

LUDZKIE WSZY

Monika Żelazowska (Kraków)

Wszy (Anoplura lub Siphunculata) są owadami, które odżywiają się krwią pobieraną bezpośrednio z naczyń krwionośnych ssaków. Wraz z wszołami (Mallophaga) wliczane są przez niektórych badaczy do rzędu Phthiraptera. Analizy filogenetyczne, m.in. na podstawie sekwencji 18S rDNA, wykazały jednak, że Phthiraptera nie są grupą monofiletyczną, gdyż pochodzą z kilku linii ewolucyjnych. Wszy pojawiły się prawdopodobnie w późnej kredzie (około 77 mln. lat temu). Szacuje się, że około 65 mln lat temu rozpoczęła się kolonizacja różnych ssaków i pojawianie się oraz rozprzestrzenianie się wraz z nimi nowych gatunków wszy. Z zapisu geologicznego znane są tylko dwa gatunki: *Megamenopon rasnitsyni* znaleziony w łupkach pochodzących z terenów Syberii (datowany na około 140 mln. lat) i *Saurodectes vrsanskyi* znaleziony w olejach łupkowych (powstałych około 44,3 – 0,4 mln. lat temu). Wśród wszy związanych z człowiekiem jedyny wyjątek stanowią z mumifikowane jaja wszy ludzkiej głowowej (gnidy) i szczątki wszy łonowych (mendy), które znajdowane są w mumiach.



Ryc. 1. Samiec wszy świńskiej *Haematopinus suis*. Fotografowała Mgr Magdalena Dudziak, Zakład Entomologii, Instytut Zoologii UJ.

Bezpośredni przodkowie wszołów i wszy byli spokrewnieni z owadami z rzędu gryzków (Psocoptera). Były to owady oportunistycznie związane z gniazdami

ptaków i ssaków, które stanowiły dla nich przyjazne środowiska, bogate w nieograniczone zapasy pożywienia (grzyby, odchody zawierające szczątki organiczne, złuszczone naskórek, sierść i pióra). Posiłek, który zawierał dodatkowo krew, okazał się być bardziej treściwy (ze względu na substancje odżywcze) i łatwo dostępny. Spowodowało to, że przodkowie wszołów i wszy przystosowali się do życia na ciele gospodarzy gniazd oraz do odżywiania się ich złuszczone naskórkiem i krwią. Z biegiem czasu narządy gębowe przodków wszy przekształciły się z gryzących w kłująco-ssące, a one same stały się hematofagami nierozłącznie związanymi ze swoimi gospodarzami. W tym miejscu należy wspomnieć, że współcześnie żyjące wszoły, które odżywiają się krwią (np. z podrzędu Rhynchophthirina – żyją na skórze guźca, świni z rodzaju *Potamochoerus* sp. oraz słonia) dostęp do pokarmu uzyskują w inny sposób niż wszy. Nagryzają skórę powodując powstawanie wybroczyn krwi. Wszystkie wszy żyją gromadnie i nie tworzą społeczeństw. Związek ze ssakami ma odzwierciedlenie w licznych cechach tych owadów.

Wszy mają odnóża czepne umożliwiające przyczepianie się do włosów. Są wrażliwe na temperaturę ciała. Wykazano, że prawie natychmiast po śmierci opuszczają zwłoki, aby znaleźć następnego gospodarza, w przeciwnym razie same szybko giną. Są spłaszczone grzbieto-brzusznie, ślepe i mają krótkie czułki. Wykazują jednak dodatnią fototaksję, ale tylko wtedy, gdy ze światłem nie jest związana wysoka temperatura i susza. Wiedzione zapachem chętnie podążają do miejsc, w których znajdują się lub znajdowały się inne osobniki lub odchody. Zapachy odbierane są przez chemoreceptory znajdujące się w ścianie ciała. Zawiera ona także termoreceptory i higroreceptory, zgrupowane w postaci narządów kłębuszkowych (sensille). Współcześnie żyjące wszy, podobnie jak wszoły, nie mają skrzydeł i nie latają. Do przemieszczania się na duże odległości wykorzystują muchy narzępikowate (Hippoboscidae), przyczepiając się do włosów na ich ciele podróżując „autostopem na gapę”. Samice wszy ludzkich nie mają w układzie rozrodczym spermateki – struktury, która służy do magazynowania nasienia zebranego w czasie kopulacji, dlatego muszą często kopulować. Samce tego gatunku są więc bardzo płodne, produkują i magazynują tyle nasienia, że wystarcza go, by zapłodnić

jedną porcją nawet 10–18 samic. Samice wszy łonowych mają spermatekę i żyją w grupach niezbyt licznych w osobniki.

Fascynującym zagadnieniem i przydatnym narzędziem w badaniach wszy i ich ewolucji okazały się być analizy mikroorganizmów endosymbiotycznych. Mikroorganizmami tymi są obligatoryjne bakterie „*Candidatus Riesia pediculicola*” z grupy Enterobacteriaceae, które zasiedlają bakteriomy. Bakteriomy są to narządy zbudowane z komórek (bakteriocytów), w których cytoplazmie znajdują się symbiotyczne mikroorganizmy. Badania wykazały, że po pobraniu przez owada krwi o zmienionym składzie, symbionty te giną. To z kolei skutkuje śmiercią owada. Dlatego wszy związane z jednym gatunkiem ssaka nie mogą żyć na ciele gatunku, którego krew różni się składem od krwi właściwego dla nich gospodarza. Mikroorganizmy symbiotyczne są przekazywane z pokolenia na pokolenie na drodze transowarialnej, czyli w wyniku infekcji żeńskich komórek rozrodczych owada. W ciele dojrzewających płciowo samic



Ryc. 2. Odnóże czepne wszy świńskiej *Haematopinus suis*. Fotografowała Mgr Magdalena Dudziak, Zakład Entomologii, Instytut Zoologii UJ.

i dojrziałych płciowo samców wszy ludzkiej endosymbionty zgromadzone są w otoczonym mięśniami uwypukleniu jelita środkowego (w tzw. dysku żołądkowym) położonym po jego brzusznej stronie. Dysk ten złożony jest z 10–16 komór, w których znajdują się mikroorganizmy zanurzone w syncytium niezawierającym jąder komórkowych. Syncytium to powstaje w wyniku połączenia się błon komórkowych bakteriocytów. W pełni uformowany dysk żołądkowy nie jest połączony ze światłem jelita owada. Podczas ostatniego linienia larw żeńskich komory łączą się, endosymbionty wyrzucane są z dysku żołądkowego skurczem jego mięśni i wędrują po powierzchni jelita do jajowodów. W ciele dojrziałych płciowo samic

mikroorganizmy zasiedlają bakteriomy zlokalizowane w ampullach znajdujących się w szczytowych częściach jajowodów bocznych. Z bakteriomami wszy ludzkich związany jest też inny mikroorganizm. Jest nim γ -proteobakteria z rodziny Enterobacteriaceae. Badania 16S rRNA wchodzącego w skład małej podjednostki rybosomu bakterii związanej z bakteriomami wszy wykazały, że jest ona spokrewniona z mikroorganizmem *Arsenophonus nasoniae* (związanym z pasożytniczymi osami), jednak różni się w więcej niż 10% od 16S rRNA tej bakterii.

Badania molekularne ludzkich wszy są przydatne w określaniu zdarzeń, które miały miejsce w ewolucji człowieka rozumnego (*Homo sapiens*), ale które nie znajdują dostatecznego odzwierciedlenia w szczątkach kopalnych. Z *H. sapiens* związana jest historia ewolucyjna dwóch gatunków. Są to: wesz ludzka (*Pediculus humanus* L.) i wesz łonowa (*Pthirus pubis* L.). Wesz ludzka jest spokrewniona z gatunkiem *Pediculus schaeffi*, który żyje na owłosionej skórze szympanów. Badania mitochondrialnego DNA (mtDNA) wskazują, że gatunki *P. humanus* i *P. schaeffi* pojawiły się około 5,6 mln. lat temu.

Wesz łonowa pojawiła się i związała się z przodkiem człowieka prawdopodobnie około 3 mln. lat temu. Jest spokrewniona z gatunkiem *Pthirus gorillae* żyjącym na owłosionej skórze goryli. Przypuszcza się, że do pojawienia się wszy łonowych mogły przyczynić się polowania na te naczelne oraz wkradanie się i zagarnianie ich gniazd przez przodków człowieka. Rozprzestrzenianie tych wszy wśród populacji pradziejowych związane było z czynnościami seksualnymi oraz ze świadczonymi sobie nawzajem w stadzie zabiegami pielęgnacyjnymi. Obecnie wesz łonowa jest gatunkiem, który zanika. Jej środowiskiem życia jest owłosiona skóra ciała, włosy porastające klatkę piersiową, ramiona i nogi, brodę, rzęsy i brwi (także noworodków i dzieci) oraz włosy porastające okolice zewnętrznych narządów płciowych.

W obrębie gatunku *P. humanus* wyodrębnia się trzy podgatunki. Są to wesz głowowa (*Pediculus humanus capitis*), wesz odzieżowa (*Pediculus humanus humanus*), i *P. humanus mjobergi*. *P. humanus mjobergi* żyje na ciele naczelników z rodziny płaksowatych (Cebidae) z Ameryki Południowej. Wszy ludzkie przywędrowały na ten kontynent podczas migracji ich żywicieli.

Wesz głowowa żyje i składa jaja na owłosionej skórze mózgowcaszki, przyklejając je do włosów; wesz odzieżowa żyje i składa jaja na ubraniu oraz rzadko pobiera krew. Wesz głowowa często pobiera krew i jest bardziej wrażliwa na zmiany temperatury otoczenia. Jaja wszy głowowej są odporne

na działanie niekorzystnych warunków środowiska i mogą przez krótki czas przeżyć nawet bardzo niskie oraz wysokie temperatury, nie szkodzi im też krótkotrwałe zatapienie.



Ryc. 3. Jajo wszy świńskiej *Haematopinus suis* przyklejone do włosa świni. Fotografowała Mgr Magdalena Dudziak, Zakład Entomologii, Instytut Zoologii UJ.

Duża zmienność genetyczna współcześnie żyjących wszy ludzkich pochodzących z Afryki i zegar molekularny wskazują, że wesz głowowa i odzieżowa pochodzą z tego kontynentu. Wesz odzieżowa pojawiła się prawdopodobnie zaraz po tym, jak człowiek nauczył się tworzyć i szyć odzież. Zdarzenie to datuje się na około 72 ± 42 tys. lat temu lub nawet na 107 tys. lat. Strój był bardzo istotną innowacją, zarówno dla człowieka, jak i dla wszy. Z jednej strony spowodował kolonizację całej planety przez człowieka, zaś z drugiej strony dał szansę wszy ludzkiej na pobieranie pokarmu z naczyń krwionośnych na powierzchni całego ciała człowieka. Ekspansja wszy odzieżowej poza kontynent afrykański następowała wraz z migracją *H. sapiens* do regionów o chłodnym klimacie. Żyjący na nowych terenach neandertalcy okrywali swe ciała już znacznie wcześniej, ale nie potrafili szyć dla siebie ubrań.

Dominującym obecnie nurtem w badaniach wszy są molekularne analizy genomu owadów połączone z danymi epidemiologicznymi. Gospodarzami wszy odzieżowej są osoby o zaniedbanej higienie ciała, żyjące poza społeczeństwem i pozbawione lub unikające jego opieki. Masowe pojawianie się wszy odzieżowej w czasie klęsk żywiołowych i wojen kończy się zawsze występowaniem epidemii chorób i dużą

śmiertelnością. Przymusowe stłoczenie ludzi w jednym miejscu powoduje, że wszy odzieżowe, które same łatwo zarażają się mikroorganizmami chorobotwórczymi od swoich gospodarzy, chorują i roznoszą choroby. W odróżnieniu od wszy odzieżowej, wesz głowowa nie choruje w wyniku zarażenia się mikroorganizmami chorobotwórczymi, jednak często i chętnie migruje z głowy na głowę (np. podczas zabaw i wspólnego leżakowania dzieci), pobierając także krew od osób dbających o higienę. Istnieje więc ryzyko, że podczas pobierania pokarmu wszy głowowe mogą przypadkowo przenosić w przewodzie pokarmowym niebezpieczne dla zdrowia mikroorganizmy. Warto pamiętać też, że ssaki naczelne kontrolują poziom zainfekowania osobników w stadach wzajemnie iskając się.

Badania polegające na podaniu do wyssania wszom głowowym i odzieżowym krwi zawierającej bakterie *Escherichia coli* i *Staphylococcus aureus* wykazały, że komórki układu odpornościowego (hemocyty) wszy głowowej są bardziej aktywne od komórek wszy odzieżowej. Komórki te chętniej fagocytowały gronkowca *Staphylococcus* niż *Escherichia*. Inne badania wskazują, że w ostatnim stadium larwalnym wszy odzieżowej komórki układu odpornościowego też są bardzo aktywne i fagocytują nawet bakterie symbiotyczne owada. Proces ten obserwowano w warunkach fizjologicznych, gdy endosymbionty opuszczają dysk żołądkowy i rozpoczynają wędrówkę do jajowodów. Dlaczego w ciele dojrzałej płciowo samicy układ odpornościowy jest mniej wrażliwy? Nadwrażliwy układ odpornościowy nie jest jej po prostu potrzebny, gdyż odżywia się sterylną w warunkach fizjologicznych krwią. Badania molekularne wykazały, że cały genom wszy odzieżowej, pomimo że zawiera około 10 tys. genów, jest najmniejszym z poznanych genomów owadów (108 Mb). Uważa się także, że liczba genów związanych z odpornością jest niewielka. Badania jądrowych sekwencji mikrosatelitarnych wykazały, że wśród współczesnych wszy ludzkich dominuje chów wsobny, istnieją izolowane geograficznie populacje i dochodzi tylko do niewielkiego przepływu genów. Pomimo tego wszy głowowe rozwinęły wysoką oporność na chemiczne insektycydy. Podłoże tej oporności mogą stanowić odmienne allele zawarte w ich genomach.

Niektóre osoby pokłute przez wszy odzieżowe są uczulone na wydzieliny, wymiociny i odchody owadów. Powoduje to mimowolne drapanie się, rozgniatanie ich ciał oraz przypadkowe wcieranie szczątków w skórę. Sprzyja to rozprzestrzenianiu się zakażenia w przypadku pokłucia przez chore owady. Najgroźniejszym dla człowieka mikroorganizmem, który zabija

też wszy odzieżowe, jest wewnątrzkomórkowa α -proteobakteria *Rickettsia prowazekii* powodująca dur plamisty (tyfus plamisty). Szczepionka przeciw tej chorobie powstała między innymi dzięki pracy mieszkającego w naszym kraju i działającego w pierwszej połowie XX wieku Rudolfa Weigla. Wszy odzieżowe przenoszą ponadto dwie inne bakterie wewnątrzkomórkowe. Są to α -proteobakteria *Bartonella quintana* i krętek *Borrelia recurrentis*. Obie bakterie powodują groźne choroby człowieka, takie jak gorączka okopowa i dur powrotny. Genom tych bakterii, podobnie jak genom *Rickettsia*, jest zredukowany. Bakterie te z trudem adaptują się w nowych, odmiennych od naturalnego środowiskach i nie dają się łatwo hodować na pożywkach laboratoryjnych. Redukcja genomów jest przystosowaniem do wewnątrzkomórkowego trybu życia. We wnętrzu komórek nie są one narażone na wymianę genów z innymi bakteriami.

Badania molekularne genomu *Rickettsia* wskazują na istnienie bliskiego związku filogenetycznego pomiędzy rybosomowymi białkami bakterii i rybosomowymi białkami mitochondriów. Do niedawna uważano, że wszystkie mitochondria pochodzą od endosymbiotycznych proto-Rickettsiales i pojawiły się niedługo po powstaniu komórki eukariotycznej. Sądzono, że Rickettsiales i mitochondria miały jednego bezpośredniego przodka, który początkowo żył w komórce eukariotycznej. Porównanie wyników badań chimeryzmu, które dotyczyły mitochondriów, z wynikami badań mtDNA wiciowców *Reclinomonas americana*, drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, człowieka oraz wszy odzieżowych wykazało, że mtDNA tych organizmów ma strukturę mozaikową. Badania te wskazują też, że mitochondria nie mają jednego wspólnego przodka i nie pochodzą wyłącznie od proto-Rickettsiales. Prawdopodobnie pochodzą także od proto-Rhizobiales i innych proto-Alphaproteobacteria. Powstały najprawdopodobniej około 1 bilion lat temu dzięki fuzji przodka Rickettsiales z Rhizobiales w komórce proto-eukariotycznej. Mitochondria utraciły następnie część genów przodków i nabyły nowe geny od Alphaproteobacteria (w czasie 600-30 mln. lat temu).

W mitochondriach ludzkich wszy materiał genetyczny występuje w postaci wielu kolistych cząsteczek, tzw. minichromosomów, a nie w postaci jednej kolistej cząsteczki DNA. W mitochondriach wszy ludzkiej głowowej i odzieżowej w liczbie 20 minichromosomów, w mitochondriach wszy łonowej w liczbie 14. Tak zbudowane mtDNA pojawiło się prawdopodobnie wraz z rozpoczęciem odżywiania się krwią przez wszy. Materiał genetyczny zawarty

w minichromosomach ulega rekombinacji, która zachodzi nie tylko pomiędzy odcinkami homologicznymi, ale także pomiędzy odcinkami, które nie są homologiczne. Część genów mitochondrialnych wszy została w trakcie ewolucji przeniesiona do genomu jądrowego lub utracona. Zdarzenia te zachodziły nie tylko dzięki procesom rekombinacji, ale też dzięki bocznemu transferowi genów. Wykazano, że w mitochondriach wszy łonowej niektóre sekwencje mogły ulec degeneracji. Spowodowało to rozpad minichromosomów na dwie odrębne koliste cząsteczki i translokację niektórych genów. Materiał genetyczny zawarty w minichromosomach wszy głowowej i odzieżowej jest identyczny i nie zmienił się od około 107 tys. lat.

Badania molekularne genów jądrowych (EF-1 α) i rRNA wchodzącego w skład małej podjednostki rybosomu oraz mtDNA współcześnie żyjących wszy głowowych i odzieżowych wykazały też, że istnieją co najmniej dwie gałęzie ewolucyjne wszy, które wyodrębniły się około 1,18 mln. lat temu, czyli wcześniej niż współcześnie żyjący *H. sapiens*. Inne badania wskazują, że zdarzenie to miało miejsce około 0,77–0,5 mln. lat temu. Jedna gałąź ewolucyjna zasięgiem obejmuje cały glob i zawiera wszy głowowe i odzieżowe, druga natomiast występuje wyłącznie na kontynencie amerykańskim i zawiera tylko wszy głowowe. Amerykańska gałąź wszy ludzkiej przez cały ten czas (1,18 mln. lat) najprawdopodobniej ewoluowała w izolacji wraz z jednym z hominidów. Przypuszcza się, że był to gatunek siostrzany lub bezpośredni potomek człowieka wyprostowanego *H. erectus* (pitekantropa) i pochodził ze wschodniej Azji. Wszy te prawdopodobnie przeniosły się na *H. sapiens*. W jaki sposób się to stało? Jedynym wytłumaczeniem wydaje się istnienie bezpośrednich kontaktów pomiędzy *H. sapiens* i potomkiem *H. erectus*. Mogło to być prowadzenie walk i wzajemne wykradanie sobie z siedlisk okryć dla ciała (skór i futer zabitych zwierząt).

Interesujące jest, że wyniki analiz molekularnych genu kodowanej mitochondrialnie (mt) oksydazy cytochromu c (COX1) i cytochromu b wskazują na istnienie trzech odrębnych kładów wśród współcześnie żyjących wszy ludzkich. Geograficzne rozmieszczenie tych kładów jest zgodne z historią *H. sapiens* i jego migracji. Najstarszy kład (kład C) obejmuje wszy głowowe i powstał około 2 mln. lat temu. Wszy te obecnie żyją w Afryce (w Etiopii i w Senegal) oraz w Azji (wśród mieszkańców Nepalu). Kład B też zawiera wyłącznie wszy głowowe. Żyją one na skórze mieszkańców Europy, Australii, Północnej i Środkowej Ameryki. Ten kład powstał około 0,15 mln.

lat temu. Ponieważ wszy z tego kladu nie występują wśród rdzennych mieszkańców Afryki, badacze nie wykluczają, że mogą one pochodzić od wszy, które żyły na skórze człowieka neandertalskiego (*H. neanderthalensis*) lub człowieka z Jaskini Denisowa. Analizy DNA człowieka neandertalskiego oraz DNA *H. sapiens* dowodzą, że oba gatunki współistniały około 65–47 tys. lat temu. Trzeci kład (klad A)

powstał około 0,54–0,11 mln. lat temu i obecnie zasiedla cały glob. Obejmuje on wszy głowowe i odzieżowe.

Do pełnego wyjaśnienia historii wszy ludzkich mogłoby przyczynić się odnalezienie większej liczby kopalnych, zmumifikowanych lub zamrożonych szczątków. Przyszłość może przynieść nowe odkrycia związane z tymi owadami.

Dr Monika Żelazowska jest adiunktem w Zakładzie Biologii Rozwoju i Morfologii Bezkręgowców, Instytutu Zoologii Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie. E-mail: monika.zelazowska@uj.edu.pl.

KLESZCZE – NIE TYLKO BORELIOZA

Magdalena Madej, Leopold Śliwa (Kraków)

Kleszcze (*Ixodida*) obejmują trzy rodziny: *Argasidae*, *Ixodidae* i *Nuttalliellidae*, są one szeroko rozpowszechnionymi pasożytami na świecie, do tej pory rozpoznano ich około 900 gatunków. Występują w różnym zagęszczeniu w zależności od rejonu geograficznego. Kleszcze najliczniej spotykane są w dobre nagranych siedliskach, jakimi są łąki, pola uprawne, lasy mieszane i liściaste z bogatym podszyciem. Nie omijają również rejonów zurbanizowanych, jakimi są ogrody, a nawet parki miejskie.

W Polsce, podobnie jak w innych krajach europejskich, kleszcz pospolity, zwany też pastwiskowym (*Ixodes ricinus*), jest gatunkiem najczęściej spotykanym. Innym często występującym gatunkiem jest także kleszcz łąkowy (*Dermacentor reticulatus*).

Okres zimy kleszcze przeżywają w stanie diapauzy. Ich aktywność rozpoczyna się wczesną wiosną, a kończy się późną jesienią, wzrastając wraz ze zwiększającą się wilgotnością i temperaturą. Pierwszy szczyt aktywności przypada na maj, drugi notuje się we wrześniu i jest on na ogół niższy od wiosennego. Najwyższa aktywność dzienna w okresie wiosenno-letnim notowana jest w godzinach porannych, między godzinami 8 i 9, natomiast w okresie jesiennym od 11 do 12. Liczba odnotowanych przypadków zachorowań na choroby odkleszczowe wskazuje na endemiczne występowanie przenoszonych przez nie patogenów. Wystąpienie jednostki chorobowej zależnej od kontaktu z kleszczami, podlega w Polsce obowiązkowi zgłoszenia do krajowego nadzoru epidemiologicznego. Prowadzeniem nadzoru zajmuje się Państwowa Inspekcja Sanitarna wraz z Państwowym Zakładem Higieny. Instytucje te prowadzą również badania diagnostyczne w kierunku boreliozy oraz statystyki rozprzestrzeniania się chorób.

Warto podkreślić, że kleszcze są wektorami nie tylko bakterii o kształcie krętków z rodzaju *Borrelia*, ale również około 130 odmian wirusów, 200 gatunków piroplazm, szeregu gatunków pierwotniaków, kilku gatunków nicieni z grupy filarii, grzybów, 20 gatunków riketsji (bakterii z typu proteobakterii), 20 gatunków innych krętków oraz innych bakterii. Stąd przyczyniają się do rozprzestrzeniania licznych chorób odkleszczowych. Najczęstszą z nich jest borelioza stanowiąca obecnie już problem epidemiologiczny. Warto zaznaczyć się z innymi możliwymi niebezpieczeństwami kontaktu z tymi pajęczakami. Na



Ryc. 1. Samica kleszcza *Ixodes ricinus* przed wkluciem się w ciało żywiciela. Fot. Magdalena Madej.

drugim miejscu pod względem częstości zachorowań klasyfikuje się odkleszczowe zapalenie mózgu. Nie wolno jednak lekceważyć innych, także groźnych, choć rzadziej spotykanych, a przez to mniej znanych dolegliwości jak babeszjoza (wywoływana przez pierwotniaki z rodzaju *Babesia*), gorączka Q (bakterie pałeczkowate z rodzaju *Coxiella*), tularemia (polimorficzna pałeczka *Francisella tularensis*),