

Проблема устойчивости микроорганизмов в птицеводстве: обзор

Андрей Валерьевич Дубровин^{1,2}, Лариса Александровна Ильина^{1,2}, Екатерина Сергеевна Пономарева^{2,3}, Ксения Андреевна Калиткина^{1,2}, Елена Александровна Йылдырым^{1,2}, Валентина Анатольевна Филиппова^{1,2}, Алиса Сергеевна Дубровина^{2,4}, Хайрулламин Башир¹

¹ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»; ²ООО «БИОТРОФ+», г. Санкт-Петербург;

³ФГБОУ ВО «Волгоградский государственный аграрный университет»; ⁴Всероссийский научно-исследовательский ветеринарный институт птицеводства (ВНИВИП) – филиал ФНЦ «ВНИТИП» РАН

Аннотация: На сегодняшний день в погоне за объемами продукции многие факторы здорового развития организма птицы не учитываются, а проблемы, вызванные бактериальными инфекциями, во многих странах решаются до сих пор упрощенно, массовым применением разнообразных антибактериальных и/или химических препаратов. Птицеводческая отрасль использует антибиотики в субтерапевтических дозах для улучшения производства мяса за счет улучшения конверсии корма, стимулирования роста и профилактики заболеваний. Эффект достигается, главным образом, за счет контроля желудочно-кишечных инфекций и изменения баланса микробиоты в кишечнике. Однако бесконтрольное применение антибактериальных препаратов привело к всплеску явлений резистентности бактерий к этим препаратам, росту числа патогенных бактерий с множественной устойчивостью к воздействию широкого спектра препаратов. При этом потенциально устойчивые к антибиотикам микроорганизмы, не только патогенные, способны передавать гены резистентности к антибиотикам посредством мобильных генетических элементов, часто несущих множественную устойчивость. Поэтому распространение и накопление генов антибиотикорезистентности через птицеводческую промышленность представляет серьезную проблему в связи со здоровьем человека. Накопленный на сегодняшний день огромный спектр антибиотиков сформировал соответствующий фонд генов антибиотикорезистентности бактерий. Необходимость снижения темпов роста устойчивости бактерий к антибиотикам ставит важные задачи как перед медициной, так и перед сельским хозяйством и ветеринарией, где основная цель лежит в подборе достойной альтернативы методу выращивания птицы с применением антибиотиков, например, использование пробиотиков.

Ключевые слова: сельское хозяйство, птицеводство, антибиотики, антибиотикорезистентность микроорганизмов, пробиотики.

Для цитирования: Дубровин, А.В. Проблема устойчивости микроорганизмов в птицеводстве: обзор / А.В. Дубровин, Л.А. Ильина, Е.С. Пономарева, К.А. Калиткина, Е.А. Йылдырым, В.А. Филиппова, А.С. Дубровина, Х. Башир // Птицеводство. – 2023. – №2. – С. 31-36.

doi: 10.33845/0033-3239-2023-72-2-31-36

Введение. Широкое и слабо контролируемое использование антибиотиков в сельском хозяйстве и медицине тесно связано с ростом устойчивости к антибиотикам патогенных микроорганизмов, наблюдаемым в последнее время. Связь между применением антибиотиков и проявлениями случаев резистентности широко изучается с начала нового века [1-3]. На сегодняшний день резистентные бактерии были обнаружены во всей экосистеме сельского хозяйства, в т.ч. в организмах живот-

ных, отходах их жизнедеятельности, непосредственно на территории предприятий и вокруг них [4]. Повсеместное распространение детерминант устойчивости к антибиотикам у бактерий является причиной недостаточной эффективности антибиотиков, используемых для лечения бактериальных инфекций [5].

В отличие от большинства химических и органических загрязнителей в окружающей среде, которым свойственно разложение и снижение концентрации

с течением времени, устойчивые бактерии могут сохраняться и рассеиваться в окружающей среде, размножаясь внутри своих хозяев, а гены устойчивости могут распространяться среди других бактерий, что создает серьезные риски для здоровья людей и животных и для окружающей среды [6].

Роль птицеводства в развитии проблемы. Сельское хозяйство, в частности, птицеводческая отрасль, в условиях ограниченных ресурсов имеет большое значение в развитии проблемы резистент-





Рис. 1. Основные пути распространения антибиотикорезистентных бактерий

ности бактерий, поскольку многие страны переходят к более интенсивным методам сельского хозяйства, что приводит к усилению применения антибиотиков и, следовательно, к увеличению риска возникновения устойчивых штаммов бактерий в организме птиц, животных и, как следствие, людей [7]. В сельском хозяйстве больше всего антибиотиков используется в интенсивном птицеводстве и свиноводстве [8]. Исследования показали, что использование антибиотиков в сельском хозяйстве влияет на микробиом также и окружающей среды. Приблизительно 90% антибиотиков, применяемых на сельскохозяйственных птицах и животных, выводятся с отходами жизнедеятельности и рассеиваются в помете и навозе, грунтовых водах и поверхностных стоках [9]. Недавно сообщалось о загрязнении ветеринарными антибактериаль-

ными препаратами разных объектов окружающей среды, включая почву, растения, воду и воздух [10-13]. Попадание остатков данных препаратов в окружающую среду способно провоцировать рост числа устойчивых бактерий в окружающей среде, вызывая серьезные экологические проблемы, но главным образом – создавая угрозу здоровью человека [14]. Помет птиц и навоз животных часто представляют собой основной канал контакта детерминант антибиотикорезистентности между бактериями, населяющими их пищеварительный тракт, и почвы, воды, растительности, а также людей (рис. 1). Это особенно верно для местностей, где птица и скот выращиваются в непосредственной близости от жилья людей [15].

Штамм бактерии считается устойчивым к антибиотику, если его минимальная ингибирующая концентрация выше, чем у соответ-

ствующего родительского штамма дикого типа [16]. Соответственно, какой-либо ген определяется как ген устойчивости в случае, если его присутствие позволяет бактерии противостоять более высокой концентрации антибиотика, или если его отсутствие увеличивает восприимчивость к антибиотику [17].

Устойчивость бактериальных клеток к разным группам антибиотиков обуславливается разными механизмами, и часто в них могут реализовываться одновременно несколько механизмов, обеспечивающих полную защиту от вырабатываемых ими биологически активных молекул. Например, члены семейства блеомицина, таллисомицина, флеомицина и зорбамидина подвергаются ацетилированию у представителей видов *Streptomyces verticillus* и *Streptoaloteichus hindustanus*, и кластеры генов их биосинтеза содержат гены N-ацетилтрансфераз *BlmB* и *TlmB* [18]. Как пример патогенных микроорганизмов с множественной устойчивостью, защита представителей рода *Salmonella* к противомикробным препаратам опосредована несколькими механизмами, которые включают инактивацию лекарств, защиту места действия антибиотика, снижение проницаемости клеточных мембран, способность выводить лекарство из цитоплазмы клетки. Многие из эффлюксных насосов, выводящих лекарственные вещества, кодируются генами в плазидах. Например, такие гены, как *QepA* и *oqxAB*, придают устойчивость к некоторым фторхинолонам. Кроме того, сальмонелла может модифицировать сайт-мишень антибиотика, чтобы избежать его связывания. Например, устойчивость к рифампицину основана на одноступенчатых точечных мутациях, которые приводят к заменам аминокислот в гене



rpoB. Такие замены снижают сродство препарата к ДНК-зависимой РНК-полимеразе, что позволяет продолжить транскрипцию *rpoB*, что снижает возможность связывания молекулы хинолона с ДНК-гиразой, и, тем самым, защищает бактерии от летального действия антибиотика. Также у сальмонелл, как и у других бактерий, устойчивость к антибиотикам может быть опосредована хромосомными механизмами. Так, представители данного рода эволюционно выработали точечные мутации устойчивости к хинолонам области генов топоизомеразы *parC* и *parE* и генов ДНК-гиразы *gyrA* и *gyrB*. В результате летальное действие некоторых фторхинолонов и хинолонов блокируется накоплением этих генов и структурным изменением белка, что приводит к снижению сродства к препарату [19].

Горизонтальный перенос генов играет важную роль в распространении генов устойчивости, поскольку он позволяет устойчивости распространяться за пределы конкретных клонов бактерий. Таким образом, перенос генов делает гены устойчивости доступными для гораздо большей части бактериального сообщества в конкретной среде, часто за пределами ранга вида или рода [20]. Применение антибиотиков, в свою очередь, создает стресс, индуцирующий перенос генетического материала между бактериальными клетками [21-24].

Имеются данные о переносе генов устойчивости между различными организмами, такими как *Clostridium perfringens*, *Streptococcus pneumoniae*, *Enterococcus faecalis* и штаммами *Bacteroides* [25]. Кишечник птицы рассматривается как резервуар и горячая точка, порождающая горизонтальный перенос генов среди микробных сообществ, поскольку в нем находятся триллионы микробов, находящихся

в непосредственной близости друг к другу [26].

Поиск решения. Недавно был проведен ряд метагеномных исследований, характеризующих резистом у сельскохозяйственных птиц и животных [27-28], однако сегодня вопрос резистома сельскохозяйственных птиц и животных продолжает изучаться. Актуальной является разработка эффективных методов контроля распространения генов резистентности в биосфере. В связи с этим, применение современных молекулярно-биологических подходов имеет широкую перспективу для комплексной оценки резистома как отдельных микроорганизмов, так и микробных сообществ кишечника птицы, которые пока еще изучены в этом отношении достаточно слабо.

Решение проблемы бактериальной устойчивости к антибиотикам лежит в комплексном подходе, который включает в себя надлежащее ведение животноводства, в т.ч. соблюдение санитарно-гигиенических и зоотехнических норм на предприятии; эффективную биобезопасность, включающую в себя управленческие и физические меры, направленные на снижение риска проникновения инфекции на ферму, установления и распространения этой инфекции; улучшение здоровья, благополучия и продуктивности животных; рациональное и эффективное с медицинской точки зрения использование антибиотиков; соответствующие вакцинации [8].

С профилактической целью антибиотики следует применять только в исключительных ситуациях, например, когда у нескольких животных в группе была диагностирована инфекция, которая, вероятно, уже распространилась или вскоре распространится на остальные группы, нанеся существенный

экономический ущерб. При этом может возникнуть необходимость лечения животных, которые еще не инфицированы, или у которых отсутствуют клинические признаки заболевания, но которые подвергаются немедленному и высокому риску заражения и будут способствовать дальнейшему распространению заболевания [8].

Главной альтернативой применению антибиотиков в качестве модуляторов кишечной микробиоты и акселераторов продуктивности птицы выступают пробиотики. Основным эффектом сокращения устойчивых штаммов бактерий под действием пробиотических штаммов лежит в конкурентном замещении, а также в прямом бактерицидном действии против патогенных бактерий со свойствами устойчивости.

Недавнее отечественное исследование воздействия пробиотического штамма *Bacillus subtilis* продемонстрировало более быстрое формирование кишечной микрофлоры с первых суток жизни бройлера по сравнению с вариантами без добавок или с введением антибиотика на основе вирджиниамицина. При этом в течение эксперимента было также отмечено более низкое содержание микроорганизмов семейства *Campylobacteriaceae* [29]. Аналогичное исследование, проведенное на курах-несушках с применением штамма *Bacillus subtilis*, продемонстрировало снижение общего числа патогенных микроорганизмов в различных внутренних органах на 19% [30]. Другое недавнее исследование продемонстрировало позитивное влияние совместного применения пробиотических штаммов *Bacillus megaterium* и *Enterococcus faecium* на микробиоту кишечника кур-несушек, в том числе увеличение числа бифидобактерий и целлюлозолитических бактерий и снижение доли патогенной и не-

желательной микрофлоры на 25-50% [31].

Выводы. Таким образом, глобальная проблема устойчивости к антибактериальным препаратам во многом зависит от сельского хозяйства, в особенности птицеводческого направления, что накладывает повышенную ответственность на руководителей и специалистов птицеводческих предпри-

ятий. Путь к решению проблемы лежит в комплексном подходе, включающем в себя соблюдение санитарно-гигиенических и зоотехнических норм на предприятии; эффективную биобезопасность; улучшение здоровья, благополучия и продуктивности птицы; рациональное и эффективное с медицинской точки зрения использование антибиотиков; соответ-

ствующие вакцинации. При этом в качестве модуляторов кишечной микробиоты и акселераторов продуктивности птицы достойной заменой антибиотиков выступают пробиотики.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда №22-76-00053, <https://rscf.ru/project/22-76-00053/>.

Литература / References

1. Chantziaras I., Boyen F., Callens B., Dewulf J. Correlation between veterinary antimicrobial use and antimicrobial resistance in food-producing animals: a report on seven countries // J. Antimicrob. Chemother. - 2014. - V. 69. - No 3. - P. 827-834. doi: 10.1093/jac/dkt443
2. Aarestrup F.M. Veterinary drug usage and antimicrobial resistance in bacteria of animal origin // Basic Clin. Pharmacol. Toxicol. - 2005. - V. 96. - No 4. - P. 271-281. doi: 10.1111/j.1742-7843.2005.pto960401.x
3. Swartz M.N. Human diseases caused by foodborne pathogens of animal origin // Clin. Infect. Dis. - 2002. - V. 1. - No 34. - P. 111-122. doi: 10.1086/340248
4. Iwu C.D., Korsten L., Okoh A.I. The incidence of antibiotic resistance within and beyond the agricultural ecosystem: a concern for public health // Microbiologyopen. - 2020. - V. 9. - No 9. - P. e1035. doi: 10.1002/mbo3.1035
5. Brown E.D., Wright G.D. Antibacterial drug discovery in the resistance era // Nature. - 2016. - V. 529. - No 7586. - P. 336-343. doi: 10.1038/nature17042
6. Berendonk T.U., Manaia C.M., Merlin C., Fatta-Kassinos D., Cytryn E., Walsh F., Bürgmann H., Sørum H., Norström M., Pons M.N., Kreuzinger N., Huovinen P., Stefani S., Schwartz T., Kisand V., Baquero F., Martinez J.L. Tackling antibiotic resistance: the environmental framework // Nat. Rev. Microbiol. - 2015. - V. 13. - No 5. - P. 310-317. doi: 10.1038/nrmicro3439
7. Hedman H.D., Vasco K.A., Zhang L. A review of antimicrobial resistance in poultry farming within low-resource settings // Animals. - 2020. - V.10. - No 8. - P. 1264. doi: 10.3390/ani10081264
8. Magnusson U., Sternberg S., Eklund G., Rozstalnyy A. Prudent and Efficient Use of Antimicrobials in Pigs and Poultry. - FAO Animal Production and Health Ser., Manual 23, Rome, 2019. - 48 pp.
9. Bartlett J.G., Gilbert D.N., Spellberg B. Seven ways to preserve the miracle of antibiotics // Clin. Infect. Dis. - 2013. - V. 56. - No 10. - P. 1445-1450. doi: 10.1093/cid/cit070
10. Sun J., Zeng Q., Tsang D.C.W., Zhu L.Z., Li X.D. Antibiotics in the agricultural soils from the Yangtze River Delta, China // Chemosphere. - 2017. - V. 189. - P. 301-308. doi: 10.1016/j.chemosphere.2017.09.040
11. Bartrons M., Peñuelas J. Pharmaceuticals and personal-care products in plants // Trends Plant Sci. - 2017. - V. 22. - No 3. - P. 194-203. doi: 10.1016/j.tplants.2016.12.010
12. Chen L., Lang H., Liu F., Jin S., Yan T. Presence of antibiotics in shallow groundwater in the northern and southwestern regions of China // Groundwater. - 2018. - V. 56. - No 3. - P. 451-457. doi: 10.1111/gwat.12596
13. McEachran A.D., Blackwell B.R., Hanson J.D., Wooten K.J., Mayer G.D., Cox S.B., Smith P.N. Antibiotics, bacteria, and antibiotic resistance genes: aerial transport from cattle feed yards via particulate matter // Environ. Health Perspect. - 2015. - V. 123. - No 4. - P. 337-343. doi: 10.1289/ehp.1408555
14. Kuppusamy S., Kakarla D., Venkateswarlu K., Megharaj M., Yoon Y.E., Lee Y.B. Veterinary antibiotics (Vas) contamination as a global agro-ecological issue: a critical view // Agric. Ecosyst. Environ. - 2018. - V. 257. - P. 47-59. doi: 10.1016/j.agee.2018.01.026
15. Graham D.W., Bergeron G., Bourassa M.W., Dickson J., Gomes F., Howe A., Kahn L.H., Morley P.S., Scott H.M., Simjee S., Singer R.S., Smith T.C., Storrs C., Wittum T.E. Complexities in understanding antimicrobial resistance across domesticated animal, human, and environmental systems // Ann. NY Acad. Sci. - 2019. - V. 1441. - No 1. - P. 17-30. doi: 10.1111/nyas.14036
16. Martínez J.L., Coque T.M., Baquero F. What is a resistance gene? Ranking risk in resistomes // Nat. Rev. Microbiol. - 2015. - V. 13. - No 2. - P. 116-123. doi: 10.1038/nrmicro3399
17. Martínez J.L., Baquero F., Andersson D.I. Predicting antibiotic resistance // Nat. Rev. Microbiol. - 2007. - V. 5. - No 12. - P. 958-965. doi: 10.1038/nrmicro1796.





18. Peterson E., Kaur P. Antibiotic resistance mechanisms in bacteria: relationships between resistance determinants of antibiotic producers, environmental bacteria, and clinical pathogens // *Front. Microbiol.* - 2018. - V. 9. - P. 2928. doi: 10.3389/fmicb.2018.02928
19. Castro-Vargas R.E., Herrera-Sánchez M.P., Rodríguez-Hernández R., Rondón-Barragán I.S. Antibiotic resistance in *Salmonella spp.* isolated from poultry: a global overview // *Vet. World.* - 2020. - V. 13. - No 10. - P. 2070-2084. doi: 10.14202/vetworld.2020.2070-2084
20. Martínez J.L. Bottlenecks in the transferability of antibiotic resistance from natural ecosystems to human bacterial pathogens. // *Front. Microbiol.* - 2011. - V. 2. - P. 265. doi: 10.3389/fmicb.2011.00265
21. Beaber J.W., Hochhut B., Waldor M.K. SOS response promotes horizontal dissemination of antibiotic resistance genes // *Nature.* - 2004. - V. 427. - No 6969. - P. 72-74. doi: 10.1038/nature02241
22. Hastings P.J., Rosenberg S.M., Slack A. Antibiotic-induced lateral transfer of antibiotic resistance // *Trends Microbiol.* - 2004. - V. 12. - No 9. - P. 401-404. doi: 10.1016/j.tim.2004.07.003
23. Maiques E., Ubeda C., Campoy S., Salvador N., Lasa I., Novick R.P., Barbé J., Penadés J.R. Beta-lactam antibiotics induce the SOS response and horizontal transfer of virulence factors in *Staphylococcus aureus* // *J. Bacteriol.* - 2006. - V. 188. - No 7. - P. 2726-2729. doi: 10.1128/JB.188.7.2726-2729.2006
24. Jutkina J., Rutgersson C., Flach C.F., Joakim Larsson D.G. An assay for determining minimal concentrations of antibiotics that drive horizontal transfer of resistance. // *Sci. Total Environ.* - 2016. - V. 548-549. - P. 131-138. doi: 10.1016/j.scitotenv.2016.01.044
25. Shoemaker N.B., Vlamakis H., Hayes K., Salyers A.A. Evidence for extensive resistance gene transfer among *Bacteroides spp.* and among *Bacteroides* and other genera in the human colon // *Appl. Environ. Microbiol.* - 2001. - V. 67. - No 2. - P. 561-568. doi: 10.1128/AEM.67.2.561-568.2001
26. Dorman J. H-NS-like nucleoid-associated proteins, mobile genetic elements and horizontal gene transfer in bacteria // *Plasmid.* - 2014. - V. 75 - P. 1-11. doi: 10.1016/j.plasmid.2014.06.004.
27. Hendriksen R.S., Bortolaia V., Tate H., Tyson G.H., Aarestrup F.M., McDermott P.F. Using genomics to track global antimicrobial resistance // *Front. Public Health.* - 2019. - V. 7. - P. 242. doi: 10.3389/fpubh.2019.00242
28. Lal Gupta C., Kumar Tiwari R., Cytryn E. Platforms for elucidating antibiotic resistance in single genomes and complex metagenomes. // *Environ. Intl.* - 2020. - V. 138. - P. 105667. doi: 10.1016/j.envint.2020.105667.
29. Тюрина Д.Г., Лаптев Г.Ю., Йылдырым Е.А., Ильина Л.А., Филиппова В.А., Бражник Е.А., Тарлавин Н.В., Горфункель Е.П., Дубровин А.В., Новикова Н.И., Дуняшев Т.П., Грозина А.А. Сравнительная оценка влияния вирджиниамицина и пробиотика на состав кишечного микробиома и зоотехнические показатели цыплят-бройлеров (*Gallus gallus* L.) // *С.-х. биология.* - 2020. - Т.55. - №6. - С. 1220-1232. [Tiurina DG [et al.] (2020) *Agric. Biol.*, **55**(6):1220-32; doi: 10.15389/agrobio.2020.6.1220rus (in Russ.)]
30. Prytkov Y.N., Ageev V.V., Bochkareva E.V., Kistina A.A. The effect of various dosages of Cellobacterin-T on intestinal microflora in Brown Nick laying hens // *J. Biochem. Tech.* - 2020. - V. 11. - No 4. - P. 56-59.
31. Кочиш И.И., Мясникова О.В., Мартынов В.В., Смоленский В.И. Микрофлора кишечника кур и экспрессия связанных с иммунитетом генов под влиянием пробиотической и пребиотической кормовых добавок // *С.-х. биология.* - 2020. - Т. 55. - №2. - С. 315-327. [Kochish II [et al.] (2020) *Agric. Biol.*, **55**(2):315-27; doi: 10.15389/agrobio.2020.2.315rus (in Russ.)]

Сведения об авторах:

Дубровин А.В.: кандидат ветеринарных наук, старший научный сотрудник кафедры крупного животноводства¹, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории²; dubrovin@biotrof.ru. **Ильина Л.А.:** кандидат биологических наук, доцент кафедры крупного животноводства¹, начальник молекулярно-генетической лаборатории²; ilina@biotrof.ru. **Пономарева Е.С.:** биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории², аспирант очной формы обучения³; kate@biotrof.ru. **Калиткина К.А.:** аспирант очной формы обучения¹, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории²; kseniya.k.a@biotrof.ru. **Йылдырым Е.А.:** доктор биологических наук, профессор кафедры крупного животноводства¹, главный биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории²; deniz@biotrof.ru. **Филиппова В.А.:** зав. лабораторией кафедры крупного животноводства¹, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории²; filippova@biotrof.ru. **Дубровина А.С.:** биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории², аспирант очной формы обучения⁴; dasvet@biotrof.ru. **Башир Х.:** студент очной формы обучения¹; khairullaminbashir22@gmail.com.

Статья поступила в редакцию 10.01.2023; одобрена после рецензирования 21.01.2023; принята к публикации 23.01.2023.



The Problem of Microbial Drug Resistance in Poultry Industry: An Overview

Andrey V. Dubrovin^{1,2}, Larisa A. Ilyina^{1,2}, Ekaterina S. Ponomareva^{2,3}, Ksenia A. Kalitkina^{1,2}, Elena A. Yildyrym^{1,2},
Valentina A. Filippova^{1,2}, Alisa S. Dubrovina^{2,4}, Khairullamin Bashir¹

¹St. Petersburg State Agrarian University; ²BIOTROF+, LCC, St. Petersburg; ³Volgograd State Agrarian University;
⁴Federal Scientific Center "All-Russian Research and Technological Institute of Poultry" of Russian Academy of Sciences

Abstract. To date, in the pursuit of higher production volume, many factors contributing to healthy development of poultry are underestimated, and the problems caused by bacterial infections are still being solved in many countries in a simplified way, by the massive use of various antibacterial and/or chemical preparations. The poultry industry uses antibiotics in sub-therapeutic doses to enhance meat production by improvement of feed conversion, promotion of growth and prevention of diseases. The effect is achieved mainly by the control of gastrointestinal infections and alterations in the balance of intestinal microbiota. However, the uncontrolled use of antibacterial drugs has led to a surge in bacterial resistance to these drugs, an increase in the number of pathogenic bacterial species with multiple resistance to a wide range of drugs. In addition, potentially antibiotic-resistant microorganisms (not pathogens only) are able to transmit antibiotic resistance genes through mobile genetic elements often carrying the systems of multiple resistance. The spread and accumulation of antibiotic resistance genes throughout the productive chain of poultry industry can finally result in serious problems related to human health. The broad range of antibiotics which had been produced and used to date has formed an appropriate pool of antibiotic resistance genes in bacteria. The general aim of reduction of the increasing growth of antibiotic resistance in bacteria imposes the important tasks for human medicine and for agriculture and veterinary medicine as well, where the main goal is to develop effective alternative(s) to the use of antibiotic growth promoters, e.g. the use of probiotics.

Keywords: agriculture, poultry farming, antibiotics, microbial drug resistance, probiotics.

For Citation: Dubrovin A.V., Ilyina L.A., Ponomareva E.S., Kalitkina K.A., Yildyrym E.A., Filippova V.A., Dubrovina A.S., Bashir Kh. (2023) The problem of microbial drug resistance in poultry industry: an overview. *Ptitsevodstvo*, 72(2): 31-36. (in Russ.)

doi: 10.33845/0033-3239-2023-72-2-31-36

(For references see above)

Authors:

Dubrovin A.V.: Cand. of Vet. Sci., Senior Research Officer of Dept. of Large Animals¹, Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics²; dubrovin@biotrof.ru. **Ilyina L.A.:** Cand. of Biol. Sci., Assoc. Prof. of Dept. of Large Animals¹, Head of Lab. of Molecular Genetics²; ilina@biotrof.ru. **Ponomareva E.S.:** Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics², Aspirant³; kate@biotrof.ru. **Kalitkina K.A.:** Aspirant¹, Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics²; kseniya.k.a@biotrof.ru. **Yildyrym E.A.:** Dr. of Biol. Sci., Prof. of Dept. of Large Animals¹, Chief Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics²; deniz@biotrof.ru. **Filippova V.A.:** Head of Lab. of Dept. of Large Animals¹, Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics²; filippova@biotrof.ru. **Dubrovina A.S.:** Biotechnologist of Lab. of Molecular Genetics², Aspirant⁴; dasvet@biotrof.ru. **Bashir Kh.:** Student¹; khairullaminbashir22@gmail.com.

Submitted 10.01.2023; revised 21.01.2023; accepted 23.01.2023.

© Дубровин А.В., Ильина Л.А., Пономарева Е.С., Калиткина К.А., Йылдырым Е.А.,
Филиппова В.А., Дубровина А.С., Башир Х., 2023