

# Применение молекулярно-генетических методов в диагностике бактериальных болезней домашней птицы (обзор)

Оксана Борисовна Новикова<sup>1,2</sup>, Алина Олеговна Герасимова<sup>3</sup>, Елена Сергеевна Овчарова<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Санкт-Петербургский государственный аграрный университет; <sup>2</sup>Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины; <sup>3</sup>Всероссийский научно-исследовательский ветеринарный институт птицеводства (ВНИВИП) – филиал ФГБНУ ФНЦ «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» РАН

**Аннотация:** Стремительное развитие промышленного птицеводства влечет за собой ряд проблем, в том числе внедрение и распространение патогенных микроорганизмов. Обеспечение биобезопасности птицеводческих предприятий во многом зависит от своевременной и точной диагностики инфекционных заболеваний. В настоящее время традиционные бактериологические методы диагностики отходят на второй план, уступая место молекулярно-генетическим методам. Гентипирование позволяет решать многие диагностические задачи с высокой точностью за короткое время. Методы с высокой дискриминирующей силой и быстро эволюционирующими маркерами (RAPD-PCR, HTM, DGE, MLVA, MLST) подходят для мониторинга локальных вспышек эпидемий и эпизоотий. Методы с низким разрешением и плохо выделяющимися маркерами (PFGE, RFLP, AFLP, ДНК-микрээррей, MLST) используются для популяционных исследований, геномного картирования, производства терапевтических, профилактических и диагностических препаратов. Таким образом, выбор метода гентипирования напрямую зависит от конкретной задачи.

**Ключевые слова:** гентипирование, эпизоотология, ДНК, рестрикция, электрофорез, амплификация, гибридизация.

**Для цитирования:** Новикова, О.Б. Применение молекулярно-генетических методов в диагностике бактериальных болезней домашней птицы (обзор) / О.Б. Новикова, А.О. Герасимова, Е.С. Овчарова // Птицеводство. – 2023. – №7-8. – С. 82-88.

**doi:** 10.33845/0033-3239-2022-72-7-8-82-88

Птицеводство сегодня – одна из наиболее перспективных и динамично развивающихся отраслей сельского хозяйства. За последние годы уровень производства мяса птицы значительно вырос, особенно за счет выращивания цыплят-бройлеров, и достиг более 30% по всему миру, а на территории России – 40% [1]. Однако стремительное развитие агропромышленного комплекса влечет за собой и новые угрозы, в том числе такие как занос на территорию хозяйства инфекционного возбудителя [2].

По данным Международного Эпизоотического Бюро, зоонозные патогены приобретают все большее значение, инфекционные болезни начинают распространяться

быстрее и охватывать большие территории. Причиной этому служат как общемировые проблемы: глобализация, изменение климата, устойчивость к лекарственным препаратам, растущий спрос на продовольствие, политическая нестабильность и др., так и частные: высокая чувствительность кроссов к возбудителям, генетическая трансформация патогенов и их быстрая адаптация, несоблюдение ветеринарно-санитарных правил содержания и организации профилактических мероприятий и др. [3,4].

Профилактика заноса и распространения возбудителей – одна из важнейших задач по обеспечению биобезопасности птицеводче-

ских предприятий [5]. Для ее выполнения необходима правильно организованная работа по диагностике инфекционных болезней птиц. Важно отметить, что диагностические исследования должны проводиться комплексно, в виде планового мониторинга, учитывающего эпизоотологические особенности хозяйства, внутри- и межхозяйственные связи, генетические особенности используемых кроссов и линий птицы. В ходе проведения мониторинга должен осуществляться контроль качества иммунитета, проводиться разработка, корректировка и контроль эффективности лечебно-диагностических программ. Кроме того, плановый мониторинг должен выявлять





факторы инфекционной этиологии, которые отрицательно влияют на производственные показатели, а также способствовать выделению и изучению возбудителей [3,5].

Особое место в диагностике занимают болезни птиц бактериальной этиологии. Их важность обусловлена зооантропонозным характером некоторых патогенных микроорганизмов, переносимых в кишечнике птиц. К таким микроорганизмам относятся бактерии родов *Salmonella*, *Campylobacter*, *Clostridium*, *Shigella* и др. [6].

Типирование микроорганизмов подразделяется на фено- и генотипирование. Бактериальные фенотипы характеризуют морфологические, тинкториальные, культуральные, биохимические и антигенные свойства, а также чувствительность к лекарственным препаратам, бактериофагам и бактериоцинам, токсичность и патогенность. При этом фенотипические признаки не обладают достаточной вариабельностью для дифференциации близкородственных линий [7]. По этой причине традиционные методы лабораторной диагностики, основанные на биохимических и культуральных свойствах микроорганизмов, постепенно отходят на второй план, уступая место молекулярно-генетическим методам. Связывают это с тем, что лишь 1-5% микробов кишечника могут расти на питательных средах, а для быстрой и качественной диагностики крайне важна высокая чувствительность и специфичность выбранных методов [5,8]. Более того, Лаптев Г.Ю. и др. (2020) сообщают: «Предварительное культивирование микроорганизмов с помощью классических методов микробиологии позволяет получить картину, весьма отдаленную от истинной структурной организации, путей метаболизма

и межмикробных взаимоотношений бактерий в естественной среде обитания» [2]. Ацаева М.М. и др. (2018) также отмечают, что диагностические методы, основанные на амплификации нуклеиновых кислот, являются более эффективными, поскольку «позволяют обнаруживать присутствие микроорганизмов в микроколичествах (10 клеток возбудителя) исследуемого материала за короткое время» [9].

Под генотипированием понимают процесс идентификации различий в последовательностях ДНК между популяциями или отдельными индивидами. В качестве основной цели генотипирования Бондарева О.С. и др. (2014) выделяют внутривидовую дифференциацию микроорганизмов на основе различий их геномов, а к основным задачам относят отслеживание путей передачи и выявление источника инфекции, мониторинг природных очагов инфекционных болезней, геномную паспортизацию и определение филогенетических связей штаммов [10]. Кроме того, Терлецкий В.П. и др. (2015) пишут: «Использование генотипирования позволяет однозначно идентифицировать бактериальные штаммы и, таким образом, определять пути передачи возбудителя и находить источники инфекции» [11]. Иными словами, изоляты, выделенные из разных мест, но имеющие идентичный генотип, с высокой степенью вероятности будут говорить об эпизоотическом контакте [5,12].

Исследования по выявлению генетических детерминант антибиотикорезистентности у птиц методом генотипирования показали, что в период с 2013 по 2016 гг. чувствительность возбудителей бактериальных болезней птиц снизилась: к фторхинолонам – на 27,0%, к аминогликозидам –

от 11,2 до 67,3%, к тетрациклинам – от 52,1 до 67,3% [9].

Волкова Р.А. и др. (2016) считают, что «идеальный метод генотипирования должен обладать следующими характеристиками: подходить для всех штаммов, различать неидентичные штаммы, одинаково эффективно воспроизводиться в различных лабораториях, быть быстрым, экономичным, нетрудоемким» [13]. На сегодняшний день разработано множество методов генотипирования микроорганизмов, которые принято делить на 4 основные группы в зависимости от способа получения и анализа картины ДНК-паттернов: с использованием рестрикции и электрофореза, на основе секвенирования, на основе гибридизации, на основе амплификации переменных локусов [10]. Однако, несмотря на многообразие методов, ни один из них не удовлетворяет одновременно всем вышеперечисленным критериям и не является универсальным.

Одним из основных критериев при выборе метода генотипирования служит дискриминирующая сила, которая описывается как способность различать бактериальные штаммы одного вида. Так, например, генотипирование с низкой дискриминирующей силой будет опознавать штаммы микроорганизмов как идентичные, в то время как генотипирование с высоким разрешением определит их различие [10].

Методы генотипирования, основанные на разных способах получения и анализа картины ДНК-паттернов, также обладают разной разрешающей способностью и применяются для решения различных эпизоотологических задач.

Для мониторинга локальных вспышек эпидемий используют



методы генотипирования с быстро эволюционирующими маркерами и высокой разрешающей способностью, большая часть из которых основана на амплификации переменных локусов (RAPD-PCR, HRM, DGE, MLVA), а также метод MST, основанный на секвенировании [13].

Мультилокусный анализ варибельного числа копий tandemных повторов (MLVA), чаще всего, применяется для идентификации возбудителей особо опасных инфекций, показывая высокую разрешающую способность. При этом метод отображает взаимосвязь образуемых групп с географическим положением [14], что четко прослеживается в работе Kevin *et al.* (2020) по филогеографии *Francisella tularensis ssp. holarctica* на территории Франции [15]. Отдельно выделяют метод определения количества однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), который обеспечивает гораздо более высокое разрешение генотипов, чем MLVA, и при сопоставлении с соответствующими эпидемиологическими метаданными, позволяет дифференцировать вспышки путем определения различных штаммов [14]. Исследования Zincke *et al.* (2020) и Mukhina *et al.* (2022) демонстрируют, что метод SNP удобен в применении, поскольку осуществляется без необходимости трудоемкого секвенирования всего генома или маркеров с переменным числом tandemных повторов. Авторы уточняют, что этот вид типирования был бы особенно полезен в областях, имеющих доступ к системе ПЦР в реальном времени, но где возможности секвенирования недоступны [16,17]. Linde *et al.* (2020) рекомендуют использовать полногеномное типирование SNP при расследовании локальных вспышек, поскольку оно имеет очень высокое разрешение

для исследований эпидемиологического надзора на более крупном региональном или национальном уровне, а распределение по подклассам согласуется с глобальной номенклатурой [18].

Методы со слабо эволюционирующими маркерами используются для популяционных исследований, производства лечебных, профилактических и диагностических препаратов. К этой группе относятся методы с использованием рестрикции и электрофореза (PFGE, RFLP, AFLP), ДНК-микрочипы (микрочипы), и метод MLST [10,13]. По мнению Noone *et al.* (2021), типирование по мультилокусным сиквенсам (MLST) является полезным инструментом генотипического скрининга, поскольку позволяет выявлять и сдерживать локальные и эпидемиологические вспышки без выделения чистой культуры возбудителя. Авторы также отмечают, что протокол метода нуждается в усовершенствовании ввиду недостаточной разрешающей силы [19]. Исследования, проведенные Zhang *et al.* в 2021 г. в Китае с использованием метода MLST, помогли типировать 54 изолята *Mycoplasma synoviae* и объединить их в одну филогенетическую линию [20]. Также Sen *et al.* (2021) в своих исследованиях применили метод MLST для оценки чувствительности изолятов *Campylobacter jejuni* к противомикробным препаратам у семейства врановых (*Corvidae*) [21]. Все результаты исследований, проведенных с помощью MLST, доступны в открытой базе данных – PubMLST, позволяющей сопоставлять данные исследований разных авторов [22,23].

Отечественные авторы отмечают, что метод, основанный на фракционировании молекул

ДНК путем пульс-гель электрофореза (PFGE), «был и во многих случаях остается золотым стандартом типирования микроорганизмов, так как обладает высокой воспроизводимостью, дискриминирующей способностью, результаты типирования хорошо согласуются с эпидемиологическими данными, картины ДНК-паттернов легко интерпретируются». Авторы подчеркивают, что постоянность метода позволила осуществить паспортизацию большинства видов бактерий [10]. Sabat *et al.* (2013) в своем обзоре описывают PFGE как относительно недорогой метод с отличной типизируемостью и внутрилабораторной воспроизводимостью, отдельно подчеркивая, что метод рассматривает большую часть исследуемого генома (>90%) [24]. Li *et al.* (2013) провели исследование по типированию изолятов *Brucella suis* методами MLVA и PFGE. Авторы отмечают, что метод PFGE стал полезным инструментом для оценки клонального происхождения и генетического родства полученных изолятов, однако MLVA оказался более дискриминационным и подходящим для одновременной идентификации *B. suis*, отслеживания источников инфекции и расследования вспышек [25]. К недостаткам PFGE относят техническую сложность, длительность (4-7 дней), трудоемкость и чувствительность к наличию мутаций: методу может не хватать разрешающей способности для различения полос почти одинакового размера (т.е. фрагментов, отличающихся друг от друга по размеру менее чем на 5%) [5,24]. Кроме того, анализ результатов PFGE подвержен некоторой субъективностью, а постоянный контроль качества и переносимость данных



ограничены по сравнению с методами, основанными на секвенировании [24].

Многие эпизоотологические и эпидемиологические исследования осуществляются с одновременным использованием нескольких методов типирования. Так, в 2012 г. Ерошенко Г.А. и др. был разработан алгоритм молекулярной идентификации штаммов *Yersinia pestis*, включающий в себя 3 метода: ПЦР, MLST и MLVA. При этом авторы дифференцировали возбудителя по подвидам и биоварам, а также определили локализацию природных очагов и географическое родство 192 природных штаммов [26].

На сегодняшний день самым точным методом генотипирования принято считать метод двойного расщепления и избирательного мечения (ДРИМ), впервые примененный для типирования изолятов *Salmonella enterica* у людей и *Staphylococcus aureus* у домашней птицы и свиней [5]. Данный метод предполагает одновременное использование двух эндонуклеаз рестрикции, меченого дезоксицитозинтрифосфата (Bio-dCTP) и Taq-полимеразы [11]. В ходе исследований отмечена высокая разрешающая способность ДРИМ-генотипирования в сравнении с фаготипированием. Исследования 2015 г. также позволили

адаптировать метод для генотипирования *Escherichia coli* и осуществить паспортизацию штаммов XbaI и PstI [14]. Среди преимуществ метода авторы выделяют быстроту исполнения (1 сут.), высокую точность и отсутствие ПЦР-этапа [5,11].

Результаты исследований, приведенных в обзоре, свидетельствуют о том, что все рассмотренные методы генотипирования имеют свои преимущества и недостатки. Выбор оптимального метода зависит от поставленной эпизоотологической задачи, оснащенности лаборатории, источника бактериального изолята и ряда других критериев.

### Литература

1. Ларкина, Т.А. Связь полиморфизма гена FABP2 (-561A>C) с содержанием абдоминального жира у кур мясного направления / Т.А. Ларкина // Молочнохозяйственный вестник. - 2018. - №2. - С. 53-60.
2. Лаптев, Г.Ю. Эпизоотологический мониторинг микробного содержимого кишечника птицы в условиях промышленной птицефабрики / Г.Ю. Лаптев, Л.А. Ильина, Н.В. Тарлавин [и др.] // Гастроэнтерология Санкт-Петербурга. - 2020. - №1-2. - С. 90-91.
3. Хохлачев, О.Ф. Диагностический мониторинг – важное звено в системе биобезопасности птицеводства / О.Ф. Хохлачев // Тез. докл. X Балт. форума вет. медицины и продовольственной безопасности. – СПб., 2014. - С. 180-181.
4. Global cooperation in countering emerging animal and zoonotic diseases // World Organisation for Animal Health URL: <https://www.oie.int/app/uploads/2021/03/globalcooperation-oie1.pdf> (дата обращения: 01.05.2022).
5. Новикова, О.Б. Разработка способов профилактики и усовершенствование методов диагностики бактериальных болезней птиц: дис. ... д-ра вет. наук: 06.02.02. - СПб., 2021. - 437 с.
6. Терлецкий, В.П. Генотипирование как метод в превентивной ветеринарии / В.П. Терлецкий, О.Б. Новикова, В.И. Тыщенко // Эффективное животноводство. - 2018. - №2. - С. 44-45.
7. Сколотнева, Е.С. Методы генотипирования бактерий: фрагментный анализ / Е.С. Сколотнева, Р.А. Волкова, Е.В. Эльберт [и др.] // Биопрепараты. Профилактика, диагностика, лечение. - 2014. - №2. - С. 13-21.
8. Лаптев, Г.Ю. Здоровый микробиом кур / Г.Ю. Лаптев, Е.А. Йылдырым, Л.А. Ильина // Ценовик. - 2018. - №10. - С. 44-51.
9. Ацаева, М.М. Молекулярно-генетические методы типирования микроорганизмов и их использование в животноводстве / М.М. Ацаева, И.Х. Шахбиев, А.И. Тамриев [и др.] // Вестник совр. исследований. - 2018. - №9.1. - С. 89-91.
10. Бондарева, О.С. Современные подходы к генотипированию возбудителей особо опасных инфекций / О.С. Бондарева, С.С. Савченко, Г.А. Ткаченко [и др.] // Эпидемиология и инфекционные болезни. - 2014. - №1. - С. 34-44.
11. Терлецкий, В.П. Разработка эффективного и быстрого метода идентификации патогенных штаммов кишечной палочки, выделенной из различных органов кур / В.П. Терлецкий, О.Б. Новикова // Исслед. в обл. естеств. наук. - 2015. - №6. - С. 16-21.
12. Терлецкий, В.П. Молекулярно-генетический анализ микроорганизмов как инструмент в системе профилактики инфекционных заболеваний животных / В.П. Терлецкий, В.И. Тыщенко, О.Б. Новикова, Р.Х. Гайрабеков // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. - 2015. - №7. - С. 58-62.



13. Волкова, Р.А. Проблемы генотипирования микроорганизмов / Р.А. Волкова, Е.С. Сколотнева, Е.В. Эльберт [и др.] // Биопрепараты. Профилактика, диагностика, лечение. - 2016. - Т. 16. - №3. - С. 139-144.
14. Holzer, K. Tracking the distribution of *Brucella abortus* in Egypt based on core genome SNP analysis and *in silico* MLVA-16 / K. Holzer, M. El-Diasty, G. Wareth [et al.] // Microorganisms. - 2021. - V. 9. - No 9. - P. 1942.
15. Kevin, M. Phylogeography and genetic diversity of *Francisella tularensis subsp. holarctica* in France (1947–2018) / M. Kevin, G. Girault, M. A. Cherfa [et al.] // Front. Microbiol. - 2020. - V. 11. - P. 287.
16. Zincke, D. Nucleotide polymorphism assay for the identification of west African group *Bacillus anthracis*: A lineage lacking anthrose / D. Zincke, M. H. Norris, B. Kurmanov [et al.] // BMC Microbiol. - 2020. - V. 20. - No 1. - P. 6.
17. Mukhina, V. Genetic diversity, population structure and phylogeny of indigenous goats of Mongolia revealed by SNP genotyping / V. Mukhina, G. Svishcheva, V. Voronkova [et al.] // Animals. - 2022. - V. 12. - No 3. - P. 221.
18. Linde, J. Genotyping of *Francisella tularensis subsp. holarctica* from hares in Germany / J. Linde, T. Homeier-Bachmann, A. Dangel [et al.] // Microorganisms. - 2020. - V. 8. - No 12. - P. 1932.
19. Noone, J.C. Culture-independent genotyping, virulence and antimicrobial resistance gene identification of *Staphylococcus aureus* from orthopaedic implant-associated infections / J.C. Noone, F.A. Ferreira, H.V. Aamot // Microorganisms. - 2021. - V. 9. - No 4. - P. 707.
20. Zhang, X. Multi-locus sequence typing analysis of *Mycoplasma synoviae* isolates reveals unique sequence types in China / X. Zhang, Y. Chen, D. Xie [et al.] // Vet. Microbiol. - 2021. - V. 259. - P. 109101.
21. Sen, K. Genotypic analyses and antimicrobial resistance profiles of *Campylobacter jejuni* from crows (*Corvidae*) of United States and India reflect their respective local antibiotic burdens / K. Sen, T. Berglund, N. Patel [et al.] // J. Appl. Microbiol. - 2021. - V. 132. - No 1. - P. 696-706.
22. Public databases for molecular typing and microbial genome diversity // PubMLST URL: <https://pubmlst.org/> (дата обращения: 10.05.2022).
23. Гончарова, Ю.О. Мультилокусное сиквенс-типирование штаммов сибиреязвенного микроба, выделенных на территории России и сопредельных государств / Ю.О. Гончарова, И.В. Бахтеева, Р.И. Миронова [и др.] // Проблемы особо опасных инфекций. - 2021. - №1. - С. 95-102.
24. Sabat, A.J. Overview of molecular typing methods for outbreak detection and epidemiological surveillance / A.J. Sabat, A. Budimir, D. Nashev [et al.] // Euro Surveill. - 2013. - V. 18. - No 4. - P. 20380.
25. Li, Z.J. Molecular typing of *Brucella suis* collected from 1960s to 2010s in China by MLVA and PFGE / Li Z.J., Cui B.Y., Chen H., Piao D.R. [et al.] // Biomed. Environ. Sci. - 2013. - V. 26. - No 6. - P. 504-508.
26. Ерошенко, Г.А. Стандартный алгоритм молекулярного типирования штаммов *Yersinia pestis* / Г.А. Ерошенко, Г.Н. Одинокоев, Л.М. Куклева [и др.] // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. - 2012. - №3. - С. 25-35.

#### Сведения об авторах:

**Новикова О.Б.:** доктор ветеринарных наук, профессор каф. птицеводства и мелкого животноводства им. П.П. Царенко<sup>1</sup>, доцент каф. эпизоотологии им. В.П. Урбана<sup>2</sup>; [ksuvet@mail.ru](mailto:ksuvet@mail.ru). **Герасимова А.О.:** аспирант отдела микробиологии; [gerasimova.alina.20@yandex.ru](mailto:gerasimova.alina.20@yandex.ru). **Овчарова Е.С.:** кандидат ветеринарных наук, зав. отделом микробиологии; [ovcharova\\_el@bk.ru](mailto:ovcharova_el@bk.ru).

Статья поступила в редакцию 27.06.2023; одобрена после рецензирования 11.07.2023; принята к публикации 21.07.2023.

#### Review article

### Application of Molecular Genetic Methods in Diagnostics of Bacterial Diseases in Poultry: A Review

Oksana B. Novikova<sup>1,2</sup>, Alina O. Gerasimova<sup>3</sup>, Elena S. Ovcharova<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Saint-Petersburg State Agrarian University; <sup>2</sup>Saint-Petersburg State Academy of Veterinary Medicine;

<sup>3</sup>All-Russian Research Veterinary Institute of Poultry Science - branch of the Federal Scientific Center "All-Russian Research and Technological Institute of Poultry" of Russian Academy of Sciences

**Abstract.** The rapid development of large-scale poultry production gave rise to a range of threads including the introduction and spread of pathogens. Biosafety of poultry enterprises largely depends on the timely and accurate diagnosis of infectious diseases. The traditional bacteriological diagnostic methods are presently receding into the background giving way to modern molecular genetic methods. Genotyping can solve many diagnostic tasks with high accuracy in a short time. Methods with high discrimination and rapidly evolving markers (RAPD-PCR, HTM, DGE, MLVA, MLST) are suitable for monitoring local outbreaks of epidemics and epizootics. Methods with low discrimination and poorly evolving markers (PFGE, RFLP, AFLP, DNA microarrays, MLST) can be used for population studies, genomic mapping, production of therapeutic, preventive, and diagnostic preparations. Thus, the choice of the genotyping method directly depends on the specific task.

**Keywords:** genotyping, epizootology, DNA, restriction, electrophoresis, amplification, hybridization.

**For Citation:** Novikova O.B., Gerasimova A.O., Ovcharova E.S. (2023) Application of molecular genetic methods in diagnostics of bacterial diseases in poultry: a review. *Ptitsevodstvo*, 72(7-8): 82-88. (in Russ.)  
**doi:** 10.33845/0033-3239-2022-72-7-8-82-88

## References

- Larkina TA (2018) Relationship of *FABP2* (-561A>C) gene polymorphism with abdominal fat content in chickens of meat poultry production. *Her. Milk Prod.*, (2):53-60 (in Russ.).
- Laptev GY, Ilyina LA, Tarlavin NV, Dunyashchev TP, Ponomareva ES (2020) Epizootological monitoring of intestinal microbial communities in poultry at a commercial farm. *Gastroenterol. St. Petersburg*, (1-2):90-1 (in Russ.).
- Khokhlachev OF (2014) Diagnostical monitoring as an important part of biosecurity of poultry farms. *Proc. X Baltic Forum of Vet. Medicine and Food Security*, St. Petersburg:180-1 (in Russ.).
- Global cooperation in countering emerging animal and zoonotic diseases // World Organisation for Animal Health; URL: <https://www.oie.int/app/uploads/2021/03/global-cooperation-oie1.pdf> (access date 01.05.2022).
- Novikova OB (2021) Development of Methods of Prevention and Advancement of Methods of Diagnostics of Bacterial Diseases in Poultry: Dr. of Vet. Sci. Dis., St. Petersburg, 437 pp. (in Russ.).
- Terletsky VP, Novikova OB, Tyshchenko VI (2018) Genotyping as a method of preventive veterinary medicine. *Effect. Anim. Prod.*, (2):44-5 (in Russ.).
- Skolotneva ES, Volkova RA, Elbert EV, Mironov AN, Merkulov VA, Bondarev VR, Borisevich IV (2014) Bacterial genotypic methods: banding pattern based analysis. *Biol Prod. Preven. Diagn. Treatm.*, (2):13-21 (in Russ.).
- Laptev GY, Yildyrym EA, Ilyina LA (2018) Healthy microbiome of chicken. *Tsenovik*, (10):44-51 (in Russ.).
- Atsaeva MM, Shakhbiev IK, Tamriev AI, Kiskaev RK, Shakhnamirov IY (2018) Molecular genetic methods of genotyping of microorganisms and their application in animal production. *Her. Modern Res.*, (9.1):89-91 (in Russ.).
- Bondareva OS, Savchenko SS, Tkachenko GA, Abueva AI, Muratova YO, Antonov VA (2014) Modern approaches to genotyping of causative agents of particularly dangerous infections. *Epidemiol. Inct. Dis.*, (1):34-44 (in Russ.).
- Terletsky VP, Novikova OB (2015) Development of efficient and fast identification technique for pathogenic strains of *Escherichia coli* isolated from various chicken organs. *Res.Life Sci.*, (6):16-21 (in Russ.).
- Terletsky VP, Tyshchenko VI, Novikova OB, Gairabekov RK (2015) Molecular genetic analysis of microorganisms as a tool in preventive measures against animal infectious diseases. *Vet. Zootech. Biotechnol.*, (7):58-62 (in Russ.).
- Volkova RA, Skolotneva ES, Elbert EV, Mytisa ED, Davydov DS, Movsesyan AA, Merkulov VA, Bondarev VR, Borisevich IV (2016) Genotyping problems of microorganisms. *Biol Prod. Preven. Diagn. Treatm.*, **16**(3):139-44 (in Russ.).
- Holzer K, El-Diasty M, Wareth G, Abdel-Hamid NH, Hamdy MER, Moustafa SA, Linde J, Bartusch F, Sayour AE, Elbauomy EM, Elhadidy M, Melzer F, Beyer W (2021) *Microorganisms*, **9**(9):1942; doi 10.3390/microorganisms9091942.
- Kevin M, Girault G, Caspar Y, Cherfa MA, Mendy C, Tomaso H, Gavier-Widen D, Escudero R, Maurin M, Durand B, Ponsart C, Madani N (2020) *Front. Microbiol.*, **11**:287; doi 10.3389/fmicb.2020.00287.
- Zincke D, Norris MH, Kurmanov B, Hadfield TL, Blackburn JK (2020) *BMC Microbiol.*, **20**(1):6; doi 10.1186/s12866-019-1693-2.
- Mukhina V, Svishcheva G, Voronkova V, Stolpovsky Y, Piskunov A (2022) *Animals*, **12**(3):221; doi 10.3390/ani12030221.
- Linde J, Homeier-Bachmann T, Dangel A, Riehm JM, Sundell D, Öhrman C, Forsman M, Tomaso H (2020) *Microorganisms*, **8**(12):1932; doi 10.3390/microorganisms8121932.
- Noone JC, Ferreira FA, Aamot HV (2021) *Microorganisms*, **9**(4):707; doi 10.3390/microorganisms9040707.
- Zhang X, Chen Y, Xie D, Guo M, Ma S, Chen M, Chu D, Wu Y (2021) *Vet. Microbiol.*, **259**:109101; doi 10.1016/j.vetmic.2021.109101.
- Sen K, Berglund T, Patel N, Chhabra N, Ricci DM, Dutta S, Mukhopadhyay AK (2021) *J. Appl. Microbiol.*, **132**(1):696-706; doi 10.1111/jam.15220.
- Public databases for molecular typing and microbial genome diversity // PubMLST; URL: <https://pubmlst.org/> (access date 10.05.2022).
- Goncharova OY, Bakhteeva IV, Mironova RI, Bogun AG, Khlopovala KV, Timofeev VS (2021) *Probl. Particul. Danger. Infect.*, (1):95-102; doi 10.21055/0370-1069-2021-1-95-102 (in Russ.).
- Sabat AJ, Budimir A, Nashev D, Sá-Leão R, van Dijk Jm, Laurent F, Grundmann H, Friedrich AW (2013)



*Euro Surveill.*, **18**(4):20380; doi 10.2807/ese.18.04.20380-en. **25.** Li ZJ, Cui BY, Chen H, Chen JD, Zhao HY, Piao DR, Jiang H, Zhang L, Tang X, Ke CW, Yao Z, Tian GZ (2013) *Biomed. Environ. Sci.*, **26**(6):504-8; doi 10.3967/0895-3988.2013.06.013. **26.** Yeroshenko GA, Odinokov GN, Kukleva LM, Pavlova AI, Krasnov YM, Shavina NY, Guseva NP, Vinogradova NA, Kuttyrev VV (2012) Standard procedure of molecular genotyping of *Yersinia pestis* strains. *J. Microbiol. Epidemiol. Immunobiol.*, (3):25-35 (in Russ.).

**Authors:**

**Novikova O.B.:** Dr. of Vet. Sci., Prof of Dept. of Poultry and Small Animals named after P.P. Tsarenko<sup>1</sup>, Assoc. Prof. of Dept. Epizootology named after V.P. Urban<sup>2</sup>; ksuvet@mail.ru. **Gerasimova A.O.:** Aspirant, Dept. of Microbiology; gerasimova.alina.20@yandex.ru. **Ovcharova E.S.:** Cand. of Vet. Sci., Head of Dept. of Microbiology; ovcharova\_el@bk.ru.

Submitted 27.06.2023; revised 11.07.2023; accepted 21.07.2023.

© Новикова О.Б., Герасимова А.О., Овчарова Е.С., 2023

