

Univerzita Pardubice  
Fakulta chemicko – technologická

Změny v taxonomii „*Arcobacter*-like species“

Bakalářská práce

2021

Kašparová Michaela

Univerzita Pardubice  
Fakulta chemicko-technologická  
Akademický rok: 2020/2021

## ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

(projektu, uměleckého díla, uměleckého výkonu)

Jméno a příjmení: **Michaela Kašparová**  
Osobní číslo: **C18238**  
Studijní program: **B3912 Speciální chemicko-biologické obory**  
Studijní obor: **Zdravotní laborant**  
Téma práce: **Změny v taxonomii „*Arcobacter*-like species“**  
Zadávací katedra: **Katedra biologických a biochemických věd**

### Zásady pro vypracování

1. Seznamte se s literárními prameny v dané oblasti a vypracujte rešerši na zadané téma. Zabývejte se bakteriemi čeledi *Arcobacteraceae* dle aktuálně platné taxonomie.
2. Shrňte poznatky o bakteriálním rodu *Arcobacter* z historického pohledu a také v ohledu taxonomických změn v průběhu posledních let.
3. Zaměřte se také na další změny v souvislosti s těmito bakteriemi (prevalence, patogenita, atp.) dle publikací posledních let.
4. Bakalářskou práci zpracujte v souladu se Směrnicí č. 7/2019 Univerzity Pardubice „Pravidla pro odevzdávání, zveřejňování a formální úpravu závěrečných prací“.

Rozsah pracovní zprávy: **25 s.**  
Rozsah grafických prací: **dle potřeby**  
Forma zpracování bakalářské práce: **tištěná**

Seznam doporučené literatury:

Vedoucí bakalářské práce: **Ing. David Šilha, Ph.D.**  
Katedra biologických a biochemických věd

Datum zadání bakalářské práce: **18. prosince 2020**  
Termín odevzdání bakalářské práce: **2. července 2021**

L.S.

---

**prof. Ing. Petr Kalenda, CSc.**  
děkan

---

**prof. Mgr. Roman Kandár, Ph.D.**  
vedoucí katedry

V Pardubicích dne 26. února 2021

## **Prohlašuji:**

Práci s názvem *Změny v taxonomii „Arcobacter-like species“* jsem vypracovala samostatně. Veškeré literární prameny a informace, které jsem v práci využila, jsou uvedeny v seznamu použité literatury.

Byla jsem seznámena s tím, že se na moji práci vztahují práva a povinnosti vyplývající ze zákona č. 121/2000 Sb., o právu autorském, o právech souvisejících s právem autorským a o změně některých zákonů (autorský zákon), ve znění pozdějších předpisů, zejména se skutečností, že Univerzita Pardubice má právo na uzavření licenční smlouvy o užití této práce jako školního díla podle § 60 odst. 1 autorského zákona, a s tím, že pokud dojde k užití této práce mnou nebo bude poskytnuta licence o užití jinému subjektu, je Univerzita Pardubice oprávněna ode mne požadovat přiměřený příspěvek na úhradu nákladů, které na vytvoření díla vynaložila, a to podle okolností až do jejich skutečné výše.

Beru na vědomí, že v souladu s § 47b zákona č. 111/1998 Sb., o vysokých školách a o změně a doplnění dalších zákonů (zákon o vysokých školách), ve znění pozdějších předpisů, a směrnicí Univerzity Pardubice č. 7/2019 Pravidla pro odevzdávání, zveřejňování a formální úpravu závěrečných prací, ve znění pozdějších dodatků, bude práce zveřejněna prostřednictvím Digitální knihovny Univerzity Pardubice.

V Pardubicích dne 16. 7. 2021

Michaela Kašparová

**Poděkování:**

Ráda bych poděkovala vedoucímu své bakalářské práce Ing. Davidu Šilhovi, Ph.D. za odborné vedení, trpělivost, cenné rady a připomínky, které mi pomohly tuto bakalářskou práci zpracovat. Dále bych chtěla poděkovat své rodině za jejich psychickou a finanční podporu během celého studia.

## **ANOTACE**

Bakterie rodu *Arcobacter* jsou popsány od roku 1991 a patří mezi zoonotické potenciálně patogenní bakterie. Po mnoha letech došlo k reklasifikaci v rámci taxonomie *Arcobacter*-like species bakterií. O této problematice pojednává tato bakalářská práce. Cílem bylo na základě vědeckých publikací zaměřit se na *Arcobacter* spp. z historického hlediska, shrnout poznatky o současné taxonomii, charakterizovat aktuální druhy a popsat další změny, ke kterým došlo v posledních několika letech.

## **KLÍČOVÁ SLOVA**

*Arcobacter*-like species, *Arcobacter*, *Arcobacteraceae*, *Campylobacter*, *Campylobacteraceae*, změny taxonomie, taxonomie

## **TITLE**

Changes in taxonomy of „*Arcobacter*-like species“

## **ANNOTATION**

Bacteria of the genus *Arcobacter* have been described since 1991 and they belong among the zoonotic potentially pathogenic bacterie. After many years, it was reclassified within the taxonomy of *Arcobacter*-like species. This bachelor deals with this issue. This aim of the work was to focus on *Arcobacter* spp. from a historical point of view, to summarize the findings on current taxonomy, to characterize current species and to describe other changes that have occurred in the last few years.

## **KEY WORDS**

*Arcobacter*-like species, *Arcobacter*, *Arcobacteraceae*, *Campylobacter*, *Campylobacteraceae*, taxonomy changes, taxonomy

## OBSAH

0. Úvod.....	11
1. Historie a historické souvislosti <i>Arcobacter</i> -like species .....	12
2. Čeleď <i>Campylobacteraceae</i> .....	13
2.1. Rod <i>Campylobacter</i> .....	13
2.1.1. Historie.....	13
2.1.2. Charakteristika .....	14
2.1.3. Zástupci.....	14
2.1.4. Výskyt kampylobakterů .....	15
2.1.5. Patogeneze kampylobakterů .....	16
2.2. Rod <i>Sulfurospirillum</i> .....	17
3. Čeleď <i>Arcobacteraceae</i> .....	19
3.1. Historie vzniku.....	19
3.2. Charakteristika arkobakterů .....	19
3.3. Izolace a výskyt arkobakterů .....	20
3.3.1. Metody identifikace .....	20
3.4. Patogeneze arkobakterů .....	21
3.4.1. Geny virulence .....	22
3.5. Aktuální taxonomie čeledi <i>Arcobacteraceae</i> .....	22
3.5.1. Rod <i>Arcobacter</i> .....	26
3.5.2. Rod <i>Aliarcobacter</i> .....	28
3.5.3. Rod <i>Pseudarcobacter</i> .....	33
3.5.4. Rod <i>Halarcobacter</i> .....	36
3.5.5. Rod <i>Malaciobacter</i> .....	38
3.5.6. Rod <i>Poseidonibacter</i> .....	41
4. Vlastnosti charakteristické pro dnešní zástupce .....	43
4.1. Změny ve výskytu a izolaci <i>Arcobacter</i> -like species .....	43
4.2. Změny v patogenezi.....	43
5. Závěr .....	44
6. Použitá literatura .....	45

## SEZNAM OBRÁZKŮ

<b>Obrázek 1</b> – Zařazení druhů rodu <i>Campylobacter</i> do 5 fylogenetických skupin (Costa and Iraola, 2019).....	15
<b>Obrázek 2</b> – PCR záznam – identifikace vybraných genů virulence <i>Arcobacter</i> spp., M – DNA marker, 1-6 – pozitivní kontrola 6 genů virulence, 7 – negativní kontrola, 8-19 – jednotlivé kmeny arkobakterů (Sekhar <i>et al.</i> , 2017).....	21
<b>Obrázek 3</b> – Schéma taxonomie čeledi <i>Arcobacteraceae</i> (upraveno dle Khan <i>et al.</i> , 2020)..	23
<b>Obrázek 4</b> – Dendogram rozdělující <i>Arcobacter</i> spp. do klastrů (Pérez-Cataluña <i>et al.</i> , 2018a) .....	24
<b>Obrázek 5</b> – Schéma aktuálních rodů a druhů čeledi <i>Arcobacteraceae</i> (upraveno dle Pérez-Cataluña <i>et al.</i> , 2018a) .....	25
<b>Obrázek 6</b> – Buňky <i>Arcobacter nitrofigilis</i> (Pati <i>et al.</i> , 2010) .....	27
<b>Obrázek 7</b> – <i>Aliarcobacter butzleri</i> v elektronovém mikroskopu (Fernández and Jaramillo, 2016).....	29
<b>Obrázek 8</b> – <i>Aliarcobacter butzleri</i> na krevním agaru (Fernández and Jaramillo, 2016) .....	29
<b>Obrázek 9</b> – <i>H. anaerophilus</i> v elektronovém mikroskopu (převzato a upraveno dle Roalkvam <i>et al.</i> , 2015).....	37
<b>Obrázek 10</b> – <i>Arcobacter halophilus</i> v elektronovém mikroskopu (Donachie <i>et al.</i> , 2005)...	39



## SEZNAM ZKRATEK

<b>A.</b>	<i>Arcobacter</i>
<b>Al.</b>	<i>Aliarcobacter</i>
<b>ATB</b>	Antibiotikum
<b>C.</b>	<i>Campylobacter</i>
<b>CCDA</b>	Kultivační agar s cefoperazonem, dřevěným uhlím a deoxycholátem sodným (z <i>angl.</i> Charcoal Cefoperazone Deoxycholate Agar)
<b>DGGE</b>	Elektroforéza v gradientovém denaturačním gelu (z <i>angl.</i> Denaturing Gradient Gel Electrophoresis)
<b>DNA</b>	Deoxyribonukleová kyselina
<b>FISH</b>	Fluorescenční hybridizace <i>in situ</i> (z <i>angl.</i> Fluorescence <i>in situ</i> Hybridization)
<b>GBS</b>	Guillain-Barrého syndrom
<b>GTPáza</b>	Guanosintrifosfát-fosfohydroláza
<b>H.</b>	<i>Halarcobacter</i>
<b>KA</b>	Krevní agar
<b>m-AAM</b>	Modifikovaný agar pro arkobaktery (z <i>angl.</i> modified Agarized <i>Arcobacter</i> Medium)
<b>m-PCR</b>	Multiplexní polymerázová řetězová reakce (z <i>angl.</i> multiplex Polymerase Chain Reaction)
<b>M.</b>	<i>Malaciobacter</i>
<b>MALDI-TOF MS</b>	Hmotnostní spektrometrie s laserovou desorpcí a ionizací za účasti matrice s průletovým analyzátozem (z <i>angl.</i> Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time of Flight Mass Spectrometry)
<b>MFS</b>	Miller-Fisherův syndrom
<b>MLSA</b>	Analýza multilokusové sekvence (z <i>angl.</i> Multilocus Sequence Analysis)

<b><i>P.</i></b>	<i>Pseudarcobacter</i>
<b>PCR</b>	Polymerázová řetězová reakce ( <i>z angl.</i> Polymerase Chain Reaction)
<b>RFLP</b>	Polymorfismus délky restrikčních fragmentů ( <i>z angl.</i> Restriction Fragment Length Polymorphism)
<b>RNA</b>	Ribonukleová kyselina
<b>rRNA</b>	Ribosomální ribonukleová kyselina
<b>RT-PCR</b>	Kvantitativní polymerázová reakce ( <i>z angl.</i> Real-Time Polymerase Chain Reaction)
<b><i>S.</i></b>	<i>Sulfurospirillum</i>
<b>Spp.</b>	Species
<b>TSA</b>	Trypton sójový agar ( <i>z angl.</i> Tryptone Soya Agar)
<b>TTC</b>	2,3,5-trifenyltetrazoliumchlorid
<b>TYS</b>	Trypton kvasnicový agar ( <i>z angl.</i> Trypton Yeast Extract Agar)

## 0. Úvod

Tato práce je zaměřena na změny v taxonomii *Arcobacter*-like species. Popisuje *Arcobacter*-like bakterie z historického hlediska a historické souvislosti spojené s touto skupinou mikroorganismů. Dále se zabývá bakteriemi *Arcobacter* spp. dle současné taxonomie a v neposlední řadě zmiňuje změny ve výskytu a patogenitě charakteristické pro dnešní zástupce.

*Arcobacter*-like species jsou Gram-negativní malé zakřivené tyčinky, které se pohybují pomocí jednoho polárního bičíku. Tyto bakterie byly poprvé popsány v roce 1991 v rámci zařazení do rodu *Arcobacter*, čeledi *Campylobacteraceae*. Kvůli neustále přibývajícím druhům byla v roce 2017 vytvořena nová čeleď *Arcobacteraceae*, která zahrnuje rod *Arcobacter* a dalších 5 nově vytvořených rodů, a to rody *Aliarcobacter*, *Poseidonibacter*, *Malaciobacter*, *Halarcobacter* a *Pseudarcobacter*. Z důvodu nedávných taxonomických změn je v textu bakalářské práce uváděno již nově platné taxonomické označení druhů, navzdory tomu, že informace jsou v některých případech převzaty z literatury vydané ještě před přijetím těchto změn.

Kmeny *Arcobacter* spp. jsou považovány za zoonotické patogeny spojené s lidskými enteritidami. První popsané druhy byly izolovány zejména z hospodářských zvířat, ze skotu, prasat, a především z drůbeže. Dále byly tyto druhy objeveny u lidí, v mléce a mléčných výrobcích, v zelenině, ve vodě a v současnosti se nejčastěji izolují z mořských plodů a mořských živočichů.

## 1. Historie a historické souvislosti *Arcobacter*-like species

*Arcobacter*-like species byly poprvé izolovány v Belfastu ve Velké Británii roku 1977 (Ellis *et al.*, 1977). Samostatný rod *Arcobacter* byl navržen v roce 1991 (Vandamme and De Ley, 1991), kam byly také zařazeny bakterie označené jako „aerotolerantní kampylobaktery“ (Neill *et al.*, 1979). Mezi tyto bakterie patřili *Campylobacter cryaerophilus* a *Campylobacter nitrofigilis*, které byly následně přejmenovány na *Arcobacter cryaerophilus* a *Arcobacter nitrofigilis*. V roce 1992 došlo k další reklasifikaci a rod byl rozšířen o druh s názvem *Campylobacter butzleri*, který byl následně přejmenován na *Arcobacter butzleri*. Ve stejný rok byl také popsán nový druh *Arcobacter skirrowii* (Collado and Figueras, 2011; Vandamme *et al.*, 1992). V průběhu následujících let došlo k popsání dalších druhů a v roce 2018 již bylo mezi *Arcobacter*-like species zařazeno asi 27 druhů: *A. butzleri*, *A. cryaerophilus*, *A. nitrofigilis*, *A. skirrowii*, *A. cibarius*, *A. halophilus*, *A. mytili*, *A. thereius*, *A. marinus*, *A. defluvii*, *A. ellisii*, *A. molluscorum*, *A. trophiarum*, *A. venerupis*, *A. bivalviorum*, *A. anaerophilus*, *A. cloacae*, *A. suis*, *A. aquamarinus*, *A. ebronensis*, *A. lanthieri*, *A. pacificus*, *A. haliotis*, *A. lekithochrous*, *A. canalis*, *A. aquaticus* a *A. lacus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Počet druhů se však neustále rozšiřuje a dochází k častým reklasifikacím a změnám. K zásadní změně došlo v roce 2017, kdy byla provedena reklasifikace čeledi *Campylobacteraceae*, která byla dosud složena z rodů *Arcobacter*, *Campylobacter* a *Sulfurospirillum*. Bylo navrženo zařadit rod *Arcobacter* a rod *Sulfurospirillum* do nové čeledi. Byla vytvořena čeleď *Arcobacteraceae* a čeleď *Sulfurospirillaceae* (Waite *et al.*, 2017). Nově vytvořená čeleď *Arcobacteraceae* nyní zahrnuje 6 rodů, a to včetně původního rodu *Arcobacter*. *Arcobacter* spp. jsou řazeni do těchto rodů na základě jejich fylogenetických a specifických vlastností (Chieffi *et al.*, 2020).

## 2. Čeleď *Campylobacteraceae*

Čeleď *Campylobacteraceae* po dlouhá léta zahrnovala rody *Arcobacter*, *Campylobacter* a také rod *Sulfurospirillum*. Dle klasifikace patřila do domény *Bacteria*, kmenu *Proteobacteria*, třídy *Epsilonproteobacteria* a řádu *Campylobacterales* (Busse, 2011). To se však v rámci rozsáhlé reklasifikace změnilo. V současné době čeleď *Campylobacteraceae*, stejně jako čeleď *Arcobacteraceae* a *Sulfurospirillaceae*, patří do domény *Bacteria*, kmenu *Campylobacterota*, třídy *Campylobacteria* a řádu *Campylobacterales* (Chieffi *et al.*, 2020; Waite *et al.*, 2017). Zástupci této čeledi jsou pohyblivé, Gram-negativní, zakřivené až spirálovité tyčinky, které netvoří spory (Score and Phillips, 2015). Jednotlivé druhy rostou za mikroaerobních, anaerobních i aerobních podmínek při teplotě 25-42 °C. Bakterie čeledi *Campylobacteraceae* žijí volně v přírodě, ale také se přirozeně vyskytují u zvířat, například u dobytka, ptáků a plazů. U lidí jsou schopny kolonizovat ústní dutinu, žaludek, střeva nebo reprodukční ústrojí (Lastovica *et al.*, 2014).

### 2.1. Rod *Campylobacter*

#### 2.1.1. Historie

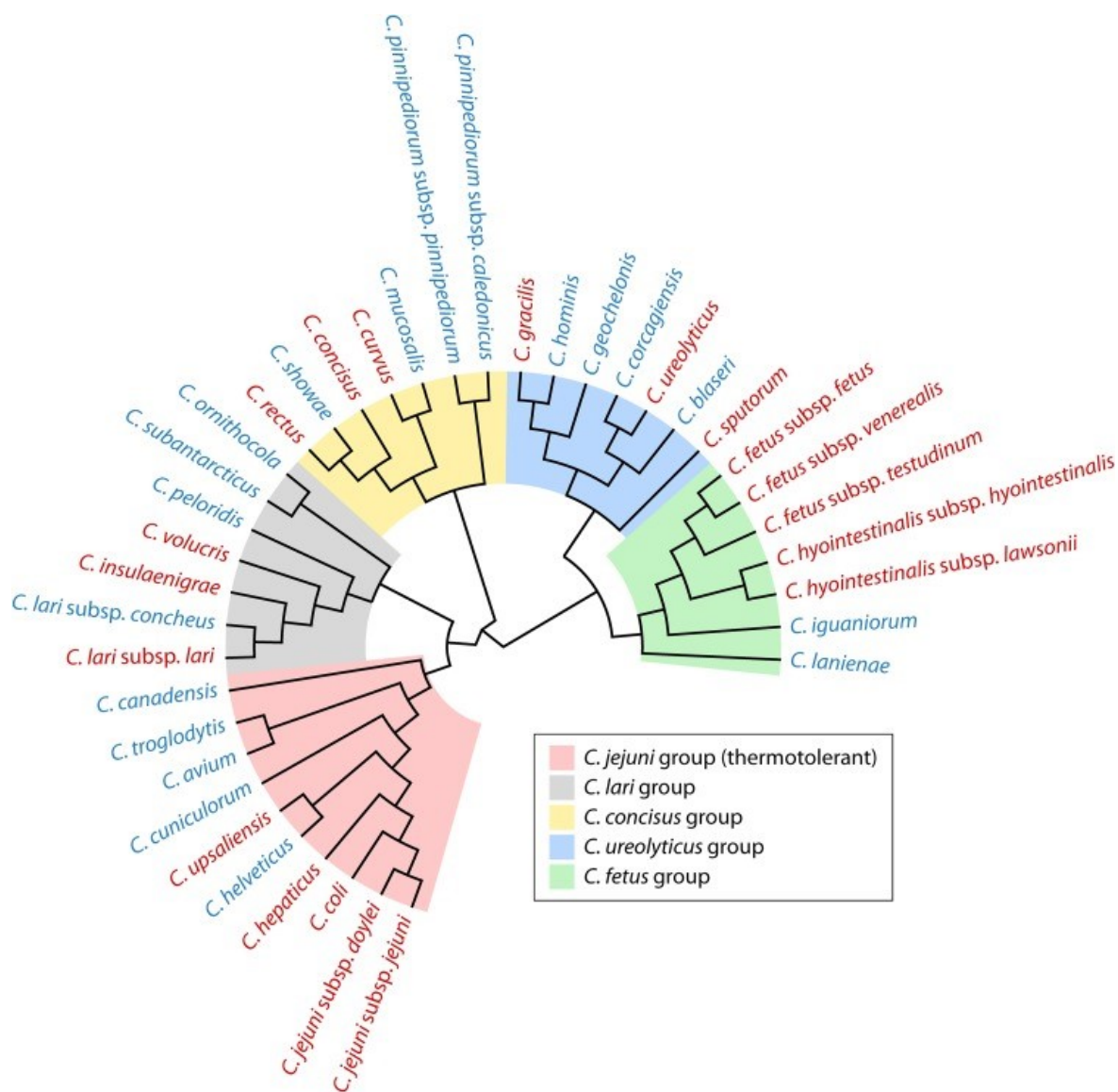
První zmínky o onemocnění vyvolané *Campylobacter* spp. pochází z roku 1913, kdy McFaydean a Stockman objevili zakřivený mikroorganismus, který způsobil potrat u ovcí a skotu. Až do roku 1919 neměla tato bakterie pojmenování, dokud Smith a Taylor nevyizolovali stejný mikroorganismus z bovinních plodových tekutin. Tento mikroorganismus poté pojmenovali *Vibrio fetus*. V roce 1973 Véron a Chatelain navrhli vytvoření nového rodu *Campylobacter* a navrhli reklasifikaci *Vibrio fetus* na *Campylobacter fetus*. Od počátku 20. století byl *C. fetus* klasifikován jako veterinární patogen a původce infekcí krevního řečiště u lidí. Avšak až počátkem 80. let bylo prokázáno onemocnění gastrointestinálního traktu způsobené kampylobaktery. V dnešní době je nejvýznamnějším druhem rodu *C. jejuni*, který způsobuje bakteriální gastroenteritidy u lidí. Celosvětový výskyt je vyšší než u dalších známých patogenních mikroorganismů, mezi které patří např. *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. nebo *Shigella* spp. (Costa and Iraola, 2019).

### 2.1.2. Charakteristika

Buňky rodu *Campylobacter* jsou štíhlé, zakřivené tyčinky ve tvaru spirály (mohou mít až čtyři „stočení“), které dosahují šířky 0,2-0,5  $\mu\text{m}$  a délky 0,5-5  $\mu\text{m}$ . Při vystavení bakterie nepříznivým podmínkám se buňky vyskytují v kokoidním tvaru (Donnison and Ross, 2014). Někdy se také objevují ve tvaru písmene S nebo ve tvaru křídla. Tato konformace se vyskytuje, když dvě buňky vytvoří krátké řetězce. Bakterie rodu *Campylobacter* se pohybují pomocí jednoho polárního bičíku, který se vyskytuje na jednom nebo obou koncích buňky. Jejich pohyb se podobá pohybu vývrtky (Vandamme *et al.*, 2015). Výjimku tvoří *Campylobacter gracilis*, který je nepohyblivý a *Campylobacter showae*, jehož buňky mají na povrchu bičíků více (Donnison and Ross, 2014). Všechny bakterie tohoto rodu jsou extrémně náročné organismy, které nejlépe rostou na bohatých kultivačních médiích při optimální růstové teplotě v rozmezí 35-42  $^{\circ}\text{C}$  (Gunther and Chen, 2009). energii získávají z meziproductů metabolisme aminokyselin nebo trikarboxylových kyselin. Sacharidy tyto bakterie nezkvašují ani neoxidují. *Campylobaktery* jsou mikroaerofilní bakterie, které vyžadují pro svůj růst nízké koncentrace kyslíku. Jejich optimální růst je v mikroaerobní atmosféře s obsahem 5 % kyslíku, 10 % oxidu uhličitého a 85 % dusíku (Donnison and Ross, 2014).

### 2.1.3. Zástupci

Rod *Campylobacter* se skládá z 32 oficiálně popsanych druhů a 9 poddruhů, a to *C. avium*, *C. blaseri*, *C. canadensis*, *C. coli*, *C. concisus*, *C. corcagiensis*, *C. cuniculorum*, *C. curvus*, *C. fetus* subsp. *plod*, *C. fetus* subsp. *venerealis*, *C. fetus* subsp. *testudinum*, *C. geochelonis*, *C. gracilis*, *C. helveticus*, *C. hepaticus*, *C. hominis*, *C. hyointestinalis* subsp. *hyointestinalis*, *C. hyointestinalis* subsp. *lawsonii*, *C. iguaniorum*, *C. insulaenigrae*, *C. jejuni* subsp. *jejuni*, *C. jejuni* subsp. *doylei*, *C. lanienae*, *C. lari* subsp. *lari*, *C. lari* subsp. *concheus*, *C. mucosalis*, *C. ornithocola*, *C. peloridis*, *C. pinnipediorum* subsp. *pinnipediorum*, *C. pinnipediorum* subsp. *caledonicus*, *C. rectus*, *C. showae*, *C. sputorum*, *C. subantarcticus*, *C. troglodytis*, *C. upsaliensis*, *C. ureolyticus* a *C. volucris*. Tyto druhy se shlukují do 5 samostatných fylogenetických skupin (viz Obrázek 1). Všechny skupiny obsahují patogenní zástupce, což zdůrazňuje klinický význam celého rodu (Costa and Iraola, 2019).



**Obrázek 1** – Zařazení druhů rodu *Campylobacter* do 5 fylogenetických skupin (Costa and Iraola, 2019)

#### 2.1.4. Výskyt kampylobakterů

Bakterie rodu *Campylobacter* se běžně vyskytují ve střevním traktu teplokrevných zvířat. Na člověka se mohou přenášet konzumací kontaminovaných potravin a vody, včetně syrového mléka, masných výrobků a syrového masa. Ke kontaminaci syrového masa dochází nejčastěji během porážky zvířat (Nisar *et al.*, 2018). Zdrojem bývá drůbeží maso od nosnic, krůt, pštrosů, kachen a brojlerů, krepelců a koroptví maso nebo drůbeží výrobky (Igwaran and Okoh, 2019; Zendehbad *et al.*, 2013).

### 2.1.5. Patogeneze kampylobakterů

*Campylobacter* spp. způsobují nejvíce bakteriálních alimentárních onemocnění na světě, u lidí především gastroenteritidy (Epps *et al.*, 2013). Bylo hlášeno, že jsou detekovány ve větším množství při průjmových infekcích u lidí, než jakýkoliv jiný enterický patogen a k infikování hostitele stačí méně než 100 buněk (Otigbu *et al.*, 2018). Mezi nejčastější zástupce způsobující tato onemocnění patří druhy *Campylobacter jejuni* a *Campylobacter coli*, které mají schopnost kolonizovat hostitele a přežít v nejrůznějších živočišných druzích, přičemž jejich detekce není vůbec snadná. Jejich značná rezistence na antibiotika jim umožňuje odolávat antibakteriální terapii (Epps *et al.*, 2013). S vysokou rezistencí kampylobakterů souvisí významný faktor, a to tvorba biofilmu, která umožňuje bakteriím odolávat nepříznivým vlivům prostředí, antibiotikům a dalším faktorům, které by za normálních okolností byly pro ně letální (Gunther and Chen, 2009). Biofilmy jsou definovány jako extracelulární polymerní matrice, které mohou adherovat k sobě navzájem, k povrchům nebo na rozhraní fází. Jejich vývoj probíhá v pěti koordinovaných po sobě jdoucích fázích. V první fázi dochází k reverzibilnímu připojení bakteriálních buněk k povrchu, kterou následuje fáze nevratného připojení. Dále dochází k tvorbě mikrokolonií biofilmu, zrání biofilmu a nakonec k oddělení buněk a disperzi. Zásadní děj pro tvorbu biofilmu je adheze, která spojuje první a druhou fázi a končí nevratnou adhezí buněk k substrátu. Schopnost tvorby biofilmu má především *Campylobacter jejuni*, který může vytvářet jednodruhové biofilmy na inertních površích nebo může přežít v multidruhových biofilmech. Biofilmy *C. jejuni* byly také popsány ve třech formách v kapalně kultuře při 30 a 37 °C. První formu tvoří buňky připojené k inertním povrchům. Ve druhé formě se tvoří agregáty buněk, které plavou v kapalině a ve třetí formě dochází k tvorbě pelikul buněk, které rostou na rozhraní mezi plynem a kapalinou. *C. jejuni* může také tvořit biofilmy na skle, plastu a nitrocelulósových membránách (Sulaeman *et al.*, 2010).

Patogeneze rodu *Campylobacter* je složitá a stále nedostatečně pochopená. Je však známo, že s patogenitou kampylobakterů souvisí faktory virulence, které napomáhají mikroorganismům vyhnout se obraně hostitele a tím způsobit onemocnění. Mezi mechanismy virulence patří chemotakticky řízená buněčná motilita zprostředkovaná bičíky, bakteriální adheze, invaze do hostitelské buňky a tvorba toxinů. Dále se na patogenitě podílejí další faktory jako např. antigeny, mechanismy využití železa a reakce na oxidační a environmentální stres (Igwaran and Okoh, 2019; Kreling *et al.*, 2020).

Velmi významnými faktory patogenity jsou také různé geny. Motilita bakteriálních buněk je zprostředkována koordinací genů *flaA* a *flhA*, které jsou nezbytné pro průchod



prostředím žaludku a střev, kde bakterie *Campylobacter* produkuje na buněčném povrchu proteiny *cadF*, *docA*, *racR*, *virB11*, *ciaB* a *iam* geny, které podporují adhezenci a napadání intestinálních epiteliálních buněk. Bakterie mohou také vylučovat několik cytotoxinů kódovaných geny *cdtA*, *cdtB*, *cdtC* a *wlaN*, které přispívají k rozvoji onemocnění. Kromě toho je *C. jejuni* schopen produkovat enzym superoxiddismutáza kódovaný genem *sodB*, který katalyzuje štěpení superoxidových radikálů a je jedním z hlavních bakteriálních obranných mechanismů proti oxidačnímu stresu (Wieczorek *et al.*, 2018).

Bakterie rodu *Campylobacter* se podílejí na různých lidských systémových infekcích, mezi které patří endokarditida, neonatální sepsa, pneumonie, infekce krevního řečiště, akutní kolitida a akutní apendicitida. Mezi další významné postinfekce způsobené kampylobaktery lze zařadit závažnou demyelinizační neuropatii, Guillain-Barrého syndrom (GBS) a Miller-Fisherův syndrom (MFS). Onemocnění způsobené kampylobaktery se označuje jako kampylobakterióza, kterou způsobují především již zmíněné druhy *C. jejuni* a *C. coli* (Igwaran and Okoh, 2019; Kovalenko *et al.*, 2013). Choroba postihuje hlavně děti do 5 let, starší pacienty, lidi s oslabenou imunitou, pacienty s hemoglobinopatií a pacienty trpící zánětlivým onemocněním střev. Nemoc se projevuje silným vodnatým nebo krvavým průjmem, extrémně vysokými horečkami, velkým úbytkem hmotnosti a silnými břišními křečemi, které trvají v průměru asi 6 dní (Igwaran and Okoh, 2019; Reddy and Zishiri, 2018).

## 2.2. Rod *Sulfurospirillum*

Rod *Sulfurospirillum* po dlouhá léta patřil do čeledi *Campylobacteraceae*. Nyní patří do samostatné čeledi *Sulfurospirillaceae* (Waite *et al.*, 2017). Většina dosud izolovaných zástupců tohoto rodu je mikroaerofilního metabolismu. Jedná se o mírně zakřivené, středně velké tyčinky o průměru 0,3-0,5  $\mu\text{m}$  a délce 2-5  $\mu\text{m}$  s optimem růstu mezi 26-33  $^{\circ}\text{C}$ . Tyto bakterie jsou pohyblivé stejně jako bakterie čeledi *Campylobacteraceae*. Tento rod zahrnuje *S. alkalitolerans*, *S. arcahonense*, *S. arsenophilum*, *S. barnesii*, *S. cavolei*, *S. deleyianum*, *S. halorespirans*, *S. multivorans*, a *S. carboxydovorans* (Goris and Diekert, 2016). Jedná se o volně žijící a metabolicky všestranné bakterie, mnozí zástupci jsou známy svou schopností metabolizovat toxické nebo pro životní prostředí škodlivé sloučeniny, mezi které patří například sloučeniny arsenu nebo selenu (Kruse *et al.*, 2018). Dalšími škodlivými látkami mohou být dusičnany nebo sloučeniny síry (Goris and Diekert, 2016).

Rozmanitost růstových substrátů, která zahrnuje velký počet toxických sloučenin, umožňuje mnoha druhům *Sulfurospirillum* prospívat ve znečištěných prostředích, což se odráží

v přítomnosti těchto bakterií na mnoha kontaminovaných místech. Oblasti, ve kterých se tyto mikroorganismy často vyskytují jsou ropou kontaminovaná místa, ropná pole, čistírny odpadních vod a mořské prostředí (Goris and Diekert, 2016; Kruse *et al.*, 2018).

## 3. Čeleď *Arcobacteraceae*

### 3.1. Historie vzniku

Od popisu rodu *Arcobacter* v roce 1991 bylo do roku 2018 popsáno asi 27 druhů, i přestože vykazovaly některé druhy podobnost 16S rRNA pod 95 %, což je mezní hodnota, která obvykle odděluje druhy patřící do různých rodů. V posledních letech se počet druhů rodu výrazně zvýšil. Tento přírůstek byl způsoben různými faktory, jako je použití nových molekulárních nástrojů, nových metodik pro izolaci těchto bakterií nebo také vzorkování nových prostředí. Díky těmto faktorům byly v laboratořích izolovány nové druhy *Arcobacter*, které navíc vykazovaly širokou škálu podobností genů 16S rRNA (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). V posledních letech však došlo k několika taxonomickým změnám a různým reklasifikacím (Waite *et al.*, 2017). Vzhledem k neustále se objevujícím novým druhům rodu *Arcobacter* a snaze v rámci širší reorganizace taxonomie založit nový kmen *Epsilonbacteraeota*, který by zahrnoval jak *Epsilonproteobacteria*, tak *Deltaproteobacteria*, byla v roce 2017 navržena nová čeleď *Arcobacteraceae* (On *et al.*, 2020; Waite *et al.*, 2017). V roce 2018 Pérez-Cataluña *et al.* zveřejnili studii, kdy cílem bylo přehodnotit taxonomii rodu *Arcobacter* pomocí informací získaných sekvenací genomů 57 kmenů a analýzy multilokusové sekvence (Chieffi *et al.*, 2020; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Na základě získaných výsledků autoři navrhli rozdělení současného rodu *Arcobacter* do 7 různých taxonomických celků: *Arcobacter*, *Aliiarcobacter*, *Pseudarcobacter*, *Halarcobacter*, *Malaciobacter*, *Poseidonibacter* a *Arcomarinus*. Rod *Arcomarinus* však dodnes nebyl schválen jako validovaný rod čeledi *Arcobacteraceae* (Chieffi *et al.*, 2020). Později byl druh *Aliiarcobacter* dle korekcí upraven na rod s názvem *Aliarcobacter* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2019a).

### 3.2. Charakteristika arkobakterů

Arkobaktery jsou malé zakřivené Gram-negativní tyčinky, které se často vyskytují ve spirálovité formě nebo jsou zakřivené do tvaru S. Jsou 0,2-0,9 mm široké a 0,5-3 mm dlouhé (Ferreira *et al.*, 2015). Tyto mikroorganismy vykazují charakteristický pohyb kolem jejich vlastní osy, který je znám jako vývrtkovitý pohyb (Jiménez-Guerra *et al.*, 2020). Pohyb je zajištěn pomocí polárních bičíků (Ferreira *et al.*, 2015).

Tyto bakterie mohou růst v médiích obohacených krví, ale také v mnoha dalších (Jiménez-Guerra *et al.*, 2020). Rostou v koncentracích kyslíku v rozmezí 0-20 % O<sub>2</sub> a při teplotách 5-37 °C, i když některé kmeny mohou růst při 42 °C. Některé kmeny mohou

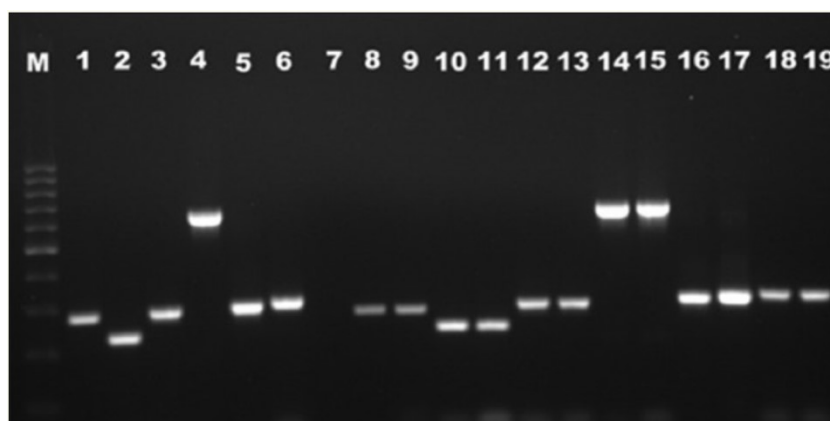
přežívat v koncentraci až 7 % NaCl a také v přítomnosti těžkých kovů (Wesley, 2014). *Arcobacter*-like species jsou úzce spjaté s rodem *Campylobacter*. Hlavní rozdíly mezi arkobaktery a kampylobaktery spočívají ve zvýšené toleranci vůči kyslíku a schopnosti růst při nižších teplotách (Jiménez-Guerra *et al.*, 2020).

### 3.3. Izolace a výskyt arkobakterů

*Arcobacter*-like species představují volně žijící organismy, které se nacházejí především ve vodním prostředí. Často se vyskytují v ústí řek, říčních vodách, odpadních vodách, vodních kanálech nebo také v mořské vodě (Laishram *et al.*, 2016). Můžeme je však izolovat také z humánních vzorků stolice. Některé tyto bakterie byly izolovány od pacientů trpících průjemovým onemocněním (Houf and Stephan, 2007). První arkobakter *Aliarcobacter cryaerophilus* byl izolován z potracených hospodářských zvířat, zejména skotu a prasat (Wesley, 2014). Následně byly také druhy *Arcobacter* spp. izolovány z kořenů, vody, zeleniny, mléčných výrobků a zejména z drůbežího, hovězího nebo vepřového masa (Collado and Figueras, 2011; Wesley, 2014). V posledních letech přibývá členů, kteří byli izolováni z mořských plodů, měkkýšů, mlžů nebo mušlí v mořských oblastech (Laishram *et al.*, 2016).

#### 3.3.1. Metody identifikace

Identifikace *Arcobacter* spp. na základě fenotypových vlastností je obtížná, a to zejména proto, že je lze snadno zaměnit s kampylobaktery. Postupně to vedlo k návrhu použití k identifikaci *Arcobacter*-like species různé molekulárně-biologické detekční a identifikační metody, mezi které patří např. konvenční PCR, multiplexní PCR (m-PCR), real-time PCR (RT-PCR), polymorfismus délky restrikčních fragmentů (RFLP), denaturační gradientová gelová elektroforéza (DGGE), fluorescenční hybridizace *in situ* (FISH) a hmotnostní spektrometrie s maticí asistovanou laserovou desopreci/ionizací (MALDI-TOF MS). Většina metod založených na PCR se zaměřuje na identifikaci rodu nebo na identifikaci pouze některých druhů – a to zejména *Al. butzleri*, *Al. cryaerophilus* a jejich kmeny. PCR se používá také na identifikaci domnělých genů virulence *Arcobacter*-like species. Na Obrázku 2 lze vidět PCR záznam, který zobrazuje vybrané geny virulence *Arcobacter* spp. (Sekhar *et al.*, 2017).



**Obrázek 2** – PCR záznam – identifikace vybraných genů virulence *Arcobacter* spp., M – DNA marker, 1-6 – pozitivní kontrola 6 genů virulence, 7 – negativní kontrola, 8-19 – jednotlivé kmeny arkobakterů (Sekhar *et al.*, 2017)

### 3.4. Patogeneze arkobakterů

*Arcobacter* spp. jsou bakterie schopné přežít v nepříznivých podmínkách (Ferreira *et al.*, 2015). Tyto mikroorganismy se řadí mezi zoonotické patogeny, které pocházejí především z potravy a vody (Zambri *et al.*, 2019). Kromě těchto znaků tyto bakterie vykazují zvýšenou rezistenci proti antibiotikům spolu s vysokou multirezistencí, konkrétně na některá z antibiotik doporučených pro léčbu humánních infekcí způsobených bakteriemi rodu *Campylobacter*, jako jsou erythromycin a ciprofloxacin (Ferreira *et al.*, 2015; Ferreira *et al.*, 2014).

Doposud bylo známo jen málo informací o mechanismech patogenity těchto bakterií, proto v současné době zůstává patogenní potenciál nejasný (Doudah *et al.*, 2012; Ramees *et al.*, 2017). Pouze několik studií se pokusilo prozkoumat patogenní mechanismy *Arcobacter*-like species. Studie buněčných kultur živočišného a lidského původu *in vitro* odhalily, že *Arcobacter* spp. může přilnout k eukaryotickým buňkám, napadnou je a produkovat toxiny, což vede k poškození hostitelských buněk. Adhezivní vlastnosti a invaze bakterií do hostitelských buněk jsou důležité parametry pro úspěšnou kolonizaci a vznik infekce, přičemž nejčastějšími pozorovanými účinky byla toxicita a adherence (Ramees *et al.*, 2014).

Některé druhy jsou považovány za patogenní, a to *Al. butzleri*, *Al. cryaerophilus* a *Al. skirrowii* (Ferreira *et al.*, 2014). Některé zdroje uvádí ještě čtvrtý mikroorganismus *Al. thereius*, vyskytující se v lidské populaci (Jiménez-Guerra *et al.*, 2020). V roce 2002 byly druhy *Al. butzleri* a *Al. cryaerophilus* klasifikovány Mezinárodní komisí pro mikrobiologickou specifikaci potravin jako „vážně nebezpečné bakterie pro lidské zdraví“

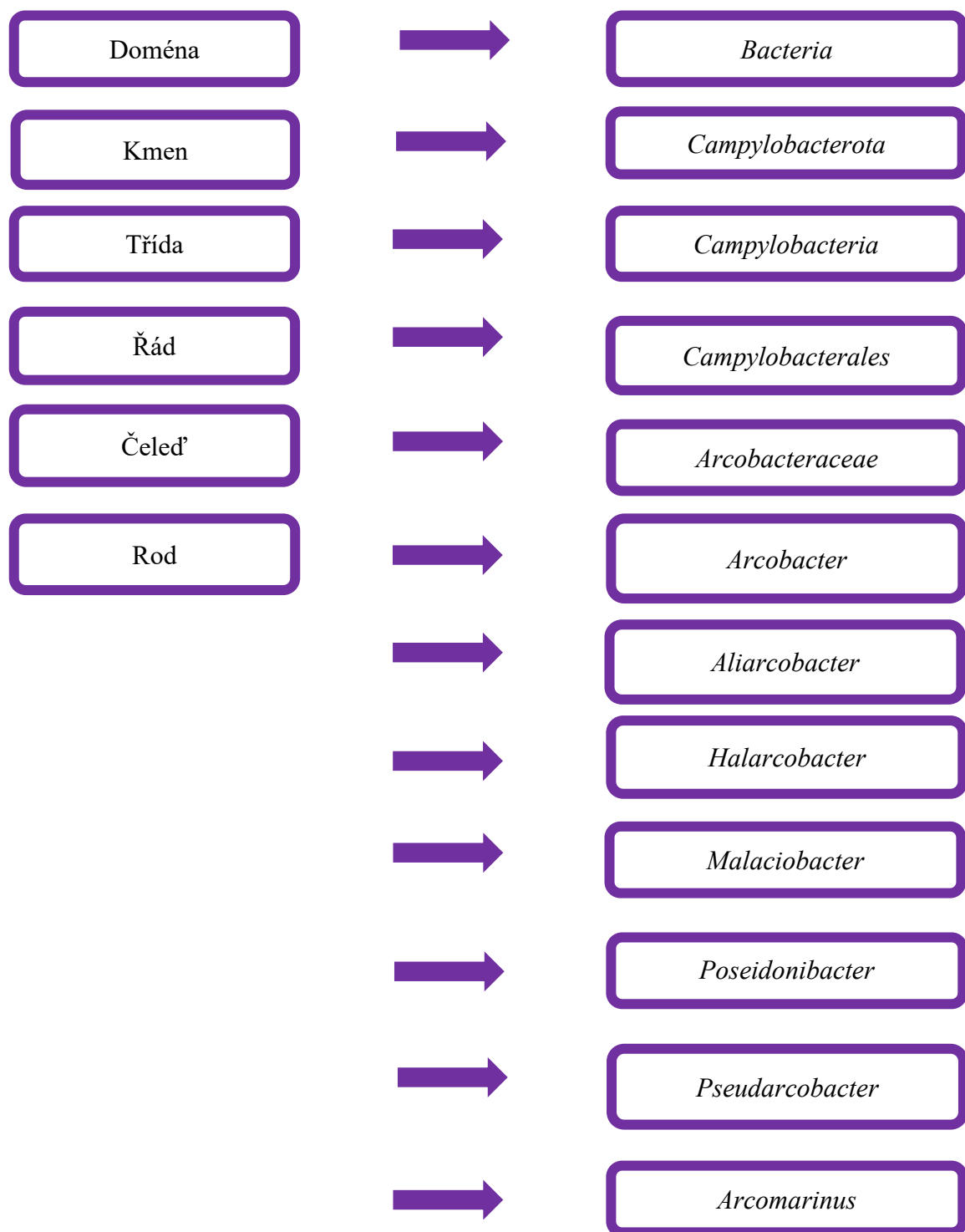
(Brückner *et al.*, 2020). Uvedené bakterie jsou často spojovány s různými onemocněními, jako je gastroenteritida, bakteremie a sepse u lidí, mastitida, průjem, potrat a další poruchy reprodukce u zvířat. Gastroenteritida je charakterizovaná dlouhodobým vodnatým průjmem a břišními křečemi (Zambri *et al.*, 2019).

### 3.4.1. Geny virulence

Vzhledem k tomu, že *Arcobacter*-like species mají velmi podobné fylogenetické vlastnosti s *Campylobacter* spp., shodují se i ve většině genů virulence, které jsou identifikovány nejčastěji pomocí PCR metody. Mezi tyto geny patří *cadF*, *ciaB*, *cj1349*, *hecA*, *hecB*, *irgA*, *mviN*, *pldA* a *tlyA*. Tyto geny byly nalezeny u *Al. butzleri*, *Al. cryaerophilus* a *Al. skirrowii* (Doudah *et al.*, 2012). Každý gen má svou specifickou schopnost spojenou s virulencí. *CadF* a *cj1349* jsou kódující proteiny, které vážou fibronektin a podporují vazbu bakterie na střevní buňku. *CadF* navíc indukuje internalizaci bakteriálních buněk pomocí schopnosti aktivovat GTPázy. *CiaB* je invazivní gen, *hecA* patří do skupiny vláknitých hemaglutininů a gen *hecB* kóduje protein, který aktivuje hemolyzin. *MviN* gen kóduje protein vnitřní membrány, který je potřebný pro biosyntézu peptidoglykanů. *PldA* kóduje fosfolipázu A vnější membrány, která je spojená s lýzou erytrocytů a *tlyA* je kódující gen pro hemolyzin (Doudah *et al.*, 2012; Sekhar *et al.*, 2017).

### 3.5. Aktuální taxonomie čeledi *Arcobacteraceae*

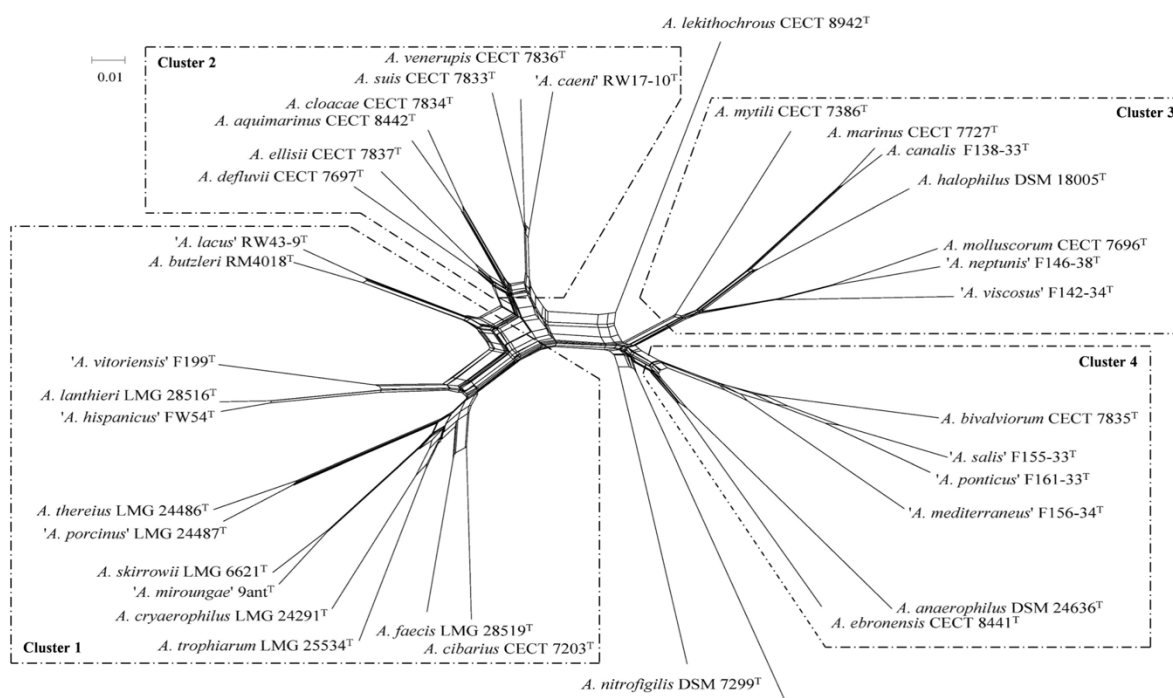
Čeď *Arcobacteraceae* je zařazena do domény *Bacteria*, kmenu *Campylobacterota*, třídy *Campylobacteria* a řádu *Campylobacterales*. V současné době zahrnuje 6 rodů, mezi které patří rod *Arcobacter*, *Aliarcobacter*, *Halarcobacter*, *Malaciobacter*, *Poseidonibacter* a *Pseudarcobacter*. Byl navržen také nový rod *Arcomarinus*, ale jeho oficiální zařazení zatím nebylo potvrzeno (Khan *et al.*, 2020; Chieffi *et al.*, 2020). Schéma rozdělení taxonomie lze vidět na Obrázku 3.



**Obrázek 3** – Schéma taxonomie čeledi *Arcobacteraceae* (upraveno dle Khan *et al.*, 2020)

## Rozdělení *Arcobacter* spp. do klastrů

Autoři, kteří popsali novou taxonomii čeledi *Arcobacteraceae* rozdělili také *Arcobacter* spp. do 4 monofyletických shluků tzv. klastrů. Toto rozdělení provedli na základě fylogenetické analýzy jaderného genomu. Tento genom se skládal z 286 genů, které reprezentovali různé kmeny *Arcobacter*-like species. Schéma rozdělení *Arcobacter* spp. do klastrů lze vidět na Obrázku 4. Klastř 1 zahrnuje bakterie, které mají podobné vlastnosti a patří do rodu *Aliarcobacter*. Klastř 2 odpovídá rodu *Pseudarcobacter*, klastř 3 *Malaciobacter* a do klastř 4 byly zařazeni členové patřící do rodu *Halarcobacter* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).



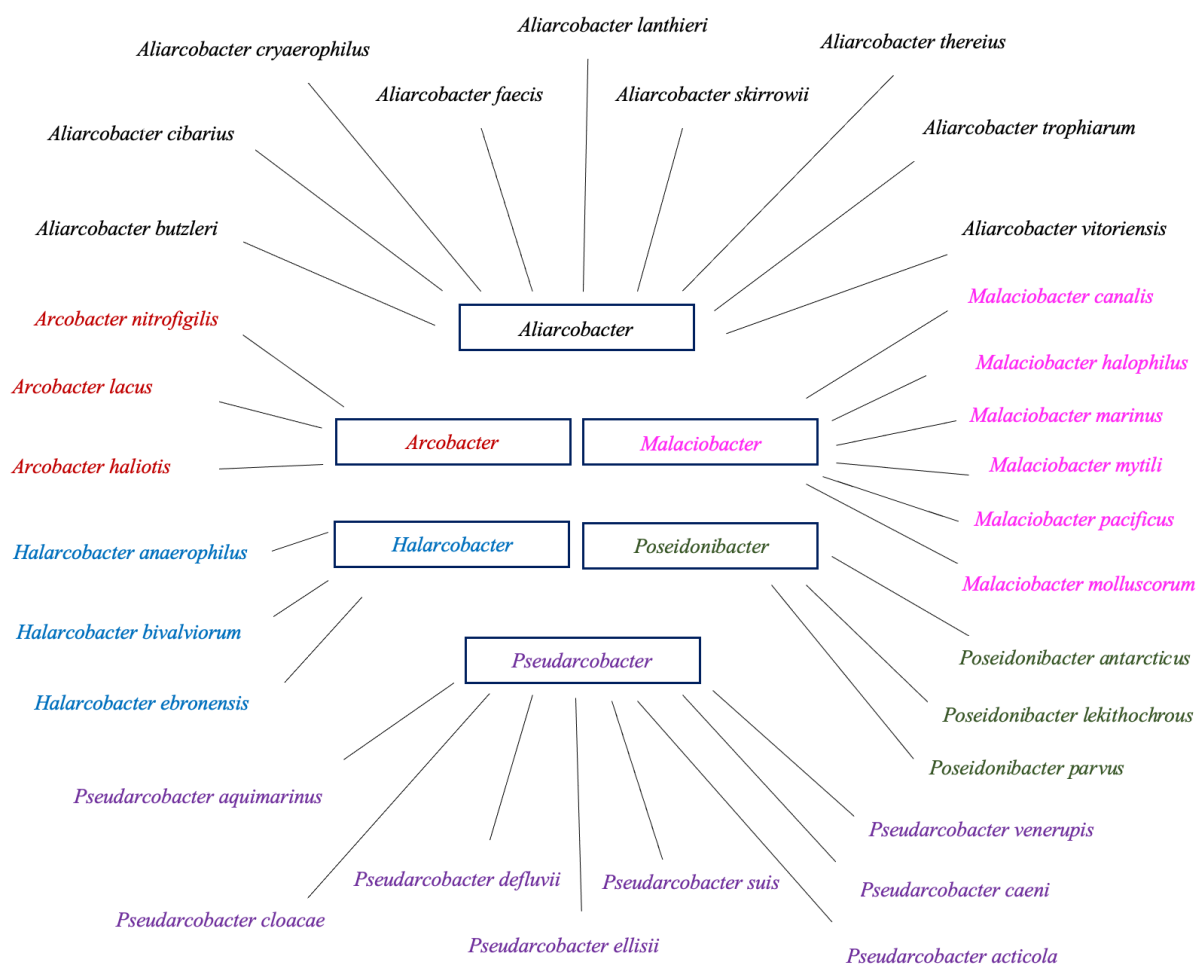
**Obrázek 4** – Dendrogram rozdělující *Arcobacter* spp. do klastrů (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a)

## Aktuální rody a druhy čeledi *Arcobacteraceae*

V rodě *Arcobacter* zůstali z původních 27 druhů 3 zástupci, a to *Arcobacter nitrofigilis*, *Arcobacter lacus* a *Arcobacter haliotis*. Do rodu *Aliarcobacter* bylo zařazeno 9 validních druhů: *Aliarcobacter butzleri*, *Aliarcobacter cibarius*, *Aliarcobacter cryaerophilus*, *Aliarcobacter faecis*, *Aliarcobacter lanthieri*, *Aliarcobacter skirrowii*, *Aliarcobacter thereius*, *Aliarcobacter trophiarum*, *Aliarcobacter vitoriensis* a 3 nevalidních druhy: *Aliarcobacter hispanicus*, *Aliarcobacter miroungae* a *Aliarcobacter porcinus*. Rod *Pseudarcobacter* zahrnuje 8 druhů, a to *Pseudarcobacter aquimarinus*, *Pseudarcobacter cloacae*, *Pseudarcobacter defluvii*, *Pseudarcobacter ellisii*, *Pseudarcobacter suis*, *Pseudarcobacter acticola*,



*Pseudarcobacter caeni* a *Pseudarcobacter venerupis*. Mezi uznávané zástupce rodu *Halarcobacter* patří *Halarcobacter anaerophilus*, *Halarcobacter bivalviorum* a *Halarcobacter ebronensis*. Do rodu *Halarcobacter* dále patří 3 nevalidní zástupci, a to *Halarcobacter mediterraneus*, *Halarcobacter ponticus* a *Halarcobacter salis*. Rod *Malaciobacter* obsahuje 6 validních druhů. Patří mezi ně *Malaciobacter canalis*, *Malaciobacter halophilus*, *Malaciobacter marinus*, *Malaciobacter molluscorum*, *Malaciobacter mytili*, a *Malaciobacter pacificus*. Dále do tohoto rodu patří ještě 2 nevalidní druhy *Malaciobacter neptunis* a *Malaciobacter viscosus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Mezi rod *Poseidonibacter* patří 3 zástupci, a to *Poseidonibacter antarcticus*, *Poseidonibacter lekithochrous* a *Poseidonibacter parvus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a; Kim *et al.*, 2021). Přehled současných rodů a druhů lze vidět na Obrázku 5.



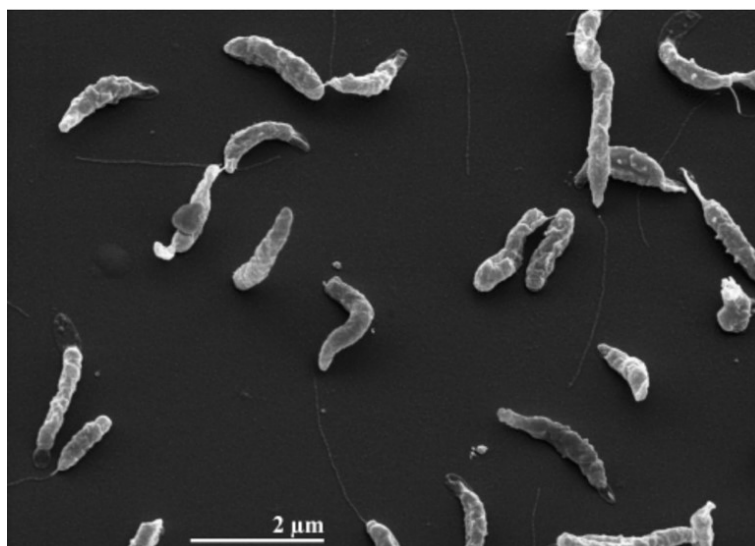
**Obrázek 5** – Schéma aktuálních rodů a druhů čeledi *Arcobacteraceae* (upraveno dle Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a)

### 3.5.1. Rod *Arcobacter*

Rod *Arcobacter* zahrnuje bakterie, které využívají jako zdroj uhlíku organické látky a aminokyseliny, nikoliv však sacharidy. Redukují dusičnany na dusitany a pro svůj růst vyžadují přítomnost NaCl. K jejich růstu dochází při teplotách 10-35 °C, ale ne při teplotě 42 °C. Nerostou v přítomnosti 1 % glycinu, 0,05 % safraninu, 1 % oxgallu nebo 0,04 % 2,3,5-trifenylnitroimidazoliumchloridu. Jsou pozitivní na oxidázu a katalázu, negativní na fosfatázu a sulfatázu. V současné době po rozsáhlé reklasifikaci taxonomie, která byla provedena v roce 2018 tento rod zahrnuje bakterie *Arcobacter nitrofigilis*, *Arcobacter lacus* a *Arcobacter haliotis* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Arcobacter nitrofigilis*

Tento druh byl porvé popsán jako *Campylobacter nitrofigilis* v roce 1983. V roce 1991 byl nazván *Arcobacter nitrofigilis* a toto pojmenování mu zůstalo až do dnes i přes výrazné taxonomické změny. Název dostal pro svou schopnost vázat dusík. Byl nalezen a izolován z kořenů rostlin *Spartina alterniflora* Loise rostoucích ve slaných močálech na východním pobřeží Kanady. Buňky této bakterie, které lze vidět na Obrázku 6, se vyznačují tvarem zahnutého luku o šířce 0,2-0,9 µm a délce 1-3 µm. Jejich optimální růstová teplota je 30 °C. K růstu dochází za mikroaerofilních podmínek s kyslíkem jako terminálním akceptorem elektronů. Za anaerobních podmínek je nutný přídavek fumarátu nebo aspartátu, nikoliv však dusičnanu. Přítomnost dusičnanů je pro *A. nitrofigilis* inhibiční. Tento mikroorganismus je chemoorganotrofní, jako zdroj uhlíku využívá organické kyseliny a aminokyseliny. Je citlivý na ATB cefalotin a kyselinu nalidixovou, naopak je rezistentní k vankomycinu. *A. nitrofigilis* je fylogeneticky zajímavý pro svůj životní styl, žije v symbióze v mořském prostředí, na rozdíl od jiných druhů *Arcobacter*-like species, které jsou spojovány spíše s teplekrevnými živočichy a bývají patogenní (Pati *et al.*, 2010).



**Obrázek 6** – Buňky *Arcobacter nitrofigilis* (Pati *et al.*, 2010)

#### *Arcobacter lacus*

*A. lacus* je mírně zakřivená tyčinka o délce 1,5-1,8  $\mu\text{m}$  a šířce 0,2-0,3  $\mu\text{m}$ , která byla izolovaná v roce 2014 ze sekundárně vyčištěné odpadní vody ve Španělsku. Tato bakterie je nejčastěji kultivována na krevním agaru, a to při teplotě 20  $^{\circ}\text{C}$  po dobu 48 hodin. Kolonie jsou béžové až šedobílé o průměru 2-4 mm. Nevytváří pigmenty ani hemolýzu. Dále dobře roste na krevním agaru při 22-25  $^{\circ}\text{C}$ , v přítomnosti kyslíku při 30  $^{\circ}\text{C}$  a 37  $^{\circ}\text{C}$ , za anaerobních podmínek při 30  $^{\circ}\text{C}$  a za mikroaerobních podmínek při teplotách 30, 37 a 42  $^{\circ}\text{C}$ . K růstu nedochází za anaerobních podmínek při teplotách 37 a 42  $^{\circ}\text{C}$  a za aerobních podmínek při 42  $^{\circ}\text{C}$  (Pérez-Cataluña *et al.*, 2019b).

#### *Arcobacter haliotis*

Tento druh byl izolován ze střev mořského šneka druhu *Haliotis gigantea*, který byl nalezen ve městě Owase v Japonsku. *A. haliotis* je přibližně 0,5-0,8  $\mu\text{m}$  široký a 0,8-2,0  $\mu\text{m}$  dlouhý. Na mořském agaru po třech dnech inkubace při 25  $^{\circ}\text{C}$  vyrůstá v bílých koloniích o průměru 1 mm. Roste za aerobních a mikroaerobních podmínek v rozmezí teplot 10-25  $^{\circ}\text{C}$ , nikoliv však při 4, 30, 37 a 42  $^{\circ}\text{C}$ . Při teplotě 10  $^{\circ}\text{C}$  vykazuje jen velmi slabý růst. Dále roste v přítomnosti 2-5 % NaCl, 0,01 % TTC, 0,05 % safraninu a 0,1 % deoxycholátu sodného. K růstu nedochází na CCDA, minimálním agaru, MacConkeyho agaru nebo na médiu s obsahem 1 % glycinu. Vykazuje pozitivní aktivitu na oxidázu, katalázu a ureázu, redukuje dusičnany na dusitany a je citlivý na cefoperazon (Tanaka *et al.*, 2017).

### 3.5.2. Rod *Aliarcobacter*

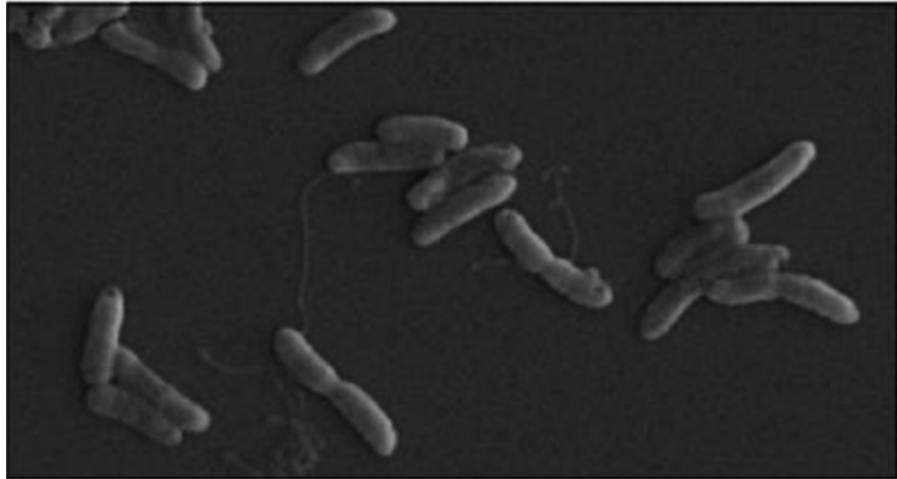
Tento rod vznikl v roce 2018 při vytvoření nové čeledi *Arcobacteraceae*. Zástupci jsou chemoorganotrofní organismy, kteří jsou pozitivní na oxidázu, katalázu a neprodukují fluorescenční pigmenty. Dobře rostou v rozmezí teplot 15-42 °C. Nerostou v přítomnosti 4 % NaCl. Některé druhy mohou růst na médiu s obsahem 0,05 % safraninu nebo 1 % oxgalu (Chieffi *et al.*, 2020; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Aliarcobacter butzleri*

*Aliarcobacter butzleri* je nejběžnějším druhem rodu *Aliarcobacter*, který byl izolován z nejrůznějších zdrojů. Je to aerotolerantní bakterie, popsána v roce 1991 (Müller *et al.*, 2020). V roce 2018 byl tento druh v rámci rozsáhlé reklasifikace rodu *Arcobacter* přeargován do rodu *Aliarcobacter*. Od té doby nese pojmenování *Aliarcobacter butzleri* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Buňky tohoto druhu zobrazené na Obrázku 7 jsou 0,2-0,4 µm široké a 1-3 µm dlouhé (Chieffi *et al.*, 2020). Roste v širokém rozmezí teplot 15-42 °C, jak na MacConkeyho, tak na krevním agaru za aerobních a anaerobních podmínek (Simmons and Gibson, 2012). Na KA vytváří kulaté a bělavé kolonie o průměru 2-4 mm, které lze vidět na Obrázku 8. Kromě obecných charakteristik rodu mají buňky *Al. butzleri* slabou katalázovou aktivitu a mohou růst v přítomnosti 8 % glukózy. Všechny jeho kmeny redukují dusičnany (Chieffi *et al.*, 2020). Tento druh byl izolován z mnoha zdrojů. Jedná se například o izolaci z masa živočišného původu jako je drůbeží, vepřové a hovězí maso, z vodních zdrojů nebo klinických vzorků (Šilha *et al.*, 2017, Müller *et al.*, 2020). Některé zdroje také uvádí výskyt této bakterie v zelenině, měkkýších, mléce a mléčných výrobcích, což naznačuje schopnost přizpůsobit se širokému spektru ekologických podmínek (Chieffi *et al.*, 2020; Müller *et al.*, 2020).

Nejpravděpodobnější způsob přenosu bakterie na člověka a zvířata je konzumace kontaminovaných potravin nebo vody. Jelikož *Al. butzleri* byl nalezen v ústní dutině koček je kontakt s domácími zvířaty dalším možným způsobem přenosu na člověka. Tento mikroorganismus není jen vznikajícím potravinovým a zoonotickým patogenem, ale je také považován za vážné nebezpečí pro lidské zdraví (Müller *et al.*, 2020). *Al. butzleri* společně s *Al. cryaerophilus*, *Al. skirrowii* a *Al. thereius* jsou považováni za lidské patogeny (Chieffi *et al.*, 2020). *Al. butzleri* je druh nejčastěji se vyskytující u lidí, způsobující gastroenteritidu a bakteremii, přičemž nejvíce převládajícím příznakem je přetrvávající vodnatý průjem. Způsobuje však méně krvavý a akutní průjem než taxonomicky související *Campylobacter jejuni*. Uvádí se také, že je čtvrtým nejčastějším patogenem nalézajícím

se v humánních vzorcích stolice (Ferreira *et al.*, 2014; Chieffi *et al.*, 2020). Možná závažnost nemoci a ochrana symptomů může vyžadovat antibiotickou léčbu, kterou může komplikovat multirezistence kmenů toho druhu na antibiotika (Chieffi *et al.*, 2020). U zvířat může způsobit enteritidu a aborty (Arias *et al.*, 2011).



**Obrázek 7** – *Aliarcobacter butzleri* v elektronovém mikroskopu (Fernández and Jaramillo, 2016)



**Obrázek 8** – *Aliarcobacter butzleri* na krevním agaru (Fernández and Jaramillo, 2016)

### *Aliarcobacter cibarius*

Tento zástupce byl poprvé izolován v Belgii v roce 2002 z kůže jatečně upravených těl brojlerů (Houf *et al.*, 2005). Bakterie byla poprvé popsána v roce 2005 jako *Arcobacter cibarius* a od roku 2018, kdy byla vytvořena nová čeleď a došlo k reklasifikaci druhů nese název *Aliarcobacter cibarius* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Mikroorganismus je 1,5  $\mu\text{m}$  dlouhý a 0,5  $\mu\text{m}$  široký. Nejčastěji je kultivován na KA za mikroaerobních podmínek po dobu

72 hodin a teplotě 28 °C. Vzniklé kolonie jsou bělavé, hladce zaoblené s hladkými okraji o průměru asi 2 mm. Není pozorována žádná hemolýza a tento druh není pozitivní na ureázu. Na selektivním agaru pro arkobaktery tvoří tyto kmeny průsvitné až neprůhledné, hladce zaoblené kolonie o průměru 1-2 mm. K růstu nedochází za mikroaerobních podmínek při 42 °C a za aerobních podmínek při 37 °C (Houf *et al.*, 2005). Přestože *Al. cibarius* byl izolován z potravinářských zvířat, nebyl dosud tento kmen spojen s onemocněním u člověka (Wesley, 2014).

#### *Aliarcobacter thereius*

*Al. thereius* byl poprvé popsán v roce 2009 jako *Arcobacter thereius* a v roce 2018 byl přejmenován na *Aliarcobacter thereius* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Tento druh byl izolován z kachen a z vnitřních orgánů potracených selat. Nejčastější výskyt této bakterie je u zdravých prasat. Ačkoliv byl tento druh izolován z živočišných zdrojů o jeho chování není známo příliš informací (Rovetto *et al.*, 2017). Jeho buňky jsou 2,5 µm dlouhé a 0,5 µm široké. Na KA a selektivním agaru pro arkobaktery se chová stejně jako *Al. cibarius*. Neroste za mikroaerobních a aerobních podmínek při teplotě 37 °C, na půdě obsahující kasein a na médiu s obsahem 4 % NaCl. Není schopen degradovat močovinu a je pozitivní na oxidázu, katalázu a redukuje dusičnany (Houf *et al.*, 2009).

#### *Aliarcobacter cryaerophilus*

Původně byl tento druh popsán v roce 1991 jako *Arcobacter cryaerophilus* patřící do rodu *Arcobacter*. V roce 2018 byl přeřazen v rámci nové taxonomie z rodu *Arcobacter* do rodu *Aliarcobacter* a byl pojmenován *Aliarcobacter cryaerophilus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Vyskytuje se ve tvaru zakřivené pohyblivé tyčinky, která roste v rozmezí teplot 15-42 °C. Tento druh vykazuje vysoký stupeň heterogenity a byl proto rozdělen do dvou podskupin (1A a 1B) na základě polymorfismu délky restrikčních fragmentů genů rRNA, celobuněčných proteinů a obsahu mastných kyselin. Pérez-Cataluña *et al.* (2018) navrhli rozdělení *Al. cryaerophilus* do čtyř klastřů na základě analýz sekvencí celého genomu. Výpočet průměrné nukleotidové identity a digitální hybridizace DNA-DNA in silico ukázaly, že tyto čtyři shluky by neměly být přiřazeny pouze jednomu druhu. *Al. cryaerophilus* tedy představuje druhový komplex, ve kterém čtyři shluky představují čtyři různé druhy (Müller *et al.*, 2020).

*Al. cryaerophilus* je globálně rozšiřující se potravinový a zoonotický patogen, který se může přenášet vodou a potravou. Tato bakterie byla poprvé izolována ve Střední Americe ze vzorku lidské stolice (Barboza *et al.*, 2017, Müller *et al.*, 2020). Nedávná studia

na Novém Zélandě odhalila také přítomnost těchto bakterií, jakožto jediného zástupce z původního rodu *Arcobacter*, u zelených mušlí (On *et al.*, 2019). Dále jsou přítomny v potravinách živočišného původu, mléčných výrobcích, mořských plodech, pitné vodě a ve vodě odpadní. *Aliarcobacter* spp. působí jako komenzálové ve střevní mikroflóře drůbeže a mohou tedy během porážky kontaminovat mrtvá těla zvířat. Drůbež je proto přirozeným rezervoárem a působí jako hlavní zdroj infekce pro člověka. Dalším způsobem přenosu je stejně jako u *Al. butzleri* kontakt s domácími zvířaty. Některé dřívější studie ukázaly, že *Al. cryaerophilus* má méně genů spojených s virulencí než *Al. butzleri*. V současné době je však známo jen velmi málo informací, které se týkají virulence a antimikrobiální rezistence tohoto druhu (Müller *et al.*, 2020). Tento patogen může u lidí způsobit samolimitující akutní enteritidu s vodnatým průjmem, horečkou a bolestmi břicha, kolitidu nebo také septikémií. U zvířat je spojován s aborty a jinými poruchami reprodukce (Abeele *et al.*, 2016; Müller *et al.*, 2020).

#### *Aliarcobacter lanthieri*

*Al. lanthieri* byl izolován v roce 2015 z hnoje skotu v Kanadě. Jméno dostal na počest zesnulého Dr. Martina Lanthiera, kanadského mikrobiologa, který zahájil tuto výzkumnou studii za účelem identifikace nově se objevujících bakteriálních patogenů v zemědělství. Popsán byl jako *Arcobacter lanthieri* patřící do rodu *Arcobacter*. V roce 2018 byl přejmenován na *Aliarcobacter lanthieri* řadicí se podle nové taxonomie do nově vytvořeného rodu *Aliarcobacter*. Buňky této bakterie jsou 0,2-0,4 µm široké a 1,4-2,0 µm dlouhé. Dobře rostou v rozmezí teplot 25-37 °C na modifikovaném agaru pro arkobaktery (m-AAM), selektivním agaru pro kampylobaktery (CCDA), MacConkeyho agaru a na trypton sójovém agaru (TSA) s obsahem 1 % glycinu. Jejich optimální růstová teplota je 30 °C, kdy při této teplotě na agaru pro arkobaktery po 3 dnech vyrůstají v malých, průsvitných, béžových až bělavých koloniích (Whiteduck-Léveillé *et al.*, 2015; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Aliarcobacter faecis*

Tento druh byl izolován v roce 2016 ze septiku obsahujícího splašky. Popsán byl jako *Arcobacter faecis* a v roce 2018 přejmenován na *Aliarcobacter faecis* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a; Whiteduck-Léveillé *et al.*, 2016). Bakterie je 0,2-0,5 µm široká a 1,3-2,1 µm dlouhá. Je pozitivní na oxidázu, katalázu a esterázu. Redukuje dusičnany na dusitany a vyznačuje se velkou citlivostí na antimikrobiální látky. Tento mikroorganismus na krevním agaru

a modifikovaném agaru pro arkobaktery roste při teplotě 30 °C po 96 hodinách v průsvitných béžovo-bělavých koloniích o průměru 1-3 mm. Dále roste při 25, 30 a 37 °C za aerobních a mikroaerofilních podmínek na CCDA a MacConkeyho agaru. Neroste na mořském agaru, v přítomnosti 1 % glycinu a 4 % NaCl (Whiteduck-Léveillé *et al.*, 2016).

#### *Aliarcobacter skirrowii*

Tento druh byl poprvé popsán v roce 1992 jako *Arcobacter skirrowii*. V roce 2018, kdy došlo k reklasifikaci taxonomie rodu *Arcobacter*, byl *A. skirrowii* přejmenován na *Aliarcobacter skirrowii* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *Al. skirrowii* se řadí do příbuzné skupiny taxonů spolu s *Al. trophiarum*, *Al. cibarius*, *Al. cryaerophilus* a *Al. thereius*, které se dají izolovat z prasat, skotu nebo drůbeže. Tento druh byl původně izolován z veterinárních vzorků, mezi které patřila zvířata s onemocněním urinogenitálního a gastrointestinálního traktů a potracené plody skotů a prasat. Následně byl získán také z hovězího a vepřového masa, drůbeže, ryb, mléka a sýrů (Miller and Yee, 2018; Gill and Youssef, 2014). Není však prokázáno, že by způsoboval onemocnění u člověka, ale může to být způsobeno obtížností izolace těchto bakterií ze vzorku stolice (Gill and Youssef, 2014). Tento organismus je pozitivní na oxidázu a katalázu ale negativní na ureázu. Dobře roste na krevním agaru při teplotě 15 °C a 25 °C (Wybo *et al.*, 2004).

#### *Aliarcobacter trophiarum*

Tato bakterie byla izolována v roce 2011 z fekálních vzorků odebraných z prasat na dvou belgických farmách (Miller and Yee, 2018). Z tohoto důvodu dostala svůj druhový název *trophiarum* tzn. “ ze zvířat chovaných ve stájích“ (Smet *et al.*, 2011). Popsána byla jako *Arcobacter trophiarum* patřící do rodu *Arcobacter*, čeledi *Campylobacteraceae*. V roce 2018 byla tato bakterie přejmenována na *Aliarcobacter trophiarum* a zařazena do rodu *Aliarcobacter*, především kvůli podobným vlastnostem s ostatními druhy tohoto rodu (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Buňky *Al. trophiarum* jsou 0,3-0,5 µm široké a 1,4-2,0 µm dlouhé. Na krevním agaru za mikroaerobních podmínek a teplotě 28 °C vytváří po 48 hodinách bělavé, mírně konvexní, hladké, zaoblené kolonie o průměru asi 2 mm. Neroste za aerobních podmínek při teplotě 37 a 42 °C. Produkuje oxidázu, katalázu a hydrolyzuje indoxyl-acetát. Nevykazuje žádnou aktivitu ureázy nebo redukci dusičnanů (Smet *et al.*, 2011).



### *Aliarcobacter vitoriensis*

Tento nově objevený patogen byl poprvé izolován z mrkve a městské odpadní vody ve Španělsku. Buňky *Al. vitoriensis* jsou 0,4-0,5 µm široké a 1,3-1,8 µm dlouhé. Na krevním agaru za aerobních podmínek po 48 hodinách rostou v béžových až téměř bílých koloniích o průměru 2-4 mm bez známky hemolýzy a pigmentu. Růst byl také zaznamenán bez významných rozdílů při 25, 30 a 37 °C na živném médiu doplněném 5 % ovčí krve. Dále roste za aerobních podmínek při teplotě 30 °C na McConkeyho agar, CCDA a živném agaru obsahujícím 5 % ovčí krve a 2 % NaCl (Alonso *et al.*, 2020).

### **3.5.3. Rod *Pseudarcobacter***

Rod *Pseudarcobacter* v současné době zahrnuje 7 zástupců, kteří patřili původně do rodu *Arcobacter*. Mezi členy rodu *Pseudarcobacter* se řadí *P. acticola*, *P. aquamarinus*, *P. cloacae*, *P. defluvii*, *P. ellisii*, *P. suis* a *P. venerupis*. Členové tohoto rodu jsou Gram-negativní pohyblivé buňky, jejichž velikost u některých druhů může dosahovat délky až 10 µm (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

### *Pseudarcobacter acticola*

Tento druh byl poprvé popsán v roce 2016 jako *Arcobacter acticola*. V roce 2018 proběhla reklasifikace rodu *Arcobacter* a tento mikroorganismus byl zařazen v rámci nové čeledi *Arcobacteraceae* do rodu *Pseudarcobacter*. Od této doby nese název *Pseudarcobacter acticola* (Park *et al.*, 2016; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *P. acticola* byl izolován z mořské vody ve východním moři v Jižní Koreji. Dobře roste při teplotě 30 °C, pH 7,0-8,0 a v přítomnosti 0-0,5 % koncentraci NaCl (Park *et al.*, 2016).

### *Pseudarcobacter aquimarinus*

Tento druh byl popsán v roce 2014 jako *Arcobacter aquimarinus*. V roce 2018 byl zařazen v rámci nové taxonomie do rodu *Pseudarcobacter* a dostal název *Pseudarcobacter aquimarinus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *P. aquimarinus* byl izolován ze vzorku vody odebraného ze Středozemního moře na pláži Garraf ve španělském Katalánsku. Buňky tohoto kmenu jsou 0,4-0,6 µm široké, 1,0-2,0 µm dlouhé a jak název napovídá, byly pojmenovány podle moře, ze kterého byly izolovány. Dobře rostou za aerobních podmínek při teplotě 30 °C na mořském agar, CCDA a na živném médiu doplněném 5 % ovčí krve a s obsahem 0,5-2 % NaCl. K růstu nedochází při teplotě 42 °C na MacConkeyho agaru

a na živném médiu doplněném 5 % ovčí krve a s obsahem 4 % NaCl. Tento mikroorganismus je pozitivní na oxidázu a katalázu, redukuje dusičnany na dusitany a hydrolyzuje indoxyl-acetát, nikoliv však kasein, močovinu, lecitin nebo škrob (Levican *et al.*, 2015).

#### *Pseudarcobacter cloacae* a *Pseudarcobacter defluvii*.

Tyto druhy byly izolovány z čistírny odpadních vod ve městě Reus, který se nachází v Katalánsku ve Španělsku. Původně byly pojmenovány jako *Arcobacter cloacae* a *Arcobacter defluvii* patřící do rodu *Arcobacter*. V roce 2018 byly zařazeny do rodu *Pseudarcobacter* a pojmenovány *Pseudarcobacter cloacae* a *Pseudarcobacter defluvii* (Levican *et al.*, 2013; Collado *et al.*, 2011; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Na krevním agaru za přítomnosti kyslíku a teplotě 30 °C tyto druhy tvoří po 48 hodinách béžové až téměř bílé kolonie o průměru 2-4 mm s celými okraji a bez pigmentu. Za anaerobních podmínek při 30 °C nebo za aerobních podmínek při 42 °C byl pozorován jen velmi slabý růst nebo v případě *P. cloacae* dokonce žádný. *P. defluvii* (oproti *P. cloacae*) vykazuje jen slabou katalázovou aktivitu a hydrolyzuje močovinu (Levican *et al.*, 2013; Collado *et al.*, 2011).

#### *Pseudarcobacter ellisii*

Tento druh je pojmenovaný po objeviteli Ellisovi, který popsal první členy původního rodu *Arcobacter* jako organismy podobné bakteriálnímu rodu *Vibrio* z potracených hovězích plodů (Figueras *et al.*, 2011). Popsán byl v roce 2011 jako *Arcobacter ellisii* patřící do rodu *Arcobacter*. O pár let později, v roce 2018 byl přejmenován na *Pseudarcobacter ellisii* a zařazen v rámci nové taxonomie do rodu *Pseudarcobacter* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *P. ellisii* byl poprvé izolován během průzkumu ve španělském Katalánsku v rámci detekce *Arcobacter* spp. u měkkýšů. Přestože byl původně izolován z mušlí, byl později také detekován v závodě na zpracování špenátu a čistírně odpadních vod. Tato informace naznačuje, že tento druh může kontaminovat vodu, která se koncentruje v mušlích (Miller *et al.*, 2018). Buňky tohoto mikroorganismu jsou 0,3-0,9 µm široké a 1-1,8 µm dlouhé. Některé mají vláknitou formu dosahující délky až 7 µm. Všechny kmeny rostou za aerobních i mikroaerobních podmínek při teplotách 18-22 °C, 30 °C a 37 °C (Figueras *et al.*, 2011).

#### *Pseudarcobacter suis*

Tato bakterie poprvé byla popsána v roce 2013 jako *Arcobacter suis*. V roce 2018 byla v rámci změn v taxonomii přejmenována na *Pseudarcobacter suis* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *P. suis* byl izolován z prasete ve španělském Katalánsku. Ve srovnání s jinými druhy

vykazuje 11,1 % výskyt ve vepřovém mase. Jeho buňky jsou 0,3-0,6 µm široké, 1,2-2,1 µm dlouhé a stejně jako v případě *P. ellisii* mohou vytvářet vláknité formy dlouhé až 7 µm. Na KA za aerobních podmínek a teplotě 30 °C vytváří po 48 hodinách béžové až šedobílé kolonie o průměru 1-3 mm. Za stejných podmínek roste také na minimálním agaru a MacConkeyho agaru, ale ne na mořském agaru nebo CCDA. Při 30, 37 a 42 °C za anaerobních podmínek nebyl pozorován žádný růst. Tento kmen je pozitivní na oxidázu a katalázu, redukuje dusičnany a hydrolyzuje indoxyl-acetát (Levican *et al.*, 2013).

#### *Pseudarcobacter venerupis*

*P. venerupis* byl poprvé popsán v roce 2012 jako *Arcobacter venerupis*. V roce 2018 byl zařazen do rodu *Pseudarcobacter* a přejmenován na *Pseudarcobacter venerupis* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Tento kmen byl izolován ve Španělsku ze škeble druhu *Venerupis pullastra* a ze vzorku mušlí. Buňky *P. venerupis* jsou mírně zakřivené nezapouzdřené tyčinky, které nevytvářejí spory. Dosahují šířky 0,3-0,6 µm a délky 0,9-2,2 µm. Tento kmen dobře roste na krevním agaru při pokojové teplotě 18-22 °C, 30 °C a 37 °C, nikoliv však při 42 °C za mikroaerobních podmínek. Za anaerobních podmínek při teplotě 30 °C nebyl pozorován žádný růst (Levican *et al.*, 2012).

#### *Pseudarcobacter caeni*

Tato bakterie byla izolována v roce 2013 ze sekundárně vyčištěné odpadní vody ve městě Reus, které se nachází ve Španělsku. Popsán byl však až o mnoho let později v roce 2019 jako *Arcobacter caeni*. Z pohledu fylogenetických vlastností však odpovídá druhům patřícím do rodu *Pseudarcobacter*, kam byl také později zařazen. Nyní je pojmenován jako *Pseudarcobacter caeni* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a; Pérez-Cataluña *et al.*, 2019b). Tento druh je 0,2-0,4 µm široký a 2,0-2,5 µm dlouhý. Na KA za anaerobních podmínek a teplotě 30 °C vytváří po 48 hodinách béžové až téměř bílé kolonie, které mají průměr 1-3 mm. Dále může růst na KA při teplotách 22-25 °C a 30 °C za aerobních, anaerobních i mikroaerobních podmínek. Při jiných teplotách nebyl pozorován žádný růst. Na agaru TSI lze pozorovat produkci sirovodíku. Neroste na médiích v přítomnosti 2 % a 4 % koncentraci NaCl, 1 % oxgallu, 0,1 % deochycholátu sodného, 1 % glycinu, bazického fuchsínu, krystalové violeti a v přítomnosti briliantní zeleně. Vyznačuje se citlivostí na některá antibiotika jako je např. kyselina nalidixová, cefalotin a cefoperazon (Pérez-Cataluña *et al.*, 2019b).

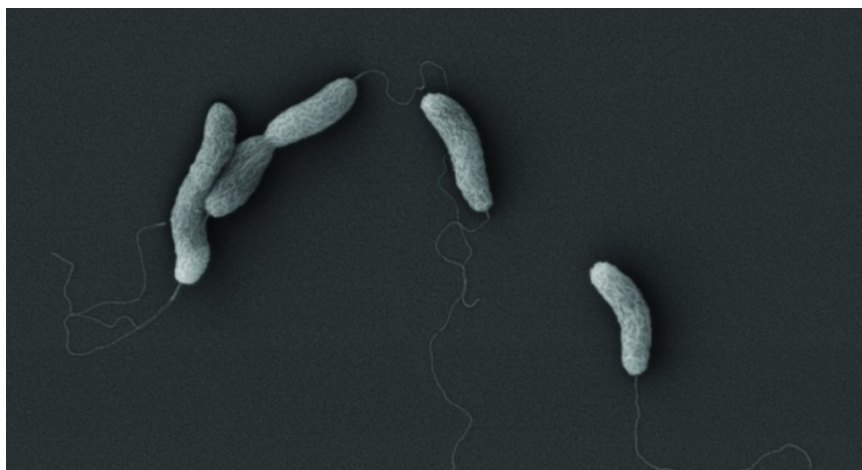
### 3.5.4. Rod *Halarcobacter*

Tento rod zahrnuje v současné době 4 druhy a to *H. anaerophilus*, *H. bivalviorum*, *H. ebronensis* a nově objevený druh *H. arenosus*, který však ještě nebyl dostatečně popsán. Členové jsou většinou pohyblivé tyčinky, které byly do toho rodu zařazeny pro svou zálibu růst v přítomnosti soli, jedná se tedy o halofilní bakterie. Většina roste v rozmezí teplot 15-42 °C, v mikroaerofilních podmínkách při 37 °C nebo při 42 °C za anaerobních podmínek. Nefermentují sacharidy, s výjimkou *H. ebronensis* nehydrolyzují močovinu a některé druhy mohou redukovat dusičnany na dusitany (Baek *et al.*, 2020; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Halarcobacter anaerophilus*

Tato bakterie dostala svůj druhový název podle své nelibosti ke vzduchu. Poprvé byla popsána v roce 2013 jako *Arcobacter anaerophilus* a v roce 2018 se zařadila mezi druhy patřící do rodu *Halarcobacter*. Od té doby nese pojmenování *Halarcobacter anaerophilus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Dva jeho kmeny byly izolovány ze vzorku sedimentu v ústí řeky Gangasagar nacházející se v Indii. Patří mezi nepohyblivé zástupce čeledi *Arcobacteraceae* o délce 1-2 µm a šířce 0,1-0,3 µm (Sasi Jyothsna *et al.*, 2013). O dva roky později byl popsán nový kmen IR-1 pocházející z korozních experimentů, které byly upraveny dusičnany. Při charakterizaci studie se ukázalo, že tento kmen má lithoautotrofní, lithoheterotrofní a organoheterotrofní životní styl spojený s širokým výběrem elektronů. Buňky nového kmene byly pozorovány jako jednotlivé buňky nebo v řetězcích 2-6 buněk během aktivního růstu. Oproti původním dvou kmenům má schopnost pohybu pomocí jednoho polárního bičíku. IR-1 kmen pod elektronovým mikroskopem lze vidět na Obrázku 9 (Roalkvam *et al.*, 2015).

*H. anaerophilus* roste na nitrátovém agaru za anaerobních podmínek ve světle žlutých, kruhových, hladkých a dobře pěstovaných koloniích. Bujónová kultura je světle žlutá, želatinová a na dně se nacházejí sedimenty. K růstu dochází také na médiích obsahujících omezený zdroj uhlíku nebo na komplexních médiích. Tento organismus nevyžaduje k růstu NaCl, avšak v přítomnosti 1-3 % NaCl dochází ke zlepšení jeho růstu. Řadí se mezi oxidáza pozitivní a kataláza negativní bakterie, využívá citrát, hydrolyzuje kasein, redukuje dusičnany a produkuje H<sub>2</sub>S (Sasi Jyothsna *et al.*, 2013).



**Obrázek 9** – *H. anaerophilus* v elektronovém mikroskopu  
(převzato a upraveno dle Roalkvam *et al.*, 2015)

### *Halarcobacter bivalviorum*

*H. bivalviorum* je kataláza pozitivní, ureáza negativní halarkobakter, který je široký 0,2-0,5  $\mu\text{m}$  a dlouhý 0,9-2,0  $\mu\text{m}$ . Původně byl přidán do zástupců rodu *Arcobacter* společně s *A. venerupis* v roce 2012, kdy byl pojmenován jako *Arcobacter bivalviorum*. O pár let později v roce 2018 po vytvoření nové čeledi *Arcobacteraceae* byl přearzen do rodu *Halarcobacter* a dostal pojmenování *Halarcobacter bivalviorum* (Levican *et al.*, 2012; Miller *et al.*, 2018; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Tato bakterie byla poprvé izolována v březnu roku 2007 z mušlí delty řeky Ebro nacházející se ve Španělsku (Miller *et al.*, 2018). Na KA za aerobních podmínek a teplotě 30 °C vytváří po 48 hodinách béžovo-bílé kolonie o průměru 2-4 mm. Za anaerobních podmínek při 30 °C vykazuje jen velmi slabý růst (Levican *et al.*, 2012).

### *Halarcobacter ebronensis*

Druh *H. ebronensis* byl izolován v červnu 2011 z mušlí odebraných z delty řeky Ebro na severovýchodě Španělska. Nejprve byl popsán jako *Arcobacter ebronensis* a později, v roce 2018 přejmenován na *Halarcobacter ebronensis* (Levican *et al.*, 2015; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Jedná se o mírně zakřivenou tyčinku o délce 1,5-2,5  $\mu\text{m}$  a šířce 0,3-0,5  $\mu\text{m}$ . Roste na krevním agaru v rozmezí teplot 18-22 °C a při 30 °C za aerobních i mikroaerobních podmínek. Pokud se do média přidá NaCl o koncentraci 1 % dojde mírně ke zvýšení růstu. Za aerobních podmínek při 30 °C roste na mořském agaru, minimálním agaru a na živném médiu doplněném 5 % ovčí krve s obsahem 0,5-4 % NaCl, 0,1 % deoxycholátu sodného, safraninu nebo bazického fuchsinu. Žádný růst nebyl pozorován za aerobních podmínek, ani za aerobních nebo mikroaerobních podmínek při 37 a 42 °C. Neroste také na MacConkeyho agaru,

CCDA a na živném médiu doplněném 5 % ovčí krve obsahujícím 1 % glycinu, 0,01-0,1 % 2,3,5-trifenylnitroimidazoliumchloridu (TTC), 64 mg L-1 cefoperazonu, 1 % oxgallu, krystalové violeti nebo briliantní zeleně. Tento člen je oxidáza pozitivní, kataláza negativní, hydrolyzuje indoxyl-acetát a močovinu, nikoliv však kasein, lecitin nebo škrob. Není schopen produkovat kyselinu z glukózy oxidací ani fermentací a neredukuje dusičnany (Levican *et al.*, 2015).

### 3.5.5. Rod *Malaciobacter*

V roce 2018 byl vytvořen rod *Malaciobacter* zařazující se do nové čeledi *Arcobacteraceae* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Členové rodu *Malaciobacter* jsou často izolováni z měkkýšů. Prevalence druhů tohoto rodu ve vodách naznačuje, že tyto organismy mohou kontaminovat měkkýše. Tato kontaminace může po konzumaci syrových nebo jen částečně vařených měkkýšů způsobit onemocnění člověka (Miller *et al.*, 2018). Jedná se o bakterie, které se vyznačují druhovou variabilitou na přítomnost enzymů oxidáza a kataláza. Zástupci tohoto rodu jsou halofilní, tzn. bez přítomnosti NaCl nedochází k růstu. Bakterie jsou schopné růst v přítomnosti až 4 % NaCl. Růst nastává také v rozmezí teplot 15-37 °C, nikoliv však při 37 °C v mikroaerofilních podmínkách nebo při 42 °C za anaerobních podmínek (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Malaciobacter canalis*

Tento poměrně nový druh byl izolován z ústřic, které byly nalezené v kanále Poble Nou ve španělském Katalánsku. Původně byl popsán v roce 2018 jako *Arcobacter canalis* patřící do rodu *Arcobacter*. O pár měsíců později téhož roku byl zařazen do nového rodu *Malaciobacter* a dostal pojmenování *Malaciobacter canalis* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Bakterie je 0,2-0,4 µm široká a 1,2-2,8 µm dlouhá. Na mořském agarů za aerobních podmínek při teplotě 30 °C tvoří po 48 hodinách bledě žluté až světle oranžové, kruhové kolonie o průměru 2-4 mm. Kmeny také rostou na mořském agarů v rozmezí teplot 22-25 °C a dále při 30 a 37 °C za aerobních, mikroaerobních a anaerobních podmínek. Na KA nebyl pozorován žádný růst, i přes použití různých teplot a atmosférických podmínek. Je pozitivní na produkci oxidázy a katalázy, ale nehydrolyzuje indoxyl-acetát, močovinu, kasein, lecitin nebo škrob. Není schopen redukovat dusičnany a produkovat kyselinu z glukózy oxidací ani fermentací (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018b).

### *Malaciobacter halophilus*

*M. halophilus* je bakterie, která byla poprvé popsána v roce 2005 jako *Arcobacter halophilus*, řadící se do rodu *Arcobacter*. Od roku 2018 se řadí do rodu *Malaciobacter* a nese název *Malaciobacter halophilus*. Proběhla předběžná charakterizace, která byla založena na analýze genové sekvence 16 S rRNA a ukázala, že se genom *M. halophilus* shoduje z 96 % s genomem *Arcobacter* spp. izolovaného z hypersalinního jezera Sinaj, a z 94 % s *A. nitrofigilis*. Tento druh patřil mezi prvně objevenou obligátně halofilní bakterii, která byla součástí původního rodu *Arcobacter* (Donachie *et al.*, 2005). Halofilní bakterie je organismus, který je přizpůsoben vysokému osmotickému tlaku a nejčastěji žije v solných jezerech a na dalších podobných místech s vysokým obsahem NaCl v okolním prostředí (Amoozegar *et al.*, 2019). *M. halophilus* byl izolován z vody shromážděné z hypersalinní laguny na korálovém ostrově Lyasan, nacházející se na severozápadě Havajských ostrovů. Jeho buňky, které lze vidět na Obrázku 10, jsou 0,4-0,5 µm široké a 1,5-2,5 µm dlouhé. Na 5 % krevním agaru obsahujícím 3,5 % NaCl za mikroaerobních podmínek v rozmezí teplot 18-22 °C vytváří po 72 hodinách hladké, bělavé kolonie o průměru asi 2 mm s celými okraji a lepkavou konzistencí. Špatně roste na médiích, která obsahují méně než 2 % NaCl nebo méně než 0,1 % dusičnanu draselného (Donachie *et al.*, 2005).



**Obrázek 10** – *Arcobacter halophilus* v elektronovém mikroskopu (Donachie *et al.*, 2005)

### Malaciobacter marinus

*M. marinus* byl navržen jako člen původního rodu *Arcobacter* v roce 2010 pod názvem *Arcobacter marinus*. V roce 2018 dostal pojmenování *Malaciobacter marinus* a byl zařazen do rodu *Malaciobacter* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Je to přibližně 0,5-1,7 µm dlouhá a 0,1-0,3 µm široká bakterie, která dostala druhový název s odkazem na moře, odkud byl izolován jeho typový kmen (Kim *et al.*, 2010). Tento druh byl izolován z mořské vody, hvězdic a řas v blízkosti ostrova Dokdo ve východním moři v Koreji (Kim *et al.*, 2010; Mizutani *et al.*, 2019). Na MacConkeyho agaru při teplotě 30 °C vytváří po 3 dnech kruhové, konvexní, krémově bílé kolonie o průměru 1 mm. Za stejných podmínek tvoří na Slanetz-Bartleyho agaru nepravidelné, neohrazené, šedé kolonie s průměrem přibližně 4 mm. Dobře roste v rozmezí teplot 10-40 °C, při pH 5,9-8,5 a v koncentraci 1-9 % NaCl. Výsledky studií naznačují, že přítomnost NaCl je nejen požadavkem pro růst, ale také přímo ovlivňuje pohyblivost bakterie (Salas-Massó *et al.*, 2016). Produkuje oxidázu, nikoliv však katalázu, ureázu, alkalickou fosfatázu nebo sulfan. Redukuje dusičnany a hydrolyzuje indoxyl-acetát (Kim *et al.*, 2010).

### Malaciobacter mytili

Tento druh byl popsán v roce 2009 jako *Arcobacter mytili*. V roce 2018 byl poté zařazen do rodu *Malaciobacter* a přejmenován na *Malaciobacter mytili* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). *M. mytili* byl izolován v roce 2006 z mušlí shromážděných z delty řeky Ebro ve španělském Katalánsku (Miller *et al.*, 2018). Tato bakterie je slabě pozitivní na oxidázu a katalázu (Collado *et al.*, 2009; Vasiljevic *et al.*, 2019). Všechny kmeny rostou za aerobních podmínek při 30 °C na MacConkeyho agaru a na médiu obsahujícím 2,0-4,0 % NaCl. Velmi slabý nebo žádný růst je pozorován za anaerobních podmínek při 30 °C, za aerobních podmínek při 42 °C, 4 °C a na médiu obsahujícím kasein. Je negativní na ureázu a neredukuje dusičnany (Collado *et al.*, 2009). V mořské biologii byla popsána řada různých druhů čeledi *Arcobacteraceae* izolovaná z měkkýšů, tyto organismy však nejsou běžně spojovány s onemocněním u lidí. V roce 2019 byl v souvislosti s tímto druhem hlášen první případ symptomatické lidské bakteremie, která byla způsobena *M. mytili* (Vasiljevic *et al.*, 2019).

### Malaciobacter molluscorum

*M. molluscorum* byl získán v roce 2009 izolací ze slávek z delty řeky Ebro ve španělském Katalánsku (Miller *et al.*, 2018). V roce 2018 byl přerazen z původního rodu *Arcobacter* do nového rodu *Malaciobacter*. V rámci rodu *Malaciobacter* byl přejmenován na *Malaciobacter molluscorum* (Figueras *et al.*, 2011; Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a). Tělo má



0,3-0,5  $\mu\text{m}$  široké a 1-3,4  $\mu\text{m}$  dlouhé. Sekvenace 16 S rRNA, která byla provedena na genomu reprezentativního kmene *M. molluscorum* ukázala z 97,6 % podobnost s nejbližším druhem *M. marinus*, z 95,6 % s *M. halophilus* a z 94,7 % s *M. mytili*. Z této studie lze usuzovat, proč byly tyto podobné druhy nedávno nově zařazeni do stejného rodu. Všechny kmeny tohoto zástupce rostou na krevním agaru při teplotách 18-22 °C, 30 °C a 37 °C za aerobních a mikroaerobních podmínek bez vizuálních rozdílů. Pokud se však přidá 2 % NaCl dojde ke zvýšení růstu. Dobře rostou také za aerobních podmínek při teplotě 30 °C na MacConkeyho agaru a na médiích, která obsahují 0,1 % deoxycholátu sodného, 1 % oxgallu, safraninu a krystalové violeti. Jsou aktivní v produkci oxidázy a katalázy, avšak nehydrolyzují indoxyl-acetát, kasein, lecitin, škrob nebo močovinu (Figueras *et al.*, 2011).

#### *Malaciobacter pacificus*

*M. pacificus* dostal název podle prvotní izolace z povrchové mořské vody v jižním Pacifiku. Byl popsán v roce 2016 jako *Arcobacter pacificus* a v roce 2018 přejmenován na *Malaciobacter pacificus* (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a; Zhang *et al.*, 2016). Tato bakterie dosahuje šířky 0,3-0,5  $\mu\text{m}$  a délky 1-3,6  $\mu\text{m}$ . Na mořském agaru za aerobních podmínek při teplotě 37 °C vytváří po 48 hodinách kruhové, světle žluté kolonie bez známek pigmentu. Roste také v přítomnosti 0,5-9 % NaCl, přičemž optimální koncentrace se pohybuje v rozmezí 2-4 %. Roste na mořském agaru v rozmezí teplot 0-45 °C a při pH 7,0-11,0. Neroste na minimálním agaru a MacConkeyho agaru. Je aktivní v produkci katalázy a oxidázy, hydrolyzuje indoxyl-acetát a redukuje dusičnany. Odbourává škrob, nikoliv však lecitin nebo kasein (Zhang *et al.*, 2016).

#### **3.5.6. Rod *Poseidonibacter***

Název tohoto rodu odkazuje na výskyt jeho zástupců v mořském prostředí. Zástupci tohoto rodu ke svému růstu vyžadují kombinaci mořských solí nebo přítomnost mořské vody. Rostou v rozmezí teplot 15-25 °C a pH 6-8, nikoliv však při teplotě 37 °C nebo 42 °C. Jsou pozitivní na oxidázu a katalázu, nefermentují sacharidy a redukují dusičnany na dusitany (Pérez-Cataluña *et al.*, 2018a).

#### *Poseidonibacter antarcticus*

*P. antarcticus* byl popsán v roce 2019 jako nový druh řadící se svými vlastnostmi do rodu *Poseidonibacter*. Byl izolován z přílivého sedimentu na jižní Antarktidě. Buňky

této bakterie jsou aerobní, oxidázově a katalázově pozitivní kokcidie o průměru asi 1-2  $\mu\text{m}$ . Na agaru s trypton kvasnicovým extraktem (TYS) inkubovaném při 15 °C po dobu 3-5 dnů tvoří *P. antarcticus* bílé, konvexní kruhové kolonie o průměru 1-2 mm. Optimálního růstu dosahuje v rozmezí teplot 10-15 °C, při pH 7,5 a v prostředí s 2-3 % obsahem NaCl. Roste také na MacConkeyho agaru, živném agaru doplněném 0,05 % safraninu, 0,01 % deoxycholátu sodného nebo 0,04 % 2,3,5-trifenylnitrotetrazoliumchloridu (TTC). Neroste za mikroaerobních podmínek, na CCDA a agaru s glycinem. Buňky jsou schopné redukovat dusičnany na dusitany, nehydrolyzují želatinu, škrob, kasein, elastin ani chitin. Jako jediný zdroj uhlíku tento člen využívá D-alanin a L-alanin. Je rezistentní na mnoho ATB, např. vancomycin, penicilin, kolistin nebo novobiocin (Guo *et al.*, 2019).

#### *Poseidonibacter lekithochrous*

Tento druh byl poprvé popsán v roce 2017 jako *Arcobacter lekithochrous* patřící do čeledi *Campylobacteraceae*. O rok později v rámci rozsáhlých taxonomických změn byl zařazen do nového rodu *Poseidonibacter*, čeledi *Arcobacteraceae*. *P. lekithochrous* byl izolován v Norsku z larev hřebenatky *Pecten Maximus* a svůj druhový název dostal díky své schopnosti růst na mořském agaru ve světle hnědých koloniích. Je pozitivní na oxidázu a katalázu a negativní na Voges-Proskauerův test, což značí, že netvoří acetoin. Všechny kmeny této bakterie redukují dusičnany na dusitany a jsou citlivé na ATB cefoperazon v množství 30  $\mu\text{g}$ . Dobře rostou na mořském agaru za mikroaerofilních podmínek při teplotě 25 °C. Optimálního růstu tato bakterie dosahuje na médiu s 3 % mořskou solí. Bez přítomnosti soli není pozorován žádný růst. Dále neroste na TSA, TSA doplněném 5 % ovčí krve, krevním agaru, CCDA, minimálním agaru nebo na MacConkeyho agaru. Jako zdroj uhlíku *P. lekithochrous* využívá např. D-manózu, D-glukózu, kyselinu mléčnou, kyselinu jantarovou nebo kyselinu jablečnou (Diéguez *et al.*, 2017).

#### *Poseidonibacter parvus*

*P. parvus* je poměrně nově popsáný patogen, který byl popsán v roce 2021. Na základě jeho fenotypových a genotypových vlastností byl zařazen do rodu *Poseidonibacter*. Jedná se o Gram-negativní, pohyblivou, aerobní, krátkou tyčinku hnědé barvy izolovanou z hlavonožce (olihně). Buňky tohoto druhu mohou slabě růst na mořském agaru a v přítomnosti TTC (Kim *et al.*, 2021).

## 4. Vlastnosti charakteristické pro dnešní zástupce

### 4.1. Změny ve výskytu a izolaci *Arcobacter*-like species

První arkobaktery byly izolovány v 90. letech 20. století z výkalů a potracených plodů hospodářských zvířat, nejčastěji drůbeže. Posléze byly tyto mikroorganismy izolovány z humánních vzorků stolice. *A. nitrofigilis* byl první druh poprvé popsán v 90. letech, který byl izolován z kořenů a kořenových sedimentů (Collado and Figueras, 2011). Počátkem 21. století došlo k izolaci *Arcobacter*-like species z vody. Bylo nalezeno mnoho druhů v odlišných typech vod, např. v mořské vodě, slané vodě, odpadní vodě nebo říční vodě. (Wesley, 2014). S neustále přibývajícím nově popsánými druhy a měnící se schopností těchto organismů přizpůsobit se okolnímu prostředí došlo k dalším změnám ve výskytu těchto bakterií. Byl prokázán výskyt *Al. butzleri* a *Al. cryaerophilus* v mléce a mléčných výrobcích (Pianta *et al.*, 2007). Dále byly objeveny v zelenině, nejvíce v hlávkovém salátu ale i v mrkvi (Noto *et al.*, 2018). V současné době se *Arcobacter* spp. nejčastěji vyskytují v mořských živočiších, např. v mlžích, plžích, mušlích, škeblích nebo v hřebenatkách. S ohledem do minulosti lze pozorovat přechod výskytu *Arcobacter*-like bakterií od hospodářských zvířat, prasat, skotu, drůbeže přes vodu a potraviny konzumované lidmi jako jsou mléčné výrobky nebo zelenina, až k mořskému prostředí a živočichům, kteří žijí v mořských podmínkách (Zhang and Göltz, 2019).

### 4.2. Změny v patogenezi

Z *Arcobacter*-like species jsou *Al. butzleri*, *Al. cryaerophilus*, *Al. skirrowii* a *Al. thereius* považovány za lidské patogeny z nichž nejvýznamnější je *Al. butzleri*. V 90. letech 20. století bylo u *Al. butzleri*, *Al. cryaerophilus* a *Al. skirrowii* prokázáno, že způsobují průjem, bakteremii a enteritidu. Nedávno byl nahlášen případ, kdy *Al. butzleri* dokonce kolonizoval střevní mikrobiotu staršího pacienta, který trpěl imunodeficiencí a dalšími doprovodnými chorobami ale přitom nevykazoval žádné známky nebo příznaky infekční enteritidy. V současné době je možné že tyto patogeny mohou také způsobit extraintestinální onemocnění, přičemž léčba onemocnění způsobenými těmito bakteriemi je složitá kvůli jejich resistenci na některé druhy antibiotik, např. penicilin, cefoperazon, novobiocin, vancomycin a mnoho dalších (Chieffi *et al.*, 2020).

## 5. Závěr

Cílem této bakalářské práce bylo zaměřit se na změny v taxonomii *Arcobacter*-like species. První část shrnuje poznatky o bakteriálním rodu *Arcobacter* z historického pohledu a popisuje poznatky o čeledi *Campylobacteraceae*, kam byly dříve tyto bakterie zařazeny pro svoje velmi podobné vlastnosti s rodem *Campylobacter*. Další část je věnována čeledi *Arcobacteraceae*, jejímu vzniku, současné taxonomii a popisuje aktuální rody a druhy, které patří do této čeledi. Poslední část se zabývá změnami ve výskytu, izolaci a patogenezi, ke kterým došlo v posledních letech a jsou charakteristické po dnešní zástupce.

*Arcobacter*-like species dle nové taxonomie patří do domény *Bacteria*, kmenu *Campylobacterota*, třídy *Campylobacteria*, řádu *Campylobacterales* a čeledi *Arcobacteraceae*. Čeleď *Arcobacteraceae* aktuálně obsahuje 6 uznávaných rodů: *Arcobacter*, *Aliarcobacter*, *Pseudarcobacter*, *Halarcobacter*, *Malaciobacter* a *Poseidonibacter*. Každý z těchto rodů se vyznačuje specifickou charakteristikou a zahrnují jak bakterie původně patřící do rodu *Arcobacter*, čeledi *Campylobacteraceae*, tak i nově popsané druhy.

## 6. Použitá literatura

1. **Abeele AMVD., Vogelaers D., Vanlaere E., Houf K. [2016].** Antimicrobial susceptibility testing of *Arcobacter butzleri* and *Arcobacter cryaerophilus* strains isolated from Belgian patients. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 71 (5), s. 1241-1244, DOI: 10.1093/jac/dkv483.
2. **Alonso R., Girbau C., Martinez-Malaxetxebarria I., Pérez-Cataluña A., Salas-Massó N., Romalde JL., Figueras MJ., Fernandez-Astorga A. [2020].** *Aliarcobacter vitoriensis* sp. nov., isolated from carrot and urban wastewater. *Systematic and Applied Microbiology*. 42 (4), DOI: 10.1016/j.syapm.2020.126091.
3. **Amoozegar MA., Safarpour A., Noghabi KA., Bakhtiary T., Ventosa A. [2019].** Halophiles and their vast potential in biofuel production. *Frontiers in Microbiology*. 10, DOI: 10.3389/fmicb.2019.01895.
4. **Arias ML., Cid A., Femandéz H. [2011].** *Arcobacter butzleri*: first isolation report from chicken carcasses in Costa Rica. *Brazilian Journal of Microbiology*. 42 (2), s. 703-706, DOI: 10.1590/S1517-838220110002000036.
5. **Baek J., Jeong J., Kim JH., Sukhoom A., Kim W. [2020].** *Halarcobacter arenosus* sp. nov., isolated from marine sediment. *Archives of Microbiology*. 203, s. 817-822, DOI: 10.1007/s00203-020-02075-8.
6. **Barboza K., Cubillo Z., Castro E., Redondo-Solano M., Fernández-jaramillo H., Echandi MLA. [2017].** First isolation report of *Arcobacter cryaerophilus* from a human diarrhea sample in Costa Rica. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*. 59, DOI: 10.1590/S1678-9946201759072.
7. **Busse HJ. [2011].** 11 – Polyamines. *Methods in Microbiology*. 38, s. 239-259, DOI: 10.1016/B978-0-12-3.
8. **Collado L., Cleenwerck I., Van Trappen S., De Vos P., Figueras MJ. [2005].** *Arcobacter mytili* sp. nov., an indoxyl acetate-hydrolysis-negative bacterium isolated

from mussels. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 59 (6), s. 1391-1396, DOI: 10.1099/ijms.0.003749-0.

9. **Collado L., Figueras MJ. [2011].** Taxonomy, epidemiology, and clinical relevance of the genus *Arcobacter*. *Clinical Microbiology Reviews*. 24 (1), s. 174-192, DOI: 10.1128/CMR.00034-10.
10. **Collado L., Levican A., Perez J., Figueras MJ. [2011].** *Arcobacter defluvii* sp. nov., isolated from sewage samples. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 61 (9), s. 2155-2161, DOI: 10.1099/ijms.0.025668.
11. **Costa D., Iraola G. [2019].** Pathogenomics of emerging *Campylobacter* species. *Clinical Microbiology Reviews*. 32 (4), DOI: 10.1128/CMR.00072-18.
12. **Diéguez AL., Balboa S., Magnesen T., Romalde JL. [2017].** *Arcobacter lekithochrous* sp. nov., isolated from a molluscan hatchery. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 67 (5), s. 1327-1332, DOI: 10.1099/ijsem.0.001809.
13. **Donachie SP., Bowman JP., On SLW., Alam M. [2005].** *Arcobacter halophilus* sp. nov., the first obligate halophile in the genus *Arcobacter*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 55 (3), s. 1271-1277, DOI: 10.1099/ijms.0.63581-0.
14. **Donnison MA., Ross MC. [2014].** MICROBIOLOGICAL SAFETY OF MEAT – Thermotolerant *Campylobacter*. *Encyclopedia of Meat Sciences (Second Edition)*. s. 382-388, DOI: 10.1016/B978-0-12-384731-7.00038-6.
15. **Doudiah L., Zutter L., Baré J., Vos PD., Vandamme P., Vandenberg O., Abeele AMVD., Houf K. [2012].** Occurrence of putative virulence genes in *Arcobacter* species isolated from humans and animals. *Journal of Clinical Microbiology*. 50 (3), s. 735-741, DOI: 10.1128/JCM.05872-11.

16. Ellis WA., Neill SD., O'Brien JJ., Ferguson HW., Hanna J. [1977]. Isolation of *Spirillum/Vibrio*-like organisms from bovine fetuses. *Veterinary Record*. 100 (21), s. 451-452, DOI: 10.1136/vr.100.21.451.
17. Epps VRS., Harvey BR., Hume EM., Phillips DT., Anderson CR., Nisbet JD. [2013]. Foodborne *Campylobacter*: infections, metabolism, pathogenesis and reservoirs. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 10 (12), DOI: 10.3390/ijerph10126292.
18. Fernández H., Jaramillo A. [2016]. *Arcobacter butzleri*. *Revista Chilena de Infectología*. 33 (6), s. 663-664, DOI: 10.4067/S0716-10182016000600008.
19. Ferreira S., Queiroz JA., Oleastro M., Domingues FC. [2014]. Genotypic and phenotypic features of *Arcobacter butzleri* pathogenicity. *Microbial Pathogenesis*. 76, s. 19-25, DOI: 10.1016/j.micpath.2014.09.004.
20. Ferreira S., Queiroz JA., Oleastro M., Dominques FC. [2015]. Insights in the pathogenesis and resistance of *Arcobacter*. *Critical Reviews in Microbiology*. 42 (3), s. 364-383, DOI: 10.3109/1040841X.2014.954523.
21. Figueras MJ., Levican A., Collado L., Inza MI., Yustes C. [2011]. *Arcobacter ellisii* sp. nov., isolated from mussels. *Systematic and Applied Microbiology*. 34 (6), s. 414-418, DOI: 10.1016/j.syapm.2011.04.004.
22. Figueras MJ., Collado L., Levican A., Perez J., Solsona MJ., Yustes C. [2011]. *Arcobacter molluscorum* sp. nov., a new species isolated from shellfish. *Systematic and Applied Microbiology*. 34 (2), s. 105-109, DOI: 10.1016/j.syapm.2010.10.001.
23. Gill CO., Youssef MK. [2014]. MICROBIAL SAFETY OF MEAT – Emerging pathogens. *Encyclopedia of Meat Sciences (Second Edition)*. s. 340-344, DOI: 10.1016/B978-0-12-384731-7.00047-7.

- 24. Goris T., Diekert G. [2016].** The genus *Sulfurospirillum*. Organohalide–respiring bacteria. s. 209-234, ISBN: 978-3-662-49875-0.
- 25. Gunther NW., Chen CY. [2009].** The biofilm forming potential of bacterial species in the genus *Campylobacter*. Food Microbiology. 26 (1), s. 44-51, DOI: 10.1016/j.fm.2008.07.012.
- 26. Guo XH., Wang N., Yuan XX., Zhang XY., Chen XL., Zhang YZ., Song XY. [2019].** *Poseidonibacter antarcticus* sp. nov., isolated from Antarctic intertidal sediment. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 69 (9), s. 2717-2722, DOI: 10.1099/ijsem.0.003539.
- 27. Houf K., On SLW., Coenye T., Mast J., Van Hoof J., Vandamme P. [2005].** *Arcobacter cibarius* sp. nov., isolated from broiler carcasses. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 55 (2), s. 713-717, DOI: 10.1099/ijms.0.63103-0.
- 28. Houf K., Stephan R. [2007].** Isolation and characterization of the emerging foodborn pathogen *Arcobacter* from human stool. Journal of Microbiological Methods. 68 (2), s. 408-413, DOI: 10.1016/j.mimet.2006.09.020.
- 29. Houf K., On SLW., Coenye T., Debruyne L., Smet SD., Vandamme P. [2009].** *Arcobacter thereius* sp. nov., isolated from pigs and ducks. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 59 (10), s. 2599-2604, DOI: 10.1099/ijms.0.006650-0.
- 30. Chieffi D., Fanelli F., Fusco V. [2020].** *Arcobacter butzleri*: Up-to-date taxonomy, ecology, and pathogenicity of an emerging pathogen. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety. 19 (4), s. 2071-2109, DOI: 10.1111/1541-4337.12577.
- 31. Igwaran A., Okoh IA. [2019].** Human campylobacteriosis: A public health concern of global importance. Heliyon. 5 (11), DOI: 10.1016/j.heliyon. 2019.e02814.



- 32. Khan IUH., Becker A., Cloutier M., Plötz M., Lapen DR., Wilkes G., Topp E., Abdulmawjood A. [2020].** Loop-mediated isothermal amplification: development, validation and application of simple and rapid assays for quantitative detection of species of *Arcobacteraceae* family- and species-specific *Aliarcobacter faecis* and *Aliarcobacter lanthieri*. *Journal of Applied Microbiology*. ISSN 1364-5072.
- 33. Jiménez-Guerra G., Moreno-Torres IC., Moldovan TD., Navarro-Mari JM., Gutiérrez-Fernández J. [2020].** *Arcobacter butzleri* and intestinal colonization. *Revista Española Quimioterapia*. 33 (1), s. 73-75, DOI: 10.37201/req/060.2019.
- 34. Kim HM., Hwang CY., Cho BC. [2010].** *Arcobacter marinus* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 60 (3), s. 531-536, DOI: 10.1099/ijs.0.007740-0.
- 35. Kim MJ., Baek MG., Shin SK., Yi H. [2021].** *Poseidonibacter parvus* sp. nov., isolated from a squid. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 71 (1), DOI: 10.1099/ijsem.0.004590.
- 36. Kovalenko K., Roasto M., Liepinš E., Mäesaar M., Hörman A. [2013].** High occurrence of *Campylobacter* spp. in Latvian broiler chicken production. *Food Control*. 29 (1), s. 188-191, DOI: 10.1016/j.foodcont.2012.06.022.
- 37. Kreling V., Falcone FH., Kehrenberg C., Hensel A. [2020].** *Campylobacter* sp.: Pathogenicity factors and prevention methods- new molecular targets for innovative antivirulence drugs? *Applied Microbiology and Biotechnology*. 104, s. 10409-10436, DOI: 10.1007/s00253-020-10974-5.
- 38. Kruse S., Goris T., Westermann M., Adrian L., Diekert G. [2018].** Hydrogen production by *Sulfurospirillum* species enables syntrophic interactions of *Epsilonproteobacteria*. *Nature Communicational*. 4872, DOI: 10.1038/s41467-018-07342-3.

- 39. Laishram M., Rathlavath S., Lekshmi M., Kumar S., Nayak BB. [2016].** Isolation and characterization of *Arcobacter* spp. from fresh seafood and the aquatic environment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 232, s. 87-89, DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2016.05.018.
- 40. Lastovica JA., On WLS., Zhang L. [2014].** The Family *Campylobacteraceae*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg. 23, s. 307-335, ISBN: 978-3-642-39043-2.
- 41. Levican A., Collado L., Aguilar C., Yustes C., Diéguez AL., Romalde JL., Figueras MJ. [2012].** *Arcobacter bivalviorum* sp. nov. and *Arcobacter venerupis* sp. nov., new species isolated from shellfish. *Systematic and Applied Microbiology*. 35 (3), s. 133-138, DOI: 10.1016/j.syapm.2012.01.002.
- 42. Levican A., Collado L., Figueras MJ. [2013].** *Arcobacter cloacae* sp. nov. and *Arcobacter suis* sp. nov., two new species isolated from food and sewage. *Systematic and Applied Microbiology*. 36 (1), s. 22-27, DOI: 10.1016/j.syapm.2012.11.003.
- 43. Levican A., Rubio-Arcos S., Martinez-Murcia A., Collado L., Figueras MJ. [2015].** *Arcobacter ebronensis* sp. nov. and *Arcobacter aquimarinus* sp. nov., two new species isolated from marine environment. *Systematic and Applied Microbiology*. 38 (1), s. 30-35, DOI: 10.1016/j.syapm.2014.10.011.
- 44. Miller WG., Yee E., Bono JL. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter ellisii* type strain LMG 26155. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (16), DOI: 10.1128/MRA.01268-18.
- 45. Miller WG., Yee E., Bono JL. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter mytili* type strain LMG 24559. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (11), DOI: 10.1128/MRA.01078-18.
- 46. Miller WG., Yee E., Bono JL. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter bivalviorum* type strain LMG 26154. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (12), DOI: 10.1128/MRA.01076-18.

47. **Miller WG., Yee E. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter trophiarum* type strain LMG 25534. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (13), DOI: 10.1128/MRA.01110-18.
48. **Miller WG., Yee E. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter skirrowii* type strain LMG 6621. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (17), DOI: 10.1128/MRA.01308-18.
49. **Miller WG., Yee E., Bono JL. [2018].** Complete genome sequence of the *Arcobacter molluscorum* type strain LMG 25693. *Microbiology Resource Announcements*. 7 (16), DOI: 10.1128/MRA.01293-18.
50. **Mizutani Y., Lehata S., Mori T., Oh R., Fukuzaki S., Tanaka R. [2019].** Diversity, enumeration, and isolation of *Arcobacter* spp. in the giant abalone, *Haliotis gigantea*. *Microbiology Open*. 8 (10), DOI: 10.1002/mbo3.890.
51. **Müller E., Abdel-Gill MY., Hotzel H., Hänel I., Tomaso H. [2020].** *Aliarcobacter butzleri* from water poultry: Insights into antimicrobial resistance, virulence and heavy metal resistance. *Genes (Basel)*. 11 (9), DOI: 10.3390/genes11091104.
52. **Müller E., Hotzel H., Ahlers CH., Hänel I., Tomaso H., Abdel-Gill MY. [2020].** Genomic analysis and antimicrobial resistance of *Aliarcobacter cryaerophilus* strains from german water poultry. *Frontiers in Microbiology*. 11, DOI: 10.3389/fmicb.2020.01549.
53. **Neill SD., Ellis WA., OBrien JJ. [1979].** Designation of aerotolerant *Campylobacter*-like organisms from porcine and bovine abortions to the genus *Campylobacter*. *Research in Veterinary Science*. 27, s. 180-186, DOI: 10.1016/s0034-5288(18)32825-x.
54. **Nisar M., Ahmad MUD., Mushtag HM., Shehzad W., Hussain A., Nasar M., Nagaraja VK., Goyal MS. [2018].** Occurrence of *Campylobacter* in retail meat in Lahore, Pakistan. *Acta Tropica*. 185, s. 42-45, DOI: 10.1016/j.actatropica.2018.04.030.

- 55. Noto AMD., Sciortino S., Cardamone C., Ciravolo C., Napoli C., Alio V., Arculeo P., Oliveri G., Costa A. [2018].** Detection of *Arcobacter* spp. in food products collected from Sicilia region: A preliminary study. Italian Journal of Food Safety. 7 (2), DOI: 10.4081/ijfs.2018.7171.
- 56. On SLW., Althaus D., Miller WG., Lizamore D., Wong SGL., Mathai AJ., Chelikani V., Carter GP. [2019].** *Arcobacter cryaerophilus* isolated from New Zealand mussels harbor a putative virulence plasmid. Frontiers in Microbiology. 10, DOI: 10.3389/fmicb.2019.01802.
- 57. On SLW., Miller WG., Biggs PJ., Cornelius AJ., Vandamme P. [2020].** A critical rebuttal of the proposed division of the genus *Arcobacter* into six genera using comparative genomic, phylogenetic, and phenotypic criteria. Systematic and Applied Microbiology. 43 (5), DOI: 10.1016/j.syapm.2020.126108.
- 58. Otigbu AC., Clarke AM., Fri J., Akanbi EO., Njom HA. [2018].** Antibiotic sensitivity profiling and virulence potential of *Campylobacter jejuni* from estuarine water in the eastern Cape Province, South Africa. International Journal of Environmental Research and Public Health. 15 (5), DOI: 10.3390/ijerph15050925.
- 59. Park S., Jung YT., Kim S., Yoon JH. [2016].** *Arcobacter acticola* sp. nov., isolated from seawater on the East Sea in South Korea. Journal of Microbiology. 54, s. 655-659, DOI: 10.1007/s12275-016-6268.
- 60. Pati A., Gronow S., Lapidus A., Copeland A., Glavina DRT., Nolan M., Lucas S., Tice H., Cheng JF., Han C., Chertkov O., Bruce D., Tapia R., Goodwin L., Pitluck S., Liolios K., Ivanova N., Mavromatis K., Chen A., Palaniappan K., Land M., Hauser L., Chang YJ., Jeffries CD., Detter JC., Rohde M., Göker M., Bristow J., Eisen JA., Markowitz V., Hugenholtz P., Klenk HP., Kyrpides NC. [2010].** Complete genome sequence of *Arcobacter nitrofigilis* type strain (CI). Standards in Genomic Sciences. 2 (3), s. 300-308, DOI: 10.4056/sigs.912121.
- 61. Pérez-Cataluña A., Salas-Masso N., Diéguez AL., Balboa S., Lema A. Romalde JL., Figueras MJ. [2019a].** Corrigendum (2): Revisiting the taxonomy of the genus

*Arcobacter*; Getting order from the chaos. *Frontiers in Microbiology*. 10, DOI: 10.3389/fmicb.2019.02253.

62. Pérez-Cataluña A., Salas-Massó N., Diéguez AL., Balboa S., Lema A., Romalde JL., Figueras MJ. [2018a]. Revisiting the taxonomy of the genus *Arcobacter*: Getting order from the chaos. *Frontiers in Microbiology*. 9, DOI: 10.3389/fmicb.2018.02077.
63. Pérez-Cataluña A., Salas-Massó N., Figueras MJ. [2018b]. *Arcobacter canalis* sp. nov., isolated from a water canal contaminated with urban sewage. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 68 (4), s. 1258-1264, DOI: 10.1099/ijsem.0.002662.
64. Pérez-Cataluña A., Salas-Massó N., Figueras MJ. [2019b]. *Arcobacter lacus* sp. nov. and *Arcobacter caeni* sp. nov., two novel species isolated from reclaimed water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 69 (11), s. 3326-3331, DOI: 10.1099/ijsem.0.003101.
65. Pianta C., Passos DT., Hepp D., Oliveira SJD. [2007]. Isolation of *Arcobacter* spp. from the milk of dairy cows in Brazil. *Ciência Rural*. 37 (1), s. 171-174, ISSN 0103-8478.
66. Ramees TP., Dhama K., Karthik K., Rathore RS., Kumar A., Saminathan M., Tiwari R., Malik YS., Singh RK. [2017]. *Arcobacter*: an emerging food-borne zoonotic pathogen, its public health concern and advances in diagnosis and control-a comprehensive review. *Veterinary Quarterly*. 37 (1), s. 136-161, DOI: 10.1080/01652176.2017.1323355.
67. Reddy S., Zishiri OT. [2018]. Genetic characterisation of virulence genes associated with adherence, invasion and cytotoxicity in *Campylobacter* spp. isolated from commercial chickens and human clinical cases. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*. 85 (1), DOI: 10.4102/ojvr.v85i1.1507.

- 68. Roalkvam I., Drønen K., Stokke R., Daae FL., Dahle H., Steen IH. [2015].** Physiological and genomic characterization of *Arcobacter anaerophilus* IR-1 reveals new metabolic features in *Epsilonproteobacteria*. *Frontiers in Microbiology*. 6, DOI: 10.3389/fmicb.2015.00987.
- 69. Rovetto F., Carlier A., Abeele AMVD., Illegheems K., Van Nieuwerburgh F., Cocolin L. [2017].** Characterization of the emerging zoonotic pathogen *Arcobacter thereius* by whole genome sequencing and comparative genomics. *PLoS ONE*. 12 (7), s. 180-493, DOI: 10.1371/journal.pone.0180493.
- 70. Salas-Massó N., Andree KB., Furones MD., Figueras MJ. [2016].** Enhanced recovery of *Arcobacter* spp. using NaCl in culture media and re-assessment of the traits of *Arcobacter marinus* and *Arcobacter halophilus* isolated from marine water and shellfish. *Science of The Total Environment*. 566-567 (1), s. 1355-1361, DOI: 10.1016/j.scitotenv.2016.05.197.
- 71. Sasi JTS., Rahul K., Ramaprasad EVV., Sasikala C., Ramana CV. [2013].** *Arcobacter anaerophilus* sp. nov., isolated from an estuarine sediment and emended description of the genus *Arcobacter*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 63 (12), s. 4619-4625, DOI: 10.1099/ijms.0.054155-0.
- 72. Score J., Phillips AC. [2015].** Chapter 12 – *Arcobacter* species: An emerged or emerging pathogen? *Food Safety*. s. 235-263, DOI: 10.1016/B978-0-12-800245-2.00012-5.
- 73. Sekhar MS., Tumati SR., Chinnam BK., Kothapalli VS., Sharif NM. [2017].** Virulence gene profiles of *Arcobacter* species isolated from animals, foods of animal origin, and humans in Andhra Pradesh, India. *Veterinary World*. 10 (6), s. 716-720, DOI: 10.14202/vetworld.2017.716-720.
- 74. Simmons J., Gibson S. [2012].** Chapter 2 – Bacterial and mycotic diseases of nonhuman primates. *American College of Laboratory Animal Medicine*. s. 105-172, DOI: 10.1016/B978-0-12-381366-4.00002-X.

- 75. Smet SD., Vandamme P., Zutter LD., On SLW., Doudah L., Houf K. [2011].** *Arcobacter trophiarum* sp. nov., isolated from fattening pigs. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 61 (2), s. 356-361, DOI: 10.1099/ijs.0.022665-0.
- 76. Snelling W., Matsuda, M., Moore, J., Dooley, J. [2006].** Under the microscope: *Arcobacter*. Letters in Applied Microbiology. 42, s. 7-14, DOI: 10.1111/j.1472-765X.2005.01841.x.
- 77. Sulaeman S., Le Bihan G., Rossero A., Federighi M., Dé E., Tresse O. [2010].** Comparison between the biofilm initiation of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* strains to an inert surface using BioFilm Ring Test. Journal of Applied Microbiology. 108 (4), s. 1303-1312, DOI: 10.1111/j.1365-2672.2009.04534.x.
- 78. Šilha D., Pejchalová M., Šilhová L. [2017].** Susceptibility to 18 drugs and multidrug resistance of *Arcobacter* isolates from different sources within the Czech Republic. Journal of Global Antimicrobial Resistance. 9, s. 74-77, DOI: 10.1016/j.jgar.2017.01.006.
- 79. Tanaka R., Cleenwerck I., Mizutani Y., Lehata S., Bossier P., Vandamme P. [2017].** *Arcobacter haliotis* sp. nov., isolated from abalone species *Haliotis gigantea*. International Journal of Systematic Microbiology. 67 (8), s. 3050-3056, DOI: 10.1099/ijsem.0.002080.
- 80. Vandamme P., Vancanneyt M., Pot B., Mels L., Hoste B., Dewettinck D., Vlaes L., van den Borre C., Higgins R., Hommez J. [1992].** Polyphasic taxonomic study of the emended genus *Arcobacter* with *Arcobacter butzleri* comb. and *Arcobacter skirrowii* sp. nov., an aerotolerant bacterium isolated from veterinary specimens. International Journal of Systematic Bacteriology. 42 (3), s. 344-356, DOI: 10.1099/00207713-42-3-344.

- 81. Vandamme P., De Ley J. [1991].** Proposal for a new family, *Campylobacteraceae*. International Journal of Systematic Bacteriology. 41 (3), s. 451-455, DOI: 10.1099/00207713-41-3-451.
- 82. Vasiljevic M., Fenwick AJ., Nematollahi S., Gundareddy VP., Romagnoli M., Zenilman J., Carroll KC. [2019].** First case report of human bacteremia with *Malacobacter (Arcobacter) mytili*. Open Forum Infectious Diseases. 6 (7), DOI: 10.1093/ofid/ofz319.
- 83. Waite DW., Vanwonderghem I., Rinke C., Parks DH., Zhang Y., Takai K., Sievert SM., Simon J., Campbell BJ., Hanson TE., Woyke T., Klotz MG., Hugenholtz P. [2017].** Comparative genomic analysis of the class *Epsilonproteobacteria* and proposed reclassification to *Epsilonbacteraeota* (phyl. nov.). Frontiers in Microbiology. 8, DOI: 10.3389/fmicb.2017.00682.
- 84. Wesley IV. [2014].** *Arcobacter*. Encyclopedia of food Microbiology (Second Edition). s. 61-68. DOI: 10.1016/B978-0-12-384730-0.00008-2.
- 85. Whiteduck-Léveillé K., Whiteduck-Léveillé J., Cloutier M., Tambong JT., Xu R., Topp E., Arts MT., Chao J., Adam Z., Lévesque CA., Lapen DR., Villemur R., Talbot G., Khan IUH. [2015].** *Arcobacter lanthieri* sp. nov., isolated from pig and dairy cattle manure. International Journal of Systematic Evolutionary Microbiol. 65 (8), s. 2709-2716, DOI: 10.1099/ijms.0.000318.
- 86. Whiteduck-Léveillé K., Whiteduck-Léveillé J., Cloutier M., Tambong JT., Xu R., Topp E., Arts MT., Chao J., Adam Z., Lévesque CA., Lapen DR., Villemur R., Talbot G., Khan IUH. [2016].** Identification, characterization and description of *Arcobacter faecis* sp. nov., isolated from a human waste septic tank. Systematic and Applied Microbiology. 39 (2), s. 93-99, DOI: 10.1016/j.syapm.2015.12.002.
- 87. Wiczorek K., Wolkowicz T., Osek J. [2018].** Antimicrobial resistance and virulence-associated traits of *Campylobacter jejuni* isolated from poultry food chain and humans with diarrhea. Frontiers in Microbiology. 9, DOI: 10.3389/fmicb.2018.01508.



- 88. Wybo I., Breynaert J., Lauwers S. [2004].** Isolation of *Arcobacter skirrowii* from a patient with chronic diarrhea. *Journal of Clinical Microbiology*. 42 (4), s. 1851-1852, DOI: 10.1128/JCM.42.4.1851-1852.2004.
- 89. Zambri M., Cloutier M., Adam Z., Lapen DR., Wilkes G., Sunohara M., Topp E., Talbot G., Khan IUH. [2019].** Novel virulence, antibiotic resistance and toxin gene-specific PCR-based assays for rapid pathogenicity assessment of *Arcobacter faecis* and *Arcobacter lanthieri*. *BMC Microbiology*. 19 (11), s. 2-15, DOI: 10.1186/s12866-018-1357-7.
- 90. Zendeabad B., Arian A., Alipour A. [2013].** Identification and antimicrobial resistance of *Campylobacter* species isolated from poultry meat in Khorasan province, Iran. *Food Control*. 32 (2), s. 724-727, DOI: 10.1016/j.foodcont.2013.01.035.
- 91. Zhang X., Alter T., Gözl G. [2019].** Characterization of *Arcobacter* spp. isolated from retail seafood in Germany. *Food Microbiology*. 82, s. 254-258, DOI: 10.1016/j.fm.2019.02.010.
- 92. Zhang Z., Yu C., Wang X., Yu S., Zhang XH. [2016].** *Arcobacter pacificus* sp. nov., isolated from seawater of the South Pacific Gyre. *International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology*. 66 (2), s. 542-547, DOI: 10.1099/ijsem.0.000751.