

© М.В. Кузнецова, Ю.С. Гизатуллина, 2019

УДК: 579.61

М.В. Кузнецова, Ю.С. Гизатуллина

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ СВОЙСТВА УРОПАТОГЕННЫХ ШТАММОВ *ESCHERICHIA COLI*

Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал ПФИЦ УрО РАН, Пермь, Россия

Представлен обзор имеющихся в научной литературе материалов, касающихся филогенетического разнообразия и факторов вирулентности уропатогенных *Escherichia coli* (UPEC). Последние составляют до 90% бактериальных культур при неосложненных инфекциях мочевыводящих путей (ИМВП) у амбулаторных пациентов и около 50% – у людей, находящихся на стационарном лечении. Предпринята попытка проанализировать роль и частоту встречаемости ряда факторов, которые повышают адаптацию бактерий к условиям мочевыводящего тракта и обуславливают их персистенцию и инвазию. Разнообразие данных по набору и частоте встречаемости факторов патогенности среди UPEC подтвердило гипотезу, что наличия отдельного гена или даже кластера генов, кодирующих один фактор вирулентности, недостаточно, чтобы бактерии могли вызвать заболевание. Обсуждаются работы, показывающие возможность существования различных патотипов UPEC, а также приведены исследования гибридных, UPEC/диареогенных, штаммов. Акцентируется внимание на том, что комплекс генов вирулентности, в том числе в составе островков патогенности, в большей степени характерен для представителей определенных филогенетических групп (B2 и D). Авторы приходят к заключению, что для лучшего понимания биологической основы ИМВП требуются новые знания о филогенезе, факторах вирулентности и персистенции UPEC, а также о паттернах хозяина, способствующих его восприимчивости к различным патотипам этих бактерий.

Ключевые слова: уропатогенные *Escherichia coli* (UPEC), филогенетические группы, факторы патогенности, патотипы.

M.V. Kuznetsova, J.S. Gizatullina

PHYLOGENETIC DIVERSITY AND BIOLOGICAL PROPERTIES OF UROPATHOGENIC *ESCHERICHIA COLI* STRAINS

Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UB RAS – branch of PFRC UB RAS, Perm, Russia

A review of the literature available on the phylogenetic diversity and virulence factors of uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC) is presented. The latter constitute up to 90% of the bacterial cultures in uncomplicated urinary tract infections (UTIs) in ambulatory patients and about 50% in people in hospital. An attempt has been made to analyze the role and frequency of occurrence of a number of factors that increase the adaptation of bacteria to the conditions of the urinary tract and determine their persistence and invasion. The diversity of data on the set and frequency of occurrence of pathogenicity factors among UPEC has confirmed the hypothesis that the presence of a single gene or even a cluster of genes encoding one virulence factor is not enough for bacteria to cause disease. The paper discusses the possibility of the existence of various UPEC pathotypes, as well as studies of hybrid, UPEC/diarrheagenic strains. Attention is drawn to the fact that the complex of virulence genes, including in the composition of pathogenicity islands, is more characteristic of representatives of certain phylogenetic groups (B2 and D). The authors conclude that, for a better understanding of the biological basis of UTI, new

knowledge is required on the phylogenesis, virulence and persistence factors of UPEC, as well as on host patterns that contribute to its susceptibility to various pathotypes of these bacteria.

Key words: uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC), phylogenetic groups, pathogenicity factors, pathotypes.