

## CHLAMIDIJŲ TAKSONOMIJOS ISTORIJA IR ŠIUOLAIKINĖ KLASIFIKACIJA

Jonas Bagdonas

*Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g.18; LT-47181 Kaunas; tel. (8-686) 94 008*

**Santrauka.** Chlamidijų taksonomija iki pastarojo dešimtmečio buvo pagrįsta atskirų fenotipinių ląstelių ir morfologinių požymių analize. Naujų mikroorganizmų su chlamidijoms būdingu vystymosi ciklu atradimas ir anksčiau žinomų *Chlamydia* atstovų genomo tyrimai pareikalavo peržiūrėti *Chlamydiales* eilės klasifikaciją ir nomenklatūrą. Naujai klasifikacijai naudojami griežti genų sistemos kriterijai įvairaus lygio bakterinėms taksonominėms grupėms aprašyti: 95% homologijos buvimas rRNR 16S ir 23S genų nukleotidų sekoje genties, 90% – šeimos, 80% – eilės mikroorganizmų klasės atstovams.

Atsižvelgiant į šiuos kriterijus, *Chlamydiaceae* šeima anksčiau buvo tik viena *Chlamydia* gentis, padalinta į dvi – *Chlamydia* ir *Chlamydophila*. Dvi naujos rūšys, *Chlamydia muridarum* ir *Chlamydia suis*, prijungtos prie *Chlamydia trachomatis*, pateko į *Chlamydia* genties sudėtį. *Chlamydophila* gentį sudaro jau žinomos rūšys *Chlamydophila psittaci* (senas pavadinimas – *Chlamydia psittaci*), *Chlamydophila pneumoniae* (senas pavadinimas – *Chlamydia pneumoniae*) ir *Chlamydophila pecorum* (senas pavadinimas – *Chlamydia pecorum*), taip pat *Chlamydophila abortus*, *Chlamydophila caviae* ir *Chlamydophila felis*, kurios iš *Chlamydia psittaci* išskirtos į savarankiškas rūšis.

Nesenai nustatytos ir aprašytos „chlamidinės“ bakterijos buvo suskirstytos į tris naujas šeimas: *Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae* ir *Waddliaceae Chlamydiales*.

**Raktažodžiai:** *Chlamydia*, *Chlamydophila*, klasifikacija, taksonomija.

## THE HISTORY OF TAXONOMY AND UPTODATE CLASSIFICATION OF CHLAMYDIA

**Summary.** Described classification does not take into account previous analysis of the ribosomal operon or prior identified obligatory intracellular organisms that have a chlamydia-like developmental cycle of replication. Neither it provides a systematic rationale for identifying new strains. In this study, phylogenetic analyses of the 16S and 23S rRNA genes are presented with corroborating genetic and phenotypic information to show that the order *Chlamydiales* contains at least four distinct groups at the family level and that within the *Chlamydiaceae* are two distinct lineages which branch into nine separate clusters. In this report a reclassification of the order *Chlamydiales* and its current taxa is proposed. This proposal retains currently known strains with > 90 16S rRNA identity in the family *Chlamydiaceae* and separates other chlamydia-like organisms that have 80-90 16S rRNA relatedness to the *Chlamydiaceae* into new families. *Chlamydiae* that were previously described as ‘*Candidatus Parachlamydia acanthamoebae*’ Amann, Springer, Schonhuber, Ludwig, Schmid, Muler and Michel 1997, become members of *Parachlamydiaceae* fam. Nov., *Parachlamydia acanthamoebae* gen. Nov., sp. nov. ‘*Simkania*’ strain Z becomes the founding member of *Simkaniaceae* fam. Nov., *Simkania negevensis* gen. Nov., sp. nov. The fourth group, which includes strain WSU 86-1044, was left unnamed. The *Chlamydiaceae*, which currently has only the genus *Chlamydia*, is divided into two genera, *Chlamydia* and *Chlamydophila* gen. nov. Two new species, *Chlamydia muridarum* sp. nov., and *Chlamydia suis* sp. nov., join *Chlamydia trachomatis* in the emended genus *Chlamydia*. *Chlamydophila* gen. nov. assimilates the current species, *Chlamydia pecorum*, *Chlamydia pneumoniae* and *Chlamydia psittaci*, to form *Chlamydophila pecorum* comb. nov., *Chlamydophila pneumoniae* comb. nov., and *Chlamydophila psittaci* comb. nov. Three new *Chlamydophila* species are derived from *Chlamydia psittaci*: *Chlamydophila abortus* gen. nov., sp. nov., *Chlamydophila caviae* gen. nov., sp. nov., and *Chlamydophila felis* gen., sp. nov. Emended descriptions for the order *Chlamydiales* and for the family *Chlamydiaceae* are provided. These families, genera and species are readily distinguished by analysis of signature sequences in the 16S and 23S ribosomal genes.

**Keywords:** *Chlamydia*, *Chlamydophila*, classification, taxonomy.

**Įvadas.** Chlamidijos bei joms giminingi mikroorganizmai, priklausantys *Chlamydiales* eilei, yra obligatiniai, ląsteliniai žmogaus ir gyvūnų parazitai. Platus susirgimų spektras ir šių mikroorganizmų sukeliamų infekcijų eigos ypatumai sąlygoja visapusišką šios grupės tyrimų būtinumą.

*C. trachomatis*, kurią S. Prowazek 1907 atrado anksčiau už kitas chlamidijas, yra geriausiai ištirta *Chlamydiales* eilės atstovė. Iš *C. trachomatis* sukeliamų infekcijų pirmiausia reikia pažymėti urogenitalinio trakto susirgimus ir endeminę trachomą (lėtinį konjunktyvitą) – plačiai paplitusių besivystančiose Azijos, Afrikos ir Pietų Amerikos šalyse.

Šiuo metu *C. trachomatis* yra labiausiai paplitęs lytiniu keliu perduodamas susirgimų bakterinis sukėlėjas. Pasaulinės sveikatos organizacijos (PSO) duomenimis, *C. trachomatis* sukeltų susirgimų skaičius visame pasaulyje kasmet sudaro apie 90 mln. (Batteier, 1997).

Žmogaus kvėpavimo takų susirgimų sukėlėjo *C. pneumoniae* (Balin, 1998) ir jo akivaizdaus ryšio su daugeliu somatinių susirgimų atradimas turėjo didelės įtakos chlamidijų tyrimų programos plėtrai. Atsižvelgiant į šiuolaikinius genetinės sistematikos būdus ir metodus, tyrinėjant bakterinius taksonus rūšių, genčių ir šeimų lygmeniu, taip pat duomenų apie naujas „chlamidines“ padermes, išskirtas iš gyvūnų, kaupimas tapo

nomenklatūros ir klasifikacijos *Chlamydiales* eilės peržiūrėjimo priežastimi.

**Darbo tikslas** – išanalizuoti ir apibendrinti literatūroje paskelbtus istorinius, šiuolaikinius ir prognostinius chlamidijų taksonomijos bei klasifikacijos raidos principus.

**Klasifikacijos raida.** Nuo pat chlamidijų atradimo jų taksonomija ir klasifikacija buvo netiksli ir dažnai prieštaringa. Ankstyvuose tyrimų etapuose klasifikacijos netikslumas atsirado dėl to, kad buvo neaišku, kuriai mikroorganizmų grupei (bakterijų ar virusų) priskirti tam tikrą izoliatą. Iki praeito šimtmečio 60-ųjų metų dėl mažo dydžio ir nesugebėjimo augti ant dirbtinų maitinimo terpių chlamidijos buvo priskiriamos virusams.

Intensyviai tyręs chlamidijų morfologiją, citologiją, cheminę sudėtį bei metabolizmą, Peidž (1966) priėjo išvadą, kad jas reikėtų priskirti bakterijoms. Autorius nurodo, kad per du dešimtmečius nuo 1945 metų net septynis kartus buvo bandoma apibrėžti šeimos padėtį mikroorganizmų sistemoje, kurią pavadino *Chlamydiaceae*. Remdamasis plačiais epidemiologiniais ir išsamiais laboratoriniais tyrimais jis nustatė, kad visi psitakozės–limfogranuliosos–trachomos (PLT) mikro-organizmai priklauso vienai rūšiai ir pasiūlė juos pavadinti *Chlamydia*, pakeičiant anksčiau vartotą daugelio autorių nomenklatūriškai nepagrįstą *Chlamydozoon* pavadinimą. Be to, pabrėžiama, kad viruso terminas su chlamidijomis mažai siejasi ir yra klaidingas.

I. I. Terskich ir kiti mokslininkai manė, kad ornitozės–limfogranuliosos–trachomos (OLT) sukėlėjus galima vertinti kaip virusų pirmtakus (Терских и др., 1966). OLT sukėlėjo dauginimosi mechanizmas skiriasi nuo bakterijų ir riketsijų reprodukcinių procesų ir turi nemažai tapatumų su virusų dauginimusi. Dėl tarpinės evoliucinės padėties OLT sukėlėjai gali būti išskirti į atskirą (stambių virusų) mikroorganizmų grupę – chlamidijas (*Chlamydiceae* šeima).

Dž. Levaditi priėjo išvadą, kad *Chlamydiaceae* šeimos atstovai yra žmogaus epitelinų ląstelių parazitai ir skiriasi nuo *Miyagawellidae* agentų, kurie pažeidžia mezenchimą. Pastarojoje šeimoje galima išskirti keletą pošeimų, t. y. *Miyagawellinae* – ganglijų parazitų ir *Bedsoninae* – septiceminių parazitų (Левадити и др., 1966).

Pirmieji trachomos tyrinėtojai Halbersta ir Prowazek pasiūlė šios ligos sukėlėjų šeimą pavadinti *Chlamydozoa* (*Chlamys* – mantija). Mikroskopuojant Gimzos metodu nudažytus elementinius kūnelius, buvo matoma lyg mantija juos gaubianti medžiaga. Vėliau Meyer (1954) nustatė trachomos ir psitakozės sukėlėjų gyvybinių ciklų panašumą, todėl atsirado nauja rūšis, pavadinta *Bedsonia*, kuri vėliau pakeista į *C. psittaci*. Amerikiečių mokslininkai, nuodugnai ištyrę chlamidijų ir riketsijų skirtumus, pasiūlė taksonomiškai pagrįstą genties pavadinimą – *Chlamydia*. Septintajame dešimtmetyje mikroorganizmams, vadinamiems chlamidijomis, buvo pasiūlyta keletas sinonimų. T. Omori ir kiti mokslininkai 1960 metais šiuos agentus pavadino *Miyagawanella*, todėl kad japonų tyrinėtojas Miyagawa pirmasis nustatė limfiniuose mazguose elementinius kūnelius. B. Semerdijev (1969) teigė, kad OLT sukėlėjus reikia vadinti *Favrella*, pabrėžiant prancūzų tyrinėtojo Favre reikšmę. J. Bochač ir kiti tyrinėtojai šiuos mikroorganiz-

mus vadino bedsonijomis (1963), nes Bedson pirmasis nustatė šių mikroorganizmų prigimtį, morfologiją ir vystymosi ciklą. Dėl chlamidijų ir riketsijų tam tikrų savybių panašumo B. Semerdijev jas vadino parariketsijomis, arba neoriketsijomis. Rusų tyrinėtojai, atsižvelgdami į unikalų chlamidijų vystymosi ciklą, audinių tropizmą ir pataloginių procesų charakterį, šiuos mikroorganizmus siūlė patalpinti tarp virusų ir riketsijų (Терских, 1979). Šeštajame dešimtmetyje šių mikroorganizmų klasifikacijai didelę įtaką padarė nukleolinių rūgščių DNR sudėtyje nustatymas. Taksonominiu požiūriu ypač svarbus buvo aptiktas guaninas ir citozinas (G + C). I. E. Anderson ir kt. (1996), G. Futricam ir kt. (2001), K. D. F. Everett ir kt. (1997), apibendrinami savo laboratorinius tyrimus ir kitų analitikų chlamidiologijoje sukauptą patirtį, *Chlamydiaceae* šeimos PLT grupės sukėlėjus, pasižyminčius savitomis metabolitinėmis savybėmis ir „energetiniu“ parazitizmu, nesugebėjimu daugintis negyvoje maitinimosi terpėje ir nariuotakuose, pasiūlė *Chlamydiaceae* šeimą išskirti į naują, savarankišką eilę *Chlamydiales* (Everett ir kt., 1999). Šiam siūlymui 1971 m. gegužės 4 dieną vienbalsiai pritarė Amerikos mikrobiologų draugijos taksonomų komitetas.

Nuo 1957 iki 1975 metų (Bergey's Manual of Determinative Bacteriology – 7 ir 8 ) buvo diskutuojama dėl *Chlamydiaceae* šeimos genčių skaičiaus. Tačiau 1993 metais, remiantis bakterijų klasifikacija (Bergey's Manual of Determinative Bacteriology), buvo nutarta, kad chlamidijos priklauso pirmo skyriaus devintos grupės antrajai eilei *Chlamydiales*, šeimai *Chlamydiaceae*, genčiai *Chlamydia* (Deptula et al., 1990).

Amerikiečiai pasiūlė skirti dvi rūšis – *C. trachomatis* ir *C. psittaci*. Jų fenotipiniai požymiai buvo skirstyti klasifikaciniu pagrindu. *C. trachomatis* izoliatai turėjo savybę kaupti glikogeną ir buvo jautrūs sulfadimezinui. Dažant jodu glikogenas buvo gerai matomas mikroorganizmų intarpuose (Пэйдж, 1966).

Tokiu būdu iki aštuntojo dešimtmečio vidurio visos bakterijos, cheminėmis charakteristikomis, morfologija ir vystymosi ciklu būdingos chlamidijoms, buvo priskiriamos *C. trachomatis* arba *C. psittaci*. Tačiau išskirtus iš žmogaus, gyvulių ir paukščių pataloginės medžiagos *C. psittaci* mikroorganizmus ir apdorojus jų elementinius kūnelius atitinkamais detergentais ir tripsinu buvo nustatyta, kad jie turi komplementą fiksuojantį rūšiai specifinį antigeną. Nors paaiškėjus, kad minėti mikroorganizmai turi bendrą visoms chlamidijoms būdingą nurodytą antigeną, *C. psittaci* mikroorganizmus buvo įmanoma atskirti rūšiniu pagrindu (Терских ir kt., 1980; Travniček et al., 2002). Tuo pačiu metu atskirų chlamidijų padermų, išskirtų dar iki 1980 metų, nebuvo galima priskirti nė vienai iš nurodytų rūšių naudojantis esminiais klasifikaciniais požymiais (Stephens, 1999).

Kiek vėliau, tobulėjant DNR sistemos raidai, atsirado galimybė panaudoti DNR-DNR hibridizacijos technologiją naujai išskirtų chlamidijų bei padermių, įtrauktų į ATKK (Amerikos tipinių kultūrų kolekcija) iki 1971 metų, analizei. Gauti duomenys, lygiagrečiai su serologinių bei mikromorfologinių tyrimų rezultatais, leido identifikuoti naujas rūšis – *C. pneumoniae* ir *C. pecorum* (1 lentelė) (Anderson et al., 1996; Bagdonas, 1998; Grayston, 1998; Orfila, 1992).

Pastaruoju metu duomenys, gauti tiriant chlamidijų genomą restrikcijos ir molekulinės hibridizacijos metodu, buvo iš esmės papildyti įvairių *Chlamydiales* eilės atstovų rRNR 16S ir 23S genų pirminės struktūros filogenetinės

analizės rezultatais (Herring, 1987; Schiller, 1997). Genetinės sistemos duomenys tapo chlamidijų bei joms giminingų mikroorganizmų nomenklatūros ir taksonomijos pakeitimo pagrindu.

1.lentelė. *Chlamydiaceae* šeimos atstovų pavadinimai

Senasis rūšies pavadinimas	Naujasis rūšies pavadinimas
<i>Chlamydia trachomatis</i> (biovaras trachoma)	<i>Chlamydia trachomatis</i> (biovaras trachoma)
<i>Chlamydia trachomatis</i> (biovaras LGV)	<i>Chlamydia tracomatis</i> (biovaras LGV)
<i>Chlamydia trachomatis</i> (biovaras MoPn)	<i>Chlamydia muridarum</i>
<i>Chlamydia psittaci</i>	<i>Chlamydophila psittaci</i>
<i>Chlamydia psittaci</i>	<i>Chlamydophila abortus</i> *
	<i>Chlamydophila caviae</i> *
	<i>Chlamydophila felis</i> *
<i>Chlamydia pneumoniae</i> (biovaras TWAR)	<i>Chlamydophila pneumoniae</i> (biovaras TWAR)
<i>Chlamydia pneumoniae</i> (biovaras Koala)	<i>Chlamydophila pneumoniae</i> (biovaras Koala)
<i>Chlamydia pneumoniae</i> (biovaras Equine)	<i>Chlamydophila pneumoniae</i> (biovaras Equine)
<i>Chlamydia pecorum</i>	<i>Chlamydophila pecorum</i>

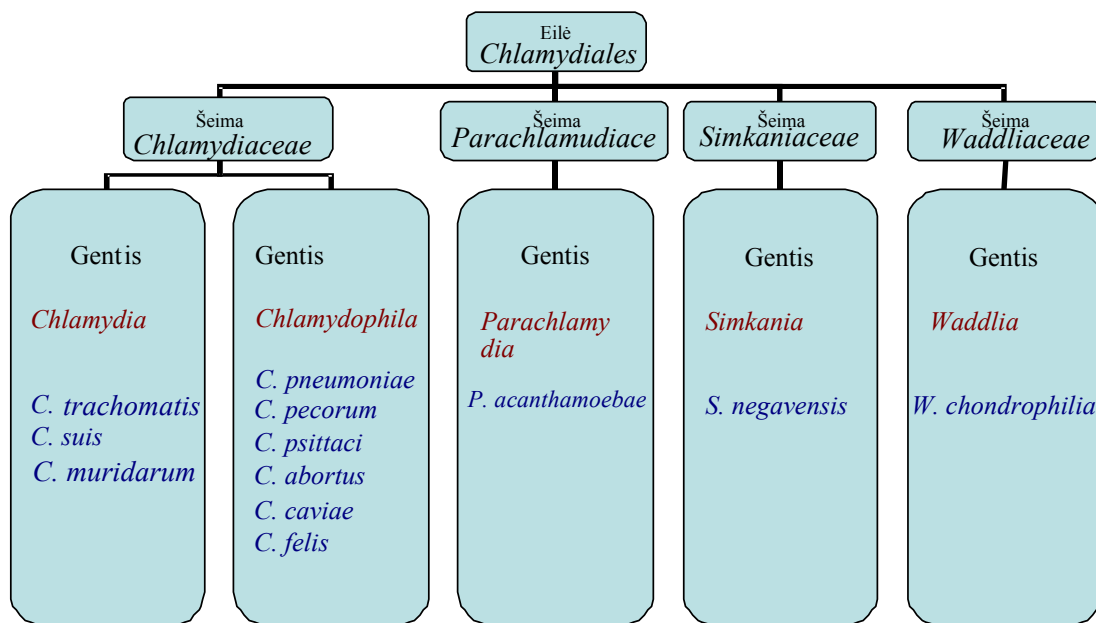
\*Mikroorganizmai, išskirti į atskiras rūšis iš *Chlamydia psittaci*.

Išanalizavus rRNR genų homologijos tyrimų rezultatus, anksčiau neklasifikuoti *Chlamydiales* eilės mikroorganizmai, pasižymintys panašiu chlamidijoms vystymosi ciklu, buvo išskirti į tris papildomas šeimas: *Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae* ir *Waddliaceae* (Amann et al., 1997).

Ribosominių genų filogenetinė analizė leido *Chlamydiaceae* šeimoje išskirti devynias atskiras grupes rūšies lygmeniu. Minėti mikroorganizmai suskirstyti į atskiras rūšis remiantis jų kultūrinių, biocheminių ir antigeninių savybių skirtumais. Buvo atsižvelgiama ir į

tai, kad jie sukeldavo specifinius susirgimus tik tam tikrai gyvūnų rūšiai. Hibridizacijos ir geno restrikcinės analizės duomenys leido chlamidijas ir į jas panašius mikroorganizmus galutinai suskirstyti į rūšis (Everett, 1999; Niemcuk et al., 2003).

*Chlamydiales* eilės aprašymas. Pagal naują K. D. E. Everett 1999 m. pasiūlytą apibūdinimą *Chlamydiales* eilei priklauso obligatinės ląstelinės bakterijos, turinčios panašų į chlamidijų vystymosi ciklą, gramteigiamus arba gramneigiamus infekcinius elementinius kūnelius (EK) ir > 80% „panašumą“ pagal rRNR 16S ir 23S genų seką.



1 pav. Šiuolaikinė *Chlamydiales* eilės mikroorganizmų klasifikacija

Šiuo metu *Chlamydiales* eilei priklauso *Chlamydiaceae* ir pavienėms rūšims atstovaujanti *Simkaniaceae*, *Parachlamydiaceae* ir *Waddliaceae* šeimos (1 pav.). Naujų mikroorganizmų priskyrimas *Chlamydiales* eilei atitinka bakterinės klasės nustatymo kriterijus daugiau kaip 80% identiškumo rRNR 16S

genuose. Kadangi naujos grupės šiuo metu turi nedidelį rūšių skaičių, sprendimas dėl to, ar turi *Chlamydiales* tapti klase ar likti eile, K. D. Everett nuomone, „gali būti atidėtas iki bus išsamesnės informacijos apie naujas chlamidijų grupes“. Visiems *Chlamydiales* eilės atstovams būdingas dviejų fazių vystymosi ciklas,

susidedantis iš funkciškai ir morfologiškai skirtingų formų – EK ir retikulinių kūnelių (RK) kaitos (Bagdonas ir kt., 1996; Fox, 1993; Salih et al., 2002; Zhao, 1993). EK yra metaboliškai neaktyvios 0,2–0,6 µm diametro apvalios ląstelės, turinčios vidinę ir išorinę membranas ir variabilią periplazminę erdvę. Chlamidijų dauginimosi ciklas įvyksta eukariotinei ląstelei endocitozės būdu prarijus EK. Šioje stadijoje EK yra citoplazminių tarpų viduje, kur padidėja iki 0,6–1,5 µm, pavirsta RK ir pereina daugkartinį dalijimąsi. Intarpai yra unikalios vakuolės, kurios nesioksiduoja ir nesusilieja su lizosomomis. Po kurio laiko RK sutankėja ir tampa EK, kurie išeina iš šeimyninės ląstelės ekzocitozės būdu arba plyšus ląstelės membranai. Infekciniam ciklui baigti nereikalingas tarpinis šeiminkas. Daugelis *Chlamydiales* eilės rūšių sugeba latentiskai egzistuoti arba persistuoti šeiminko organizme (Birtles, 1997; Garrett, 1975; Schachter, 1969).

Šeima *Chlamydiaceae*. Anksčiau turėjusi tik vieną gentį *Chlamydia*, pagal naują klasifikaciją suskirstyta į dvi gentis: *Chlamydia* ir *Chlamydophila*.

Skirtumai pirminėje rRNR 16S ir 23S genų struktūroje sudaro mažiau nei 10% visų žinomų padermių šeimos *Chlamydiaceae*. Visos rūšys, įeinančios į šeimą, turi panašią lipopolisacharidinio (LPS) antigeno struktūrą ir atpažįstamos su monokloninių specifinio trisacharidinio fragmento αKdo-(2-8)-αKdo-(2-4)-αKdo LPS antikūnų pagalba (Kahane, 1993; Szeredi et al., 1996; Van Renterghem et al., 1994).

Pagrindiniai baltyminiai antigenai ant EK paviršiaus, taip pat ir 40kDa svarbiausias išorinės membranos (MOMP) baltymas bei 60 kDa cisteinu prisotintas baltymas, parodo ryškų struktūrinį skirtumą *Chlamydiaceae* šeimos rūšių panašumą. Visiems šios šeimos atstovams būdingas nežymus pagrindinio peptidoglikano komponento – muramo rūgšties – kiekis (Darougar, 1980; Ellis, 1987).

Gentis *Chlamydia*. Iki šiol genčiai *Chlamydia* priklausė visos žinomos chlamidijų rūšys. Atitinkamai pakeitus klasifikaciją, rūšys *C. pneumoniae*, *C. psittaci* ir *C. pecorum* buvo išskirtos į atskirą *Chlamydophila* gentį. Tipišku genties *Chlamydia* atstovu kaip ir anksčiau lieka *C. trachomatis*.

Dvi naujos rūšys – *C. muridarum* ir *C. suis* – įtrauktos į *Chlamydia* gentį, parodo didesnę genetinę (97% genų rRNR 16S ir 23S sekos homologija) ir fenotipinį panašumą su *C. trachomatis* nei su kitais šeimos *Chlamydiaceae* atstovais. Dauguma *Chlamydia* genties padermių turi struktūriškai panašius ekstrahromosominius elementus. Svarbiausias fenotipinis šios genties atstovų ypatumas yra gebėjimas kaupti glikogeną intarpuose (Garrett, 1975; Jorgensen, 1997). Skirtingos *Chlamydia* genties padermės gali sudaryti įvairius morfolginius intarpus ir skiriasi pagal rezistencijos sulfadimezinui lygį.

Pagal naują klasifikaciją *C. trachomatis* yra išskirtinis žmogaus parazitas. Įvairios jo padermės sugeba sukelti trachomą, urogenitalinius susirgimus, kai kurias artrito formas, konjuktyvitą ir pneumoniją naujagimiams. 18 serovarų *C. trachomatis* sujungti į du biovarus – trachomą (serovarai a-k, Ba, Da ir Ia) ir limfagranuliomą *venerum* (LGW serovarai L1, L2, L2a ir L3) (Batteiger et al., 1996; Moulder et al., 1984).

*C. muridarum* (lot. *Muridae*) anksčiau buvo laikomas trečiuoju biovaru *C. trachomatis* (*MoPn mouse pneumonitis*), yra graužikų *Muridae* šeimos susirgimų sukėlėjas. Dvi šios genties padermės išskirtos iš pelių ir žiurkėnų (Dwyer, 1972; Fox, 1993; Moulder, 1984).

*C. suis* (lot. *Suis*) pirmą kartą buvo išskirta iš kiaulės (*Suis scrofa*) (Schiller et al., 1999; Szeredi et al., 1996; Zahn et al., 1995). Įvairios padermės *C. suis* sukelia konjuktyvitą, enteritą ir pneumoniją gyvūnams ir yra jautrios sulfadimezinui bei tetraciklinui.

Gentį *Chlamydophila* sudaro žinomos *Cph. psittaci*, *ph. pneumoniae* ir *Cph. pecorum* rūšys, taip pat *Cph. abortus* (Travniček et al., 2022; Sachse et al., 2002), *Cph. caviae* ir *Cph. felis*, kurios išskirtos iš *C. psittaci* į atskiras rūšis (Lasinskaitė–Čerkašina ir kt., 2003).

Minėtų rūšių atskyrimas į atskirą gentį yra sąlygotas žymiais genetiniais ir fenotipiniais *Chlamydophila* ir *Chlamydia* genčių skirtumais. Tuo pat metu visi *Chlamydophila* genties atstovai yra evoliuciškai giminingi pagal įvairių genų struktūrą, taip pat ribosominio operono ir išorinės membranos baltymų (omp1, omp2) genus. Genties atstovams būdingas ypatumas yra jų negebėjimas produkuoti glikogeną. Tipiškas genties atstovas yra *Cph. psittaci* (Савосина и др., 1978; Эндельштейн, 1999).

*Cph. pecorum* (ankstesnis pavadinimas – *C. pecorum*) yra išskirtinai gyvūnų susirgimų sukėlėjas. Kelios *Cph. pecorum* padermės išskirtos iš sterbliųjų (koalos), atrajotojų ir kiaulių. Koaloms šis sukėlėjas išprovokuoja nevaisingumą, šlapimo ir reprodukcinės sistemos susirgimus. *Cph. pecorum* padermė buvo išskirta iš kiaulės patologinės medžiagos ir identifikuota 1994 metais (Salinas et al., 1996; Zahn et al., 1995).

*Cph. pneumoniae* (ankstesnis pavadinimas – *C. pneumoniae*) iš esmės yra respiratorinių susirgimų sukėlėjas. Liga pasireiškia sinusitu, faringitu, bronchitu, pneumonija ir kitais simptomais. Ši rūšis turi tris biovarus: TWAR, kurio pavadinimas kilo iš pirmųjų išskirtų padermių raidžių – TW-183 ir AR-39 (Grayston et al., 1989; Orfila, 1992; Van Renterghem, 1994). Koala (*Koala*) ir arklio (*Equine*) biovarų pavadinimai susiję su padermių išskyrimo šaltiniu. *Cph. pneumoniae* padermė buvo identifikuota 1986 metais.

Visos *Cph. pneumoniae* padermės, parazituojančios gyvūnuose ir žmonėse, turi panašias genetines ir antigenines charakteristikas, todėl nagrinėti jas galima kaip vienos rūšies atstovus. TWAR padermės yra žmonių respiratorinio trakto susirgimų sukėlėjai, dažniausiai sukeliantys ūmius ir lėtinius bronchitus bei pneumonijas. Pastaruoju metu randasi vis daugiau duomenų apie galimą *Cph. pneumoniae* ir aterosklerozės bei bronchinės astmos vystymosi tarpusavio ryšį (Balin et al., 1998; Ellis, 1997). *Cph. psittaci* (ankstesnis pavadinimas – *C. psittaci*) pagal J. W. Moulder aprašymą (1984) priklausė keturios sukėlėjų grupės, kurios smarkiai skyrėsi ir genetiškai, ir fenotipiškai. Jos sukeldavo įvairius žmogaus ir gyvūnų susirgimus. Pagal naują klasifikaciją *Cph. psittaci* priklauso padermei, kurios pagrindinis šeiminkas yra paukščiai. Visos šios padermės gali infekuoti ir žmogų, sukelti psitakozę (Bagdonas ir kt., 1996; Stephens, 1999). *C. psittaci* turi 8 serovarus, daugelis iš jų gali parazituoti kelių rūšių paukščiuose.

*Cph. abortus* pavadinta pagal pagrindinį susirgimo simptomą. Ši rūšis paplitusi tarp atrajotojų ir dažniausiai kolonizuoja placentą, gimdą, kiaušintakius, kiaušides ir kitas urogenitalinio trakto epitelines ląsteles. Sporadiniai abortai, kuriuos sukelia *Cph. abortus*, įvykdavo moterims, dirbusioms su avimis, ožkomis ir karvėmis (Herring et al., 1987; Jorgensen, 1997).

*Cph. felis* (lot. *Felis catus*) naminiams katėms (*Felis catus*) sukelia rinitus, konjunktyvitus ir enteritus. Literatūroje aprašytos žmonių zoonozinės infekcijos, sukeltos *Cph. felis*, mikroorganizmų ir pasireiškė konjunktyvitu (Schachter et al., 1969).

*Cph. caviae* (lot. *Cavia*) pirmą kartą išskirta iš Gvinėjos kiaušės (*Cavia cobbata*) konjunktyvos. Vėliau aprašyti keli šios rūšies gyvūnai (Zhao et al., 1993; Sachse et al., 2002).

Laboratorinėmis sąlygomis įrodyta, kad *Cph. caviae* gali sukelti gyvūnų lytinių organų infekcijas, simptomai panašūs į analogiškus žmogaus susirgimus. Nustatyta, kad *Cph. caviae* yra endeminis *Cavia cobbata* gyvūnų susirgimų sukėlėjas, kolonizuojantis gleivinės epitelį.

Šeima Parachlamydiaceae. Jai priklauso mikroorganizmai, kurie variabiliai nusidažo pagal Gramą. Nustatyta, kad mikroorganizmai yra amebų parazitai ir neatpažįstami pagal monokloninius antikūnus, būdingus *Chlamydiaceae* šeimos LPS antigeniniam kompleksui. Šie mikroorganizmai gali būti auginami Vero ląstelių kultūroje (Amann et al., 1997; Birtles et al., 1997). Ribosominių genų nukleotidų sekoje *Parachlamydiaceae* ir *Chlamydiaceae* skirtumai sudaro 10–20%. Šeimos sudėtyje yra tik viena gentis, kurios atstovas yra *Parachlamydia acanthamoebae*, parazitaujantis *Acanthamoebae* genties pirmuonyse. Trofozoitai *Acanthamoebae*, turintys *P. acanthamoebae* padermę, karštingės protrūkio metu iš žmonių buvo išskirti Vermonte (JAV). Vokietijoje šie mikroorganizmai išskirti iš kliniškai sveikų moterų genitalijų (Birtles et al., 1997).

Šeima Simkaniaceae. Šiuo metu šeimai priklauso vienintelė *Simkania* rūšis, atstovaujama *Simkania negevensis* Z<sup>T</sup> padermės. Genties pavadinimas *Simkania* susijęs su autorės (Simona Kahane) vardu, pirmą kartą aprašiusios šią padermę kaip „mikroorganizmą Z“ (Kahane et al., 1993). Rūšies pavadinimas duotas pagal dykumos Negev, esančios Izraelio pietuose, pavadinimą. Padermė Z<sup>T</sup> buvo nustatyta kaip kontaminuojantis ląstelių kultūros mikroorganizmas. *Simkania* mikroorganizmų šeiminkas kol kas tiksliai nėra žinomas, tačiau serologiniai tyrimai ir PGR analizės duomenys rodo, kad šis mikroorganizmas gali būti plačiai paplitęs tarp žmonių. *Simkania* mikroorganizmams būdingas ilgas (iki 14 dienų) palyginti su kitomis chlamidijomis vystymosi ciklas Vero ląstelių kultūroje. Padermė Z<sup>T</sup> nenustatoma pagal būdingus LPS antigeniniam kompleksui *Chlamydiaceae* šeimos monokloninius antikūnus (Kahane et al., 1993).

Šeima Waddliaceae. Vienintelis šeimos atstovas yra *Waddlia chondrophila* rūšis (padermė WSU 86-1044T). Ji aprašyta ir klasifikuota vėliau už kitus *Chlamydiales* mikroorganizmus (Rurangvira et al., 1999). Padermė WSU 86-1044T buvo išskirta iš abortavusios karvės vaisiaus patologinės medžiagos. Padermės WSU 86-1044T geno rDNR 16S nukleotidų seka yra 84,7–85,3% panaši į įvairių chlamidinių padermių atitinkamų genų

sekas. Tyrimų rezultatai pagal šiuolaikinius genetinės sistemos kriterijus leidžia priskirti šią padermę atskirai genčiai (*Waddlia*) ir šeimai (*Waddliaceae*) *Chlamydiales* eilėje.

**Aptarimas.** Šiuolaikinė chlamidijų klasifikacija tapo neišvengiama dėl atsiradusių naujų žinių apie šios mikroorganizmų grupės atstovus, įvairių bakterinių sukėlėjų diagnostikos ir tyrimo metodų tobulėjimo. Minčiai apie šeimos *Chlamydiaceae* reklasifikacijos būtinumą bei atskiros *Chlamydoiphila* genties jos sudėtyje išskyrimą iš pradžių nebuvo pritarta. R. S. Stephens nuomone (1999), naujos chlamidijų taksonomijos ir nomenklatūros įvedimas kelia nemažai neaiškumų sveikatos apsaugoje. Pavadinimas *Chlamydiae* nepadarė reikiamos įtakos susirgimo prevencijai, būtinai efektyviai chlamidinių infekcijų išplitimo kontrolei. Tačiau šio pavadinimo pakeitimas koku nors kitu gali daryti nepageidaujamą įtaką visuomenės supratimui dėl prarastos jau įsitvirtinusios svarbios *Chlamydiae* sąvokos (Stephens, 1999). Bet, K. D. Everett nuomone, nauja klasifikacija „užtikrina nuoseklų žinomų chlamidijų rūšių nustatymą ir kartu yra logiškas pagrindas aprašant naujus taksonus, taikant kitoms svarbiausiomis filogenetinėms bakterijų grupėms nustatytus kriterijus“ (Everett et al., 1999).

#### Išvados.

1. Apibendrinus šiuolaikinius literatūros šaltinius nustatyta, kad gnoseologinė *Chlamydiales* eilės mikroorganizmų klasifikacijos evoliucija nėra baigta ir bus tęsiama tobulėjant modernesnėms biotechnologijoms, kaupiant naujausius molekulinį tyrimų duomenis.

2. Šiuolaikinių molekulinį genoinžinerinių tyrimų sankaupa leidžia naujai peržiūrėti žmonių, gyvulių ir kitų gyvūnų chlamidijų epidemiologiją, etiopatogenezę, imunologinių procesų mechanizmus ir kurti efektyvias specifines profilaktines priemones.

#### Literatūra.

- Amann R. Obligate intracellular bacterial parasites of acanthamoebae related to *Chlamydia* spp. Appl. Environ Microbiol. 1997. V. 63. P.115–121.
- Anderson I. E., Baxter S. I., Dunbar S., Rae A. G., Philips H. L., Clarkson M. J., Herring A. J. Analyses of the genomes of chlamydial isolates from ruminants and pigs support the adoption of the new species *Chlamydia pecorum*. Int. J. Syst. Bacteriol. 1996. N. 46. P. 245–251.
- Bagdonas J. Kiaulių chlamidiozė ir jos diferencinė diagnostika. Kaunas: Candela. 1998. 78 p.
- Bagdonas J., Gerulis G., Baliukonienė V. Chlamidijų bioimunologinių savybių tyrimas. Veterinarija ir zootechnika. 2000. T. 9. (31). 5–11 p.
- Bagdonas J., Tamašauskienė B., Liutkevičienė V. Kiaulių chlamidiozė ir jos diagnostikos ypatybės. Veterinarija ir zootechnika. 1996. T. 1(23). 21–25 p.
- Balin B. J. Identification and localization of *Chlamydiae pneumoniae* in the Aizheimer – s brain. Med. microbiol. Immunol. 1998. V.187. P.23–42.
- Batteiger B.E. The major outer membrane protein of a sigl *Chlamydia trachomatis* serovar can possess more than one serovar specific epitope. Infect. Immun. 1996. V. 64. P. 542–547.
- Birtles R. J. Chlamydia like obligate parasite of free living amoebae. Lancet. 1997. V. 349. P. 925–926.
- Bočač J., Vežnikova D., Pleva V., Vernik Z., Kyžanek J., Rob O., Thoman J. Bedsonia as agents of bovine orchitis and vaginitis in Czech. Czechoslovak Virological Conf. Bratislava. 1963. P. 436–438.
- Darougar S. Prevalence of antichlamydial antibody in London blood donors. Brit. J. Vener. Dis. 1980. V. 56. P. 404–407.
- Deptula W., Ruczkowska J., Szenfeld J., Choroszy-Krol I., Travniček M. Immunological status in cattle naturally infected by the

- microorganisms *Chlamydia trachomatis* and *Chlamydia psittaci*. Vet. Med. (Praha). 1990. N. 35. P. 73–80.
12. Dwyer R. St. Chlamydial infection. Results of micro immunofluorescence tests for the detection of type specific antibody in certain chlamydial infections. Brit. J. Vener. Dis. 1972. V. 48. P. 452–459.
13. Ellis R. W. Infection and coronary heart disease. J. med. microbiol. 1996. N. 46. P. 535–539.
14. Everett K. D. F., Homung L. J., Andersen A. A. Rapid detection of the *Chlamydiaceae* and other families in the order Chlamydiales: three PCR test. Int. J. Syst. Bacteriol. 1997. N. 37. P. 575–580.
15. Everett K. D., Busch R. M., Andersen A. A. Emended description of the order Chlamydiales, proposal of Parachlamydiaceae fam. nov. and Simkaniaceae fam. nov. each containing one mono typical genus, revised taxonomy of the family chlamydiaceae, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. Inter. J. Syst. Bacteriol. 1999. V. 49. P. 415–440.
16. Everett K. D. E. Chlamydia and Chlamydiales: more than meets the eye. Vet. Microbiol. 1999. N. 75. P. 109–126.
17. Fox J. G. Antigenic specificity and morphologic characteristics of *Chlamydia trachomatis*, strain SFPD, isolated from hamsters with proliferative ileitis. Lab. Anim. Sci. 1993. V. 43. P. 405–410.
18. Futrican G., Buxton D., Longhton D. Chlamydial infection in sheep: immune control versus fetal pathology. J. R. Soc. Med. 2001. N. 94. P. 273–277.
19. Garrett A. J. Some properties of the polysaccharide from cell cultures infected with TRIG agent (*Chlamydia trachomatis*). J. Gen. Microbiol. 1975. N. 90. P. 133–139.
20. Grayston J. T. *Chlamydia pneumoniae* sp. Nov. for. *Chlamydia* sp. Strain TWAR. Int. J. Syst. Bacteriol. 1989. V. 39. P. 88–90.
21. Jorgensen D. M. Gestational psittacosis in a Montana sheep rancher. Emerg. Infect. Dis. 1997. V. 3. P. 191–194.
22. Herring A. J. Restriction endonuclease analysis of DNA from two isolates of *Chlamydia psittaci* obtained from human abortions. Brit. Med. J. 1987. V. 295. P. 1239.
23. Kahane S. Description and partial characterisation of a new chlamydia like microorganism. FEMS Microbiol. Lett. 1993. V. 109. P. 329–334.
24. Niemcuk K., Truszczynski M. Klasyfikacja bakterii z uwzględnieniem reklasyfikacji rodziny *Chlamydiaceae*. Medycyna Wet. 2003. V. 59. Nr. 1. P. 27–30.
25. Lasinskaitė-Čerkašina A., Pavilionis A., Vaičiūvenas V. Medicinos mikrobiologija ir virusologijos pagrindai. Kaunas: 2003. P. 637–644.
26. Meyer K. F. Early diagnosis of by the psittacosis – lymphogranulosa – venereum group. Dynamics of virus Rickettsia infections. – New-York, Biakiston co., 1954. V. 4. P. 95–325.
27. Moulder J. W. Genus chlamydia. Bergeys Manual of systematic bacteriology. 1984. V. 1. P. 29–739.
28. Omori T., Ischix S., Matumoto M. D. Miyagawaneliosis of cattle in Japan. Am. J. Vet. Res. 1960. V. 21. N. 83. P. 564–575.
29. Orfila J. *Chlamydia pneumoniae*. Med. mal. Infect. 1992. N. 22. P. 26–29.
30. Rurangirwa F. R., Dilbek P. M., Crawford T. B., Mc Guire T. C., Mc Elwain T. F. Analysis of the 16S rRNA gene of mikro organism WSU 86 1044 from an aborted bovine foetus reveals that it is a member of the order Chlamydiales: proposal of Waddliaceae fam. nov. *Waddlia chondrophila* gen nov. sp. Nov. Int. Syst. Bacteriol. 1999. V. 49. P. 577–581.
31. Sachse K., Grosman E. Chlamydienerkrankungen der Nutz- und Haustiere – Zoonotisches Potential der Erreger und diagnostische Fragen. Dtsch. Tierarztl. Wschr. 2002. N. 109. P. 142–148.
32. Salih Alj Debbarh H., Touhami M., El Idrissi A., Saile R., Rodolakis A. Chlamydiöse abortive des petits ruminants au Maroc: opportunité d'améliorer le diagnostic sérologique. Revue med. Vet. 2002. N. 153(2) P. 101–106.
33. Salinas J., Souriau A., De Sa C., Andersen A. A., Rodolakis A. Serotype-2 specific antigens from ruminant strains of *Chlamydia pecorum* detected by monoclonal antibodies. Comp. Immun. Microbiol. Infect. Dis. V. 19. N. 2. 1996. P. 155–161.
34. Schachter J. Human infection with the agent of feline pneumonitis. Lancet. 1969. V. 1. P. 1063–1065.
35. Schiller I. Polymerase chain reaction (PCR) detection of porcine *Chlamydia trachomatis* and ruminant *Chlamydia psittaci* serovar 1 DNA in formalin fixed intestinal specimens from swine. J. Vet. Med. Ser. B. 1997. V. 44. P. 185–191.
36. Semerdjiev B. Diagnostic serologicas des neorickettsioses en Bulgarie. Bull. Off. Internat. Epizoot. 1969. V. 72. N. 1. P. 1157–1163.
37. Stephens R. S. Chlamydia. Intracellular Biology. Pathogenesis and Immunity. Washington: ASM press. 1999. N. 8. P. 143–146.
38. Szeredi L., Schiller I., Sydlar T., Guscetti F., Heinen E., Corboz L., Eggenberger E., Jones G. E., Pospischil A. Intestinal *Chlamydia* in finishing pigs. Vet. Pathol. 1996. V. 33. P. 369–374.
39. Terskich I. I., Bagdonas J. J., Popova O. M., Oboladze D. B., Savosina N. S., Abramova L. N. Spezifische Diagnostik und Möglichkeiten der Immunoprophylaxe bei verschiedenen Chlamydieninfektionen der Widerkauer. Wissenschaftliche Zeitschrift der Humbolt-Universität zu Berlin. Mat-Nat. 1980. N. 29. P. 97–99.
40. Travníček M., Kovačova D., Deptula W., Bajova V., Čislakova L., Zubricky P., Stosik M. Serological response of cattle to *Chlamydophila abortus* in Slovakia in 1996–2000. Polish J. of Veterinary Sciences. 2002. V. 5. N. 1. P. 25–27.
41. Van Renterghem B., Dewilde A., Watrè P., Pouillaude J. M. Place de *chlamydia pneumoniae* en infectiologie. La lettre de l'infectiologue. 1994. T. 9. N. 15. P. 491–498.
42. Zahn I., Szeredi L. Immunohistochemical determination of *Chlamydia psittaci* / *pecorum* and *C. trachomatis* in the piglet gut. Vet. Med. ser. B. 1995. N. 42. P. 266–276.
43. Zhao Q. Lack of allelic polymorphism for the major outer membrane protein gene of the agent of guinea pig inclusion conjunctivitis (*Chlamydia psittaci*). Infect. Immun. 1993. V. 61. P. 3078–3080.
44. Левадити Дж. К., Роже Ф., Дестом П. Предложения по классификации *Chlamydiaceae*. IX Международный конгресс по микробиологии. 24–30 июля 1966г. Медицина. Москва. 1966. С. 373–375.
45. Пэйдж Л. А. Причины объединения организмов группы пситтакоз-венерическая лимфогранулема-трахома в род. IX Международный конгресс по микробиологии 24–30 июля 1966г. Медицина. Москва. 1966. С. 374–375.
46. Савосина Н. С., Попова О. М., Терских И. И. Участие видоспецифического и группоспецифического антигенов орнитоза в реакциях иммунитета. Вопросы вирусологии. 1978. N. 6. С. 722–724.
47. Терских И. И. Орнитоз и другие хламидийные инфекции. Москва. Медицина. 1979. С. 222.
48. Терских И. И., Попова О. М., Громыко А. И., Заиров Г. К. Возбудители группы орнитоза-лимфогранулемы-трахомы: природа, репродукция, систематика. IX Международный конгресс по микробиологии 24–30 июля 1966г. Москва. Медицина 1966. С. 373–374.
49. Эйдельштейн И. А. Фундаментальные изменения в классификации хламидий и родственных им микроорганизмов порядка *Chlamydiales*. Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 1999. N1. (1). С. 5–11.