

## МОДЕЛИ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ САЛЬМОНЕЛЛ

**А.М. Мендыбаева**, магистр ветеринарных наук, докторант

**Р.М. Рышанова**, доктор PhD, асс. профессор

**Р.О. Сеилханова**, магистрант

*Костанайский региональный университет им. А. Байтурсынова*

E-mail: jks1992@mail.ru

**Ключевые слова:** антибиотикорезистентность, *Salmonella*, продукты животного происхождения, множественная лекарственная устойчивость, паттерны резистентности.

Реферат. Устойчивость к противомикробным препаратам является глобальной проблемой не только ветеринарии, но и общественного здравоохранения. Особые опасения вызывают резистентные микроорганизмы, передающиеся через пищевую цепь. Сальмонеллы являются основными возбудителями пищевых инфекций зоонозного происхождения. Настоящее исследование направлено на изучение антибиотикорезистентности бактерий рода *Salmonella*, выделенных на территории Северного региона Казахстана. Всего было выделено и идентифицировано 137 изолятов сальмонелл, среди которых преобладали серотипы *S. enteritidis* (52,55 %) и *S. typhimurium* (22,63 %). Из них 110 изолятов сальмонелл проявляли устойчивость к антибактериальным препаратам, причём 70 % были резистентны к фурадонину (77/110), 65,5 % к тетрациклину (72/110), 52,7 % – к налидиксовой кислоте (58/110). Все изучаемые изоляты были чувствительны к гентамицину. Изоляты сальмонелл обладали высоким уровнем устойчивости к препаратам группы нитрофуранов, являющихся критически важными препаратами по данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ). Изоляты сальмонелл проявляли множественную резистентность. Большинство сальмонелл были резистентны к 3 и 4 группам антибактериальных препаратов, где наиболее частой моделью антибиотикорезистентности была модель «тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны». Среди выделенных изолятов обнаружено 12 изолятов, обладающих экстремальным уровнем резистентности к антибактериальным препаратам.

*Salmonella* относится к роду граммотрицательных палочек семейства Enterobacteriaceae, и в пределах двух видов – *Salmonella bongori* и *Salmonella enterica* на сегодняшний день идентифицировано более 2600 серотипов [1].

Сальмонеллез широко распространен во многих странах мира и занимает значительный удельный вес среди инфекционных болезней. Заболевание представляет собой большую ветеринарную и медицинскую проблему в связи с опасностью заражения человека от больных животных и через пищевую цепь. По данным референс-центра по сальмонеллезам и глобального десятилетнего мониторинга ВОЗ за пищевыми инфекциями, 47 % вспышек инфекций в мире относится к сальмонеллезам [2, 3].

Широкое применение антибактериальных препаратов для лечения и профилактики инфекционных заболеваний, а также в качестве стимуляторов роста в системе интенсивного животноводства посредством естественного отбора привело к распространению устойчивых микроорганизмов [4]. Устойчивые к антибактериальным препаратам микроорганизмы могут передаваться человеку через окружающую среду, при прямом контакте, а самое главное, через продукты животного и растительного происхождения [5].

Целью исследований явилось изучение моделей антибиотикорезистентности сальмонелл, циркулирующих на территории Костанайской области.

Исследования проводились на базе Научно-исследовательского института прикладной биотехнологии Костанайского регионального университета им. А. Байтурсынова.

В период с 2018 по 2020 г. было отобрано 2890 образцов патологического материала от животных и птицы, продукции животного происхождения в точках розничной торговли Костанайской области.

*Микробиологический анализ.* Выделение и идентификация сальмонелл проводились согласно методическим указаниям «Лабораторная диагностика сальмонеллезов, обнаружение сальмонелл в пищевых продуктах и объектах окружающей среды» [6].

Выделение бактерий проводили с использованием жидких селективных сред предварительного обогащения и посева на плотные дифференциально-диагностические среды. Учет характерных колоний проводили после 24-часовой инкубации при температуре +37 °С или при необходимости после 48 ч. Типичные колонии отсеивали для дальнейшей биохимической идентификации и серотипирования.

*Серотипирование.* Серотипирование сальмонелл проводили согласно схеме Кауфмана-Уайта методом агглютинации на предметном стекле с использованием О- и Н-антигенных сывороток [6].

*Секвенирование по Сэнгеру.* Для подтверждения таксономического положения выделенных изолятов сальмонелл проводили секвенирование по методу Сэнгера. В качестве генетического маркера был использован участок гена 16S рНК. В работе применялась пара универсальных праймеров: 8F(5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') [7] и 806R(5'-GGACTACCAGGGTATCTAAT-3') [8].

Идентифицированные изоляты сальмонелл тестировали на чувствительность к антибактериальным препаратам.

*Определение чувствительности к антибактериальным препаратам.* Тестирование чувствительности к антибиотикам проводили диско-диффузным методом [9] по Кирби-Бауэру. В тестировании использовали 15 дисков с антибактериальными препаратами следующих фармакологических групп: β-лактамы (ампициллин – 10 мкг; амоксициллин – 25 мкг; цефоперазон – 75 мкг; цефокситин – 30 мкг; цефподоксим – 10 мкг), аминогликозиды (стрептомицин – 10 мкг; канамицин – 30 мкг; неомицин – 30 мкг; гентамицин – 120 мкг), амфениколы (левомецетин – 30 мкг), тетрациклины (тетрациклин – 30 мкг; доксициклин – 30 мкг), фторхинолоны (энрофлоксацин – 5 мкг; ципрофлоксацин – 5 мкг; норфлоксацин – 10 мкг; офлоксацин – 5 мкг), хинолоны (налидиксовая кислота – 30 мкг), сульфаниламиды (сульфаметокзол с триметопримом – 1,25/23,75 мкг), нитрофураны (фуразолидон – 300 мкг; фурадонин – 300 мкг).

Изоляты были классифицированы как устойчивые (R), чувствительные (S) и промежуточные (I) согласно рекомендациям EUCAST [10], CLSI [11] и МУК 4.2.1890 «Определение чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам» [9] в зависимости от антибиотика и его концентрации. В качестве контроля использовался эталонный штамм *S. enteritidis* TA 98 РКМ (согласно паспорту, штамм резистентен к ампициллину). Изоляты, устойчивые к трем и более классам антибактериальных препаратов, считали полирезистентными.

Статистическая обработка данных проводилась с помощью пакета MS Excel.

Всего за период с 2018 по 2020 г. было исследовано 137 изолятов сальмонелл (табл. 1), выделенных из продуктов животного происхождения и патологического материала. Выделенные изоляты были охарактеризованы методами биохимической идентификации и серотипированием. Таксономическое положение изолятов подтверждено секвенированием по Сэнгеру.

Преобладающее количество сальмонелл принадлежало к подвиду *Enterica*, серогруппе D, серотипу *enteritidis* – 52,55 %; 22,63 % изолятов относились к подвиду *Enterica*, серогруппе A, серотипу *typhymurium*. По некоторым данным [12–14], серовары *enteritidis* и *typhymurium* являются основными возбудителями зоонозного сальмонеллеза, поражающими людей. Остальные серотипы выделялись намного реже: *S. paratyphi C* – 5,11 %, *S. dublin* – 4,38, *S. cholerae suis* –

3,65, *S. abortus equi* – 3,65, *S. blegdam* – 2,92, *S. derby* – 2,19 %. Серотипы *S. tennessee*, *S. moscow* и *S. IIIc4p* составили менее 1 % выделенных изолятов (0,73 %).

По результатам тестирования антибиотикорезистентности, из 137 выделенных изолятов сальмонелл 110 были резистентны к одному и более антибактериальному препарату, 27 изолятов были чувствительны ко всем исследуемым группам антибиотиков.

Таблица 1

Количество выделенных изолятов сальмонелл по годам

Серотип	2018 г.	2019 г.	2020 г.	Всего	Среднее ± SD	%
<i>S. enteritidis</i>	23	31	18	72	24,00±6,56	52,55
<i>S. typhimurium</i>	18	2	11	31	10,33±8,02	22,63
<i>S. dublin</i>	2		4	6	2,00±2,00	4,38
<i>S. cholerae suis</i>	5			5	1,66±2,89	3,65
<i>S. abortus equi</i>	5			5	1,66±2,89	3,65
<i>S. IIIc4p</i>		1		1	0,33±0,58	0,73
<i>S. paratyphi C</i>		4	3	7	2,33±2,08	5,11
<i>S. tshiongwe</i>		1		1	0,33±0,58	0,73
<i>S. blegdam</i>		2	2	4	1,33±1,15	2,92
<i>S. derby</i>		1	2	3	1,00± 1,00	2,19
<i>S. tennessee</i>		1		1	0,33±0,58	0,73
<i>S. moscow</i>		1		1	0,33±0,58	0,73
Всего	53	44	40	137		100

Таблица 2

Устойчивость изолятов сальмонелл к антибактериальным препаратам

Группа антибактериальных препаратов	Препарат	Количество изолятов сальмонелл, устойчивых к АБП
Аминогликозиды	Стрептомицин	12
	Канамицин	5
	Неомицин	4
	Гентамицин	0
β-лактамы	Ампициллин	16
	Амоксициллин	14
	Цефоперазон	12
	Цефокситин	17
	Цефподоксим	25
Амфениколы	Левомецетин	6
Тетрациклины	Тетрациклин	72
	Доксициклин	40
Фторхинолоны	Энрофлоксацин	27
	Ципрофлоксацин	14
	Норфлоксацин	15
	Офлоксацин	34
Хинолоны	Налидиксовая кислота	58
Сульфаниламиды	Сульфаметокзол с триметопримом	10
Нитрофураны	Фуразолидон	49
	Фурадонин	77

Как показано в табл. 2, наибольшее количество изолятов сальмонелл были резистентны к фурадонину (77/110, 70 %), тетрациклину (72/110, 65,6 %), налидиксовой кислоте (58/110, 52,7 %), а также к фуразолидону (49/110, 44,5 %), доксициклину (40/110, 36,4 %), офлоксацину (34/110, 30,9 %), энрофлоксацину (27/110, 24,5 %), цефподоксиму (25/110, 22,7 %), цефокситину (17/110, 15,5 %), ампициллину (16/110, 14,5 %), норфлоксацину (15/110, 13,6 %). Показатель устойчивости к остальным антибиотикам был  $\leq 10$  %. Все изучаемые изоляты были чувствительны к гентамицину.

Настоящие исследования показали наличие высокого уровня резистентности к группам нитрофуранов и тетрациклинов среди выделенных изолятов *S. enterica*, что согласуется с данными, полученными рядом авторов [14, 15].

Повышенный уровень устойчивости к препаратам данных групп предполагает, что они широко используются при лечении энтеробактериальных инфекций как у животных, так и у людей. Это может быть связано также с неконтролируемым или чрезмерным использованием данных препаратов. Кроме того, не последнюю роль в распространении устойчивости играет горизонтальный перенос генов резистентности [16].

Таблица 3

Структура устойчивости выделенных изолятов сальмонелл к антибактериальным препаратам

№ п/п	Группы	Распространенность, n (%)	
1	2	3	
1	Аминогликозиды	1 (0,89)	16 (14,3)
	Нитрофураны	9 (8)	
	Тетрациклины	2 (7,14)	
	Сульфаниламиды	4 (3,57)	
2	$\beta$ -лактамы + тетрациклины	6 (5,36)	17 (15,2) 0
	Тетрациклины + сульфаниламиды	1 (0,89)	
	Тетрациклины + нитрофураны	4 (3,57)	
	Тетрациклины + фторхинолоны	1 (0,89)	
	Фторхинолоны + хинолоны	1 (0,89)	
	$\beta$ -лактамы + фторхинолоны	1 (0,89)	
	Хинолоны + нитрофураны	3 (2,68)	
3	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + фторхинолоны	2 (1,78)	22 (19,6)
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + нитрофураны	6 (5,36)	
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + аминогликозиды	1 (0,89)	
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + амфениколы	1 (0,89)	
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + аминогликозиды	1 (0,89)	
	Тетрациклины + аминогликозиды + фторхинолоны	1 (0,89)	
	Тетрациклины + хинолоны + нитрофураны	1 (0,89)	
	Тетрациклины + фторхинолоны + нитрофураны	1 (0,89)	
	Фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны	8 (7,14)	
4	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны	5 (4,46)	32 (28,6)
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + аминогликозиды	1 (0,89)	
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + аминогликозиды + нитрофураны	2 (1,78)	
	$\beta$ -лактамы + тетрациклины + аминогликозиды + амфениколы	1 (0,89)	

Окончание табл. 3

1	2	3	
	β-лактамы + тетрациклины + хинолоны + нитрофураны	5 (4,46)	
	β-лактамы + тетрациклины + амфениколы + нитрофураны	1 (0,89)	
	β-лактамы + аминогликозиды + фторхинолоны + хинолоны	1 (0,89)	
	Тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны	12 (10,7)	
	Тетрациклины + фторхинолоны + аминогликозиды + амфениколы	1 (0,89)	
	Тетрациклины + фторхинолоны + аминогликозиды + нитрофураны	1 (0,89)	
	Тетрациклины + аминогликозиды + хинолоны + нитрофураны	1 (0,89)	
	Фторхинолоны + хинолоны + аминогликозиды + нитрофураны	1 (0,89)	
5	β-лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны	7 (6,25)	13 (11,6)
	β-лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + аминогликозиды + нитрофураны	1 (0,89)	
	β-лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + амфениколы + нитрофураны	1 (0,89)	
	β-лактамы + тетрациклины + хинолоны + сульфаниламиды + нитрофураны	1 (0,89)	
	β-лактамы + тетрациклины + аминогликозиды + сульфаниламиды + нитрофураны	1 (0,89)	
	β-лактамы + аминогликозиды + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны	1 (0,89)	
	Тетрациклины + амфениколы + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны	1 (0,89)	
6	β-лактамы + тетрациклины + аминогликозиды + фторхинолоны + сульфаниламиды + нитрофураны	2 (1,78)	10 (8,9)
	β-лактамы + тетрациклины + аминогликозиды + фторхинолоны + аминогликозиды + нитрофураны	4 (3,57)	
	β-лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + сульфаниламиды нитрофураны	3 (2,68)	
	Тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + амингликозиды + сульфаниламиды + нитрофураны	1 (0,89)	
7	β-лактамы + тетрациклины + амфениколы + фторхинолоны + хинолоны + сульфаниламиды + нитрофураны	1 (0,89)	1 (0,89)
8	β-лактамы + тетрациклины + амфениколы + фторхинолоны + хинолоны + аминогликозиды + сульфаниламиды + нитрофураны	1 (0,89)	1 (0,89)

В общей сложности было изучено 45 различных моделей антибиотикорезистентности, из них 16 изолятов были устойчивы только к одной группе антибактериальных препаратов, 17 изолятов – к двум группам, 22 – к трем, 32 – к четырем, 13 – к пяти, 10 – к шести, 1 – к семи и 1 – к восьми группам (табл. 3). Изоляты, устойчивые к шести и более группам антибактериальных препаратов, принимали как экстремально резистентные изоляты. Большинство изолятов были резистентны к 3-4 группам антибактериальных препаратов.

При этом наиболее частой моделью антибиотикорезистентности была модель «тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны» – 12 изолятов, «нитрофураны» – 9 изолятов, «фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны» – 8 изолятов, «β-лактамы + тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны» – 7 изолятов. Подобная картина наблюдалась при исследовании сальмонелл, изолированных в Корее [17], Китае [18]. Препараты данной группы чаще всего используют для лечения энтеропатогенных инфекций. Следует отметить, что препараты группы фторхинолонов являются «критическими важными антибиотиками» для лечения заболеваний, вызванных сальмонеллами. Препараты групп хинолонов и цефалоспоринов также входят в список ВОЗ как критически важные для медицины [10]. Уровень резистентности к антибактериальным препаратам групп бета-лактамов был ниже по сравнению

с исследованиями ряда авторов, в частности [19], что, в свою очередь, может быть связано с использованием различных препаратов, а также их дозировкой.

Таким образом, в результате проведенных исследований в основном были выделены изоляты, относящиеся к серотипам *S. enteritidis* и *S. typhimurium*.

Преобладающее количество изолятов были резистентны к таким препаратам, как фурадонин (группа нитрофуранов), тетрациклин (группа тетрациклинов), налидиксовой кислоте (группа хинолонов).

Все изоляты были чувствительны к препарату гентамицину (группа аминогликозидов).

Исследования показали наличие 45 различных моделей антибиотикорезистентности, среди которых наиболее распространенной являлась модель «тетрациклины + фторхинолоны + хинолоны + нитрофураны».

Полученные результаты свидетельствуют о потенциальной возможности распространения резистентности среди штаммов сальмонелл к препаратам, являющимся критически важными для лечения животных и человека. Антибиотикорезистентность штаммов сальмонелл является результатом практически повсеместного нерационального использования ветеринарными специалистами антибактериальных препаратов. Уровень антибиотикорезистентности штаммов сальмонелл, выявленный в Северном регионе Казахстана, является серьезной проблемой, требующей постоянного контроля и проведения мероприятий по сдерживанию развития и распространения антибиотикорезистентности бактерий как на местном, так и на республиканском уровнях.

Работа выполнена по научно-технической программе Министерства сельского хозяйства Республики Казахстан BR10764944 «Разработка методов аналитического контроля и проведения мониторинга безопасности пищевой продукции» на 2021–2023 гг.

## БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Supplement 2008-2010 (no. 48) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme* / S. Issenhuth-Jeanjean, P. Roggentin [et al.] // *Research in Microbiology*. – 2014. – Vol. 165, Is. 7. – P. 526–530. – <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2014.07.004>.
2. *Серологические свойства и антибиотикорезистентность изолятов бактерий рода Salmonella, выделенных из сырья животного происхождения* / С.Е. Шмайхель, Н.Б. Шадрова, Е.С. Ерофеева, С.И. Данильченко // *Ветеринария сегодня*. – 2019. – № 4 (31). – С. 25-30. – DOI: 10.29326/2304-196X-2019-4-31-25-30.
3. *Diversity of Antimicrobial Resistance Phenotypes in Salmonella Isolated from Commercial Poultry Farms* / K.A. Liljebjelke, C.L. Hofacre, D.G. White [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2017. – Vol. 4. – P. 96. – DOI:10.3389/fvets.2017.00096.
4. *Antibiotic Use in Agriculture and Its Consequential Resistance in Environmental Sources: Potential Public Health Implications* / C. Manyi-Loh, S. Mamphweli, E. Meyer, A. Okoh // *Molecules*. – 2018. – Vol. 23. – P. 795. – <https://doi.org/10.3390/molecules23040795>.
5. *Global trends in antimicrobial use in food animals* / T.P. Van Boeckel, C. Brower, M. Gilbert [et al.] // *Proceedings of the National Academy of Sciences* May. – 2015. – Vol. 112 (18). – P. 5649-5654. – DOI: 10.1073/pnas.1503141112.
6. *МУ 4.2.2723–10. Лабораторная диагностика сальмонеллезов, обнаружение сальмонелл в пищевых продуктах и объектах окружающей среды: метод. указания*. – М.: ФЦГиЭ Роспотребнадзора, 2011. – Введены с 02.09.2010.
7. *Investigating deep phylogenetic relationships among cyanobacteria and plastids by small subunit rRNA sequence analysis* / S. Turner, K.M. Pryer, V.P. Miao, J.D. Palmer // *J. Eukaryot Microbiol.* – 1999. – Vol. 46(4). – P. 327–338.

8. *Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample* / G. Caporaso, C.L. Lauber, W.A. Walters [et al.] // PNAS. – 2011. – Vol. 108 (Suppl. 1). – P. 4516–4522. – <https://doi.org/10.1073/pnas.1000080107>.
9. МУК 4.2.1890-04. Определение чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам: метод. указания. – М.: ФЦГиЭ Роспотребнадзора, 2004. – Введены с 04.03.2004.
10. *European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters Version 9.0, valid from 2019-01-01.* – P. 96.
11. *CLSI M100-ED29: Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 29th Edition.* – Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2019.
12. *Occurrence and Characterization of Salmonella Isolated from Large-Scale Breeder Farms in Shandong Province, China* / Jie Yang, Siwei Gao, Yajie Chang [et al.] // BioMed Research International. – 2019. – Article ID 8159567. – 8 p. – <https://doi.org/10.1155/2019/8159567>.
13. *Prevalence and antibiotic resistance of Salmonella enteritidis and Salmonella typhimurium in raw chicken meat at retail markets in Malaysia* / T.Y. Thung, N.A. Mahyudin, D.F. Basri [et al.] // Poultry Science. – 2016. – Vol. 95, Is. 8. – P. 1888-1893. – DOI: <https://doi.org/10.3382/ps/pew144>.
14. *Characterisation of antimicrobial resistance patterns and class 1 integrons among Escherichia coli and Salmonella enterica serovar Choleraesuis strains isolated from humans and swine in Taiwan* / Shu-Chen Hsu, Tsai-Hsin Chiu, Jen-Chieh Pang [et al.] // International Journal of Antimicrobial Agents. – 2006. – Vol. 27, Is. 5. – P. 383–391. – <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2005.11.020>.
15. *Serovar distribution, antimicrobial resistance profiles, and PFGE typing of Salmonella enterica strains isolated from 2007–2012 in Guangdong, China* / B. Ke, J. Sun, D. He [et al.] // BMC Infect Dis. – 2014. – Vol. 14. – P. 338. – <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-338>.
16. *Nair V.T. Divek, Venkitanarayanan Kumar, Kollanoor Johnny Anup. Antibiotic-Resistant Salmonella in the Food Supply and the Potential Role of Antibiotic Alternatives for Control* // Foods 7. – 2018. – N 10. – P. 167. – <https://doi.org/10.3390/foods7100167>.
17. *Antibiotic Resistance Patterns and Serotypes of Salmonella spp. Isolated at Jeollanam-do in Korea* / K.B. Yoon, B.J. Song, M.Y. Shin [et al.] // Osong public health and research perspectives. – 2017. – Vol. 8(3). – P. 211–219. – <https://doi.org/10.24171/j.phrp.2017.8.3.08>.
18. *Occurrence, antimicrobial resistance and biofilm formation of Salmonella isolates from a chicken slaughter plant in China* / Huhu Wang, Keping Ye, Xinru Wei [et al.] // Food Control. – 2013. – Vol. 33, Is. 2. – P. 378-384. – <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.03.030>.
19. *Prevalence and antimicrobial resistance of Salmonella enterica subspecies enterica serovar Enteritidis isolated from broiler chickens in Shandong Province, China, 2013–2018* / Xin Yu, Hongwei Zhu, Yongheng Bo [et al.] // Poultry Science. – 2021. – Vol. 100, Is. 2, – P. 1016–1023. – <https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.09.079>.

## REFERENCES

1. Issenhuth-Jeanjean S., Roggentin P., Matthew M., Guibourdenche M., Elizabeth de Pinna, Satheesh Nair, Patricia I Fields, François-Xavier Weill, *Research in Microbiology*, 2014, Vol. 165, Is. 7, P. 526–530, <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2014.07.004>.
2. Shmajhel' S.E., Shadrova N.B., Erofeeva E.S., Danil'chenko S.I., *Veterinariya segodnya*, 2019, No. 4 (31), pp. 25–30. (In Russ.)
3. Liljebjelke K.A., Hofacre C.L., White D.G., Ayers S., Lee Margie D., Maurer J.J., *Frontiers in Veterinary Science*, 2017, Vol. 4, P. 96, DOI:10.3389/fvets.2017.00096.
4. Manyi-Loh C., Mamphweli S., Meyer E., Okoh A., *Molecules*, 2018, Vol. 23, P. 795, <https://doi.org/10.3390/molecules23040795>.

5. Thomas P. Van Boeckel, Charles Brower, Marius Gilbert, Bryan T. Grenfell, Simon A. Levin, Timothy P. Robinson, Aude Teillant, and Ramanan Laxminarayan, *Proceedings of the National Academy of Sciences* May, 2015, Vol. 112 (18), P. 5649-5654, DOI: 10.1073/pnas.1503141112.
6. MU 4.2.2723–10. *Laboratornaya diagnostika sal'monellezov, obnaruzhenie sal'monell v pishchevyh produktah i ob"ektah okruzhayushchej sredy* (Laboratory diagnostics of salmonellosis, detection of salmonella in food products and environmental objects), Moscow: FCGiE Rospotrebnadzora, 2011.
7. Turner S., Pryer K.M., Miao V.P., Palmer J.D., *J. Eukaryot Microbiol*, 1999, Vol. 46 (4), P. 327–338.
8. Gregory Caporaso, Christian L. Lauber, William A. Walters, Donna Berg-Lyons, Catherine A. Lozupone, Peter J. Turnbaugh, Noah Fierer, and Rob Knight, *PNAS*, 2011, Vol. 108 (Suppl. 1), P. 4516–4522, <https://doi.org/10.1073/pnas.1000080107>.
9. MUK 4.2.1890-04. *Opređenje chuvstvitel'nosti mikroorganizmov k antibakterial'nym preparatam* (Determination of the sensitivity of microorganisms to antibacterial drugs), Moscow: FCGiE Rospotrebnadzora, 2004.
10. European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters Version 9.0, valid from 2019-01-01, 96 p.
11. CLSI M100-ED29: Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 29th Edition, Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2019.
12. Jie Yang, Siwei Gao, Yajie Chang, Mingliu Su, Yutong Xie, Shuhong Sun, *BioMed Research International*, 2019, Article ID 8159567, 8 p, <https://doi.org/10.1155/2019/8159567>.
13. Thung T.Y., Mahyudin N.A., Basri D.F., Wan Mohamed Radzi C.W.J., Nakaguchi Y., Nishibuchi M., Radu S., *Poultry Science*, 2016, Vol. 95, Is. 8, P. 1888-1893, DOI: <https://doi.org/10.3382/ps/pew144>.
14. Shu-Chen Hsu, Tsai-Hsin Chiu, Jen-Chieh Pang, Chao-Hsiu Hsuan-Yuan, Gan-Nan Chang, Hau-Yang Tsen, *International Journal of Antimicrobial Agents*, 2006, Vol. 27, Is. 5, R. 383–391, <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2005.11.020>.
15. Bixia Ke, Jiufeng Sun, Dongmei He, Xiaocui Li, Zhaoming Liang, Chang-wen Ke, *BMC Infect Dis*, 2014, Vol. 14, P. 338, <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-338>.
16. Nair V.T. Divek, Venkitanarayanan Kumar, Kollanoor Johny Anup, *Foods* 7, 2018, No. 10, P. 167, <https://doi.org/10.3390/foods7100167>.
17. Ki-Bok Yoon, Byung-Joon Song, Mi-Yeong Shin, Hyun-Cheol Lim, Yeon-Hee Yoon, Doo-Young Jeon, Hoon Ha, Soo-In Yang, Jung-Beom Kim, *Osong public health and research perspectives*, 2017, Vol. 8 (3), P. 211–219, <https://doi.org/10.24171/j.phrp.2017.8.3.08>.
18. Huhu Wang, K. Ye, Xinru Wei, Jinxuan Cao, X. Xu, Guanghong Zhou, *Food Control*, 2013, Vol. 33, Is. 2, P. 378-384, <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.03.030>.
19. Xin Yu, Hongwei Zhu, Yongheng Bo, Youzhi Li, Yue Zhang, Yang Liu, Jianlong Zhang, Linlin Jiang, Guozhong Chen, Xingxiao Zhang, *Poultry Science*, 2021, Vol. 100, Is. 2, P. 1016-1023, <https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.09.079>.