raoult D., La Scola B. 2009. *Bartonella rattaaustraliani* sp. nov., *Bartonella queenslandensis* sp. nov. and *Bartonella cooperplainsensis* sp. nov., from australian rats. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, DOI 10.1099/ijs.0.002865-0 .
- [52] Heller R., Kubina M., Mariet P., Riegel P., Delacour G., Dehio C., Lamarque F., Kasten R., Boulouis H.J., Monteil H., Chomel B., Piemont Y. 1999. *Bartonella alsatica* sp. nov., a new *Bartonella* species isolated from the blood of wild rabbits. *International Journal of Systematic Bacteriology* 49: 283-288.
- [53] Kerkhoff F.T., Bergmans A.M. C., van der Zee A., Rothova A. 1999. Demonstration of *Bartonella grahamii* DNA in ocular fluids of a patient with neuroretinitis. *Journal of Clinical Microbiology* 37: 4034-4038.
- [54] Maggi R.G., Kosoy M., Mintzer M., Breitschwerdt E.B. 2009. Isolation of candidatus *Bartonella melophagi* from human blood. *Emerging Infectious Diseases* 15: 66-68.

Wpłynęło 17 listopada 2009

Zaakceptowano 28 grudnia 2009