

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

Кваліфікаційна наукова праця
на правах рукопису

ЧЕМЕРОВСЬКА ІРИНА ОЛЕГІВНА

УДК 636.09:616.993-002.3/-022.7(043.3)

**СПЕКТР ЗООНОЗНИХ БАКТЕРІЙ, ВИДІЛЕНИХ ВІД ТВАРИН ЗА
РОЗВИТКУ ГНІЙНИХ ІНФЕКЦІЙ**

Спеціальність: 211 – “Ветеринарна медицина”

Галузь знань: 21 – “Ветеринарна медицина”

Подається на здобуття наукового ступеня доктора філософії

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей, результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело.

 Ірина ЧЕМЕРОВСЬКА

Науковий керівник:

Ірина РУБЛЕНКО, доктор
ветеринарних наук, професор

Біла Церква – 2025

АНОТАЦІЯ

Чемеровська І.О. “Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій” – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 – “Ветеринарна медицина” (21 – “Ветеринарна медицина”). Білоцерківський національний аграрний університет, Біла Церква, 2025.

У дисертаційній роботі вивчено поширеність зоонозних збудників серед тварин різних видів (собак, котів, великої рогатої худоби, оленів). Вперше в Україні проведено дослідження біологічного матеріалу, відібраного від тварин із гнійними інфекціями та вивчено поширеність зоонозних патогенів за результатами проведеного аналізу контролю продуктів харчування та сировини тваринного походження. Встановлено поширеність *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*. Проведено моніторинг збудників ранової інфекції, визначено спектр мікрофлори та встановлено її резистентність до антибіотиків у тварин різних видів. Встановлено можливість практичного використання поживного середовища ГМПА, кров'яного ГМПА та АРІ-тесту із молекулярно-генетичними методами дослідження клінічних ізолятів.

Матеріалом для дослідження були собаки, коти, велика рогата худоба, олені, гнійний ексудат, мікроорганізми: *Enterobacter spp.* (*Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella spp.*, *Micrococcus spp.*, *Enterococcus spp.*, *Acinetobacter spp.*, *Kocuria spp.* та ін.).

Робота включає три основні етапи досліджень. На першому етапі провели аналіз поширення мікроорганізмів у сировині, продуктах харчування протягом 2020 – 2024 рр. Встановлено наявність бактерій *Staphylococcus spp.*, *Escherichia coli* та *Proteus spp.* Під час проведеного аналізу виявлено, що найбільшу кількість *Staphylococcus spp.* ідентифіковано із м'яса свинини ($1,53 \pm 0,28$ %, зокрема у 2020, 2022, 2023 рр.), *Escherichia coli* із води питної ($1,72 \pm 0,97$ %, зокрема у 2023,

2020 рр.), а *Proteus spp.* – із напівфабрикатів із м'яса ($0,13 \pm 0,04$ %, зокрема у 2021, 2023 рр.).

На другому етапі досліджували ізоляти бактерій виділені від тварин шляхом порівняння морфологічних, культуральних, біохімічних властивостей та аналізу чутливості до антибіотиків.

Встановлено, що спектр збудників ранових інфекцій у собак представлений такими бактеріями: *Staphylococcus spp.* – 15,20 %, *Staphylococcus pseudintermedius* та *Streptococcus spp.* по 14,0, *Escherichia coli* – 12,80, *Streptococcus canis* – 10,80, *Staphylococcus intermedius* – 8,90, *Enterobacter spp.* – 5,10, *Pseudomonas spp.* – 4,50, *Proteus mirabilis* – 3,80, *Proteus spp.* – 3,20 та *Klebsiella spp.* по 3,20 %. Визначено найпоширеніші гнійні інфекції у собак: 22,50 % – абсцеси, 21,60 – гнійні отити та 20,20 % – піометра. Піометру спричиняли збудники: 16,8 % – *Escherichia coli*, 16,10 – *Staphylococcus epidermidis*, 13,50 – *Streptococcus spp.*, по 11,20 – *Staphylococcus spp.* та *Streptococcus canis*, 10,10 % – *Pseudomonas spp.*; абсцес: 11,10 % – *Escherichia coli* та 10,10 % – *Staphylococcus spp.*; гнійні отити: 14,70 % – *Streptococcus spp.*, 11,60 – *Staphylococcus spp.*, по 9,40 – *Klebsiella spp.*, *Staphylococcus intermedius*, *Streptococcus canis*, по 8,40 – *Proteus spp.*, *Staphylococcus pseudintermedius*, *Staphylococcus epidermidis*, 7,40 – *Escherichia coli*, 7,30 – *Proteus mirabilis*, 5,20 % – *Enterobacter spp.*

Визначено найпоширеніші гнійні інфекції у котів: 38,80 % – абсцеси, 15,50 – гнійні отити, 20,20 – піометра та 25,20 % – рани. Піометру переважно спричиняли збудники: 20,50 % – *Staphylococcus aureus*, 17,90 – *Escherichia coli*, 15,40 – *Staphylococcus epidermidis*, 13,50 – *Escherichia coli*, 12,80 – *Staphylococcus epidermidis*, 11,50 – *Candida albicans*, 10,80 – *Staphylococcus aureus*, 10,30 – *Streptococcus uberis*; гнійні отити: 23,80 – *Escherichia coli*, 23,70 – *Staphylococcus epidermidis*, 13,60 – *Staphylococcus aureus*; рани: 19,80 % – *Staphylococcus epidermidis*, 16,60 – *Escherichia coli*, 13,50 – *Staphylococcus aureus*, 9,40 % – *Staphylococcus uberis*; абсцеси: 13,50 % – *Escherichia coli*, 12,80 – *Staphylococcus epidermidis*, 11,50 – *Candida albicans*, 10,80 % – *Staphylococcus aureus*.

У результаті вивчення виділених ізолятів від котів, собак встановлено, що за розвитку піометри, абсцесу, гнійних ран та отитів поширеними спільними збудниками є: *Escherichia coli*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*.

Встановлено, що у ексудаті гнійних ран і абсцесів поширеними спільними збудниками є: *Staphylococcus spp.* та *Micrococcus luteus*, *Bacillus megaterium* та *Acinetobacter spp.*

Досліджено мікрофлору гнійного ексудату від великої рогатої худоби, за ендометриту та встановлено, що поширеними є наступні бактерії: *Micrococcus luteus* – 15,39 % та *Enterococcus faecalis* – 13,46 %. Дещо менший відсоток виділено та ідентифіковано *Staphylococcus aureus* – 9,61 %, *Staphylococcus chromogenes* – 9,61 %, *Escherichia coli* – 9,61 %. Окрім того, менший відсоток виділено у *Pseudomonas aeruginosa* (7,69 %), *Staphylococcus haemolyticus* (5,77 %) та *Staphylococcus gallinarum* (5,77 %). Найменший відсоток припадає на патогени: *Staphylococcus simulans* (3,85 %), *Staphylococcus equorum* (3,85 %), *Streptococcus spp.* (3,85 %) та *Pseudomonas spp.* (3,85 %). Дослідження патогенних мікроорганізмів у гнійних ранах серед оленів свідчить про поширення: *Staphylococcus spp.* – 37,46 %, *Staphylococcus spp.* – 36,85, *Escherichia coli* – 21,05, *Streptococcus spp.* – 7,90, *Proteus spp.* – 5,26 %. У випадку розвитку абсцесів встановлено поширеність: *Staphylococcus spp.* – 40,90 % *Staphylococcus spp.* – 37,46, *Escherichia coli* – 27,27 та *Streptococcus spp.* – 9,09 %. Встановлено, що у ексудаті гнійних ран і абсцесів, отриманих від оленів, поширеними спільними збудниками є: *Staphylococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* та *Escherichia coli*.

На третьому етапі проведено дослідження чутливості в ізолятів до антибіотиків. Встановлено резистентність у ізолятів *Staphylococcus aureus* (n=20) виділених від собак. Найвищу резистентність виявлено в ізолятів, серед виділених, до еритроміцину (67,86 %) та лінкоміцину (71, 43 %, p<0,001). Чутливість ізолятів зафіксовано до амоксициліну (42,86 %), цефазоліну (57,14 %), тетрацикліну (62,50 %), цефтріаксону (73,22 %), цефотаксину (83,93 %), ципрофлоксацину (55,36 %), амікацину (76,76 %), ампіциліну (83,93 %), норфлоксацину (66,07 %), гентаміцину (78,57 %) та нетілміцину (78,57 %).

Встановлено стійкість до антибіотиків у ізолятів *Escherichia coli*, виділених та ідентифікованих від собак, до лінкоміцину (10,34 %), цефтріаксону (10,34 %), амікацину (10,34 %), амоксициліну (6,90 %), цефазоліну (1,72 %) та тетрацикліну (8,62 %). Зокрема, найвища стійкість (серед резистентних ізолятів) визначена до амікацину, амоксициліну ($p < 0,001$) порівняно з цефтріаксоном та цефотаксимом.

Встановлено резистентність до антибіотиків у ізолятів *Staphylococcus aureus*, виділених від котів, до амоксициліну (16,67 %), тетрацикліну (9,10 %) та цефтріаксону (9,10 %). Чутливість ізолятів зафіксовано до амоксициліну (36,36 %), еритроміцину (48,48 %), цефазоліну (63,64 %), тетрацикліну (57,57 %), лінкоміцину (69,70 %), цефтріаксону (54,55 %), цефотоксину (66,67 %), ципрофлоксацину (69,70 %), амікацину (59,09 %), ампіциліну (69,70 %), левофлоксацину (96,97 %), норфлоксацину (84,85 %), гентаміцину (93,93 %) та нетілміцину (100 %). Зокрема, виявлено вірогідно ($p < 0,001$) вищу резистентність до еритроміцину, цефазоліну та ампіциліну, порівняно з гентаміцином, лінкоміцином та тетрацикліном.

У ізолятів *Escherichia coli*, виділених від собак, за допомогою праймерів до генів EBC, CIT, FOX та MOX виявлено наявність бета-лактамази AmpC, що підкреслює актуальність проблеми поширення резистентних збудників серед пацієнтів ветеринарної медицини та наголошує на необхідності проведення подальших досліджень. Отримані результати мають важливе значення у вивченні патогенної мікрофлори (оскільки синтез ферменту бета-лактамази відповідає за їх стійкість проти антибіотиків) та її поширенні у продуктах харчування, кормах, із метою забезпечення здоров'я тварин і людей через гарантування безпеки харчових продуктів, контроль їх якості, запобігання розвитку і поширенню зоонозів (інфекцій, що передаються від тварин до людей, зокрема через харчові продукти), вивчення механізмів інфекцій (для розробки ефективних схем лікування), створення профілактичних засобів (для боротьби з поширеними патогенами), а також проведення епідеміологічного моніторингу (відстеження патогенів у харчовому ланцюзі та серед тварин задля запобігання епідеміям).

Досліджено, що *Staphylococcus aureus*, виділені від великої рогатої худоби, є найбільш резистентні до амоксициліну (21,43 %), еритроміцину (19,65 %),

цефазоліну (14,29 %), а *Escherichia coli* – амоксициліну (8,34 %), лінкоміцину (8,33 %) та амікацину (8,33 %).

Результати вивчення спектру зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій, свідчать про поширеність мікроорганізмів: *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas spp.*, *Proteus spp.* Виявлено резистентність до антибіотиків у ізолятів *Escherichia coli* і *Staphylococcus spp.*, виділених від собак, котів та великої рогатої худоби, до: еритроміцину, лінкоміцину, цефазоліну. Встановлено, що: з м'яса свинини та напівфабрикатів (у 2020–2024 рр.) виділено *Staphylococcus spp.*; у напівфабрикатах із мяса (у 2020–2021 та 2023–2024 рр.), молока (у 2021 р. та 2024 р.) – *Proteus spp.*; із води (у 2020–2021 та 2020–2024 рр.), овочів (у 2020–2021 рр.) і цукерок, солодошів, кондитерських виробів, компонентів (у 2020 р.) – *Escherichia coli*. Аналіз проведених досліджень свідчить про поширеність зоонозних антибіотикорезистентних бактерій (*Echerichia coli* та бактерій роду *Staphylococcus*) у продуктах харчування, сировині тваринного походження та серед тварин (собак, котів, великої рогатої худоби).

Ключові слова: зоонози, поширення, продукти харчування, собаки, коти, велика рогата худоба, олені, інфекція, мікроорганізми, *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, антибіотикорезистентність.

ANNOTATION

Chemerovska I.O. “Spectrum of zoonotic bacteria isolated from animals in the development of purulent wounds” - Qualification scientific work on the rights of a manuscript.

Dissertation for the degree of Doctor of Philosophy in the specialty 211 – “Veterinary Medicine” (21 – “Veterinary Medicine”). Bila Tserkva National Agrarian University, Bila Tserkva, 2025.

The dissertation study examined the prevalence of zoonotic pathogens among animals of different species (dogs, cats, cattle, deer). For the first time in Ukraine, a microbiological analysis of biological material collected from animals with purulent infections was conducted in comparison with the results of control of food and raw materials of animal origin. The prevalence of common zoonotic pathogens *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.* and *Pseudomonas aeruginosa* was proved. The pathogens of wound infection were monitored, the spectrum of microflora was determined, and its resistance to antibiotics in animals of different species was established. The possibility of practical use of the nutrient medium MMA, blood MMA and API-test with molecular genetic methods of studying clinical isolates was established.

The material for the study was dogs, cats, cattle, deer; microorganisms: *Enterobacter spp.* (*Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella spp.*, *Kocuria spp.*).

The work includes three main stages of research. At the first stage, an analysis of the spread of microorganisms in raw materials, food products during 2020 – 2024 was carried out. The study was conducted to determine compliance with the microbiological criteria for isolation of bacterial pathogens and the presence of pathogenic bacteria *Staphylococcus spp.*, *Escherichia coli* and *Proteus spp.* in raw materials and products of animal origin was established. The largest number of *Staphylococcus spp.* was found in pork meat ($1,53 \pm 0,28$ %, in particular in 2020, 2022, 2023), *Escherichia coli* – in water ($1,72 \pm 0,97$ %, in particular in 2023, 2020) and *Proteus spp.* in semi-finished meat products ($0,13 \pm 0,04$ %, in particular in 2021, 2023).

At the second stage, the isolates isolated from animals were studied by comparing morphological, cultural, biochemical properties and analyzing antibiotic sensitivity. It was found that the spectrum of pathogens of wound infections in dogs is represented by the following bacteria: *Staphylococcus spp.* 15,20 %, *Staphylococcus pseudintermedius* 14,0 %, *Streptococcus spp.* 14,0 %, *Escherichia coli* 12,80 %, *Streptococcus canis* 10,80 %, *Staphylococcus intermedius* 8,90 %, *Enterobacter spp.* – 5,10 %, *Pseudomonas spp.* 4,50 %, *Proteus mirabilis* 3,80 %, *Proteus spp.* 3,20 % and *Klebsiella spp.* 3,20 %.

The most common purulent infections in dogs were determined: 20,20 % pyometra, 22,50 % abscesses and 21,60 % purulent otitis media. Pyometra was caused by pathogens: 16,8 % – *Escherichia coli*, 13,50 % – *Streptococcus spp.*, 11,20 % – *Staphylococcus spp.*: 16,10 % – *Staphylococcus epidermidis*, 11,10 % – *Escherichia coli* and 10,10 % – *Staphylococcus spp.*: 14,70 % – *Streptococcus spp.*; 11,60 % – *Staphylococcus spp.*; 9,40 % – *Klebsiella spp.*; 9,40 % – *Staphylococcus intermedius*; 9,40 % – *Streptococcus canis*; 8,40 % – *Proteus spp.* 8,40 % – *Staphylococcus pseudintermedius*; 8,40 % – *Staphylococcus epidermidis*; 7,40 % – *Escherichia coli*; 7,30 % – *Proteus mirabilis*; 5,20 % – *Enterobacter spp.*

It was established that among the isolates isolated from cats, the most common pathogens of pyometra, abscesses, purulent wounds and otitis are: *Escherichia coli* (13,50–23,80 %), *Staphylococcus epidermidis* (12,80–20,50 %) and *Staphylococcus aureus* (10,80–20,50 %). *Escherichia coli* is most often detected both as a monoinfection and in association with other pathogens.

Based on the results of studies of biological material from cows with purulent endometritis, isolates were isolated: *Micrococcus luteus* – 15,39 % and *Enterococcus faecalis* – 13,46 %. A slightly lower percentage was found for *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus chromogenes* – 9,61 % each, *Pseudomonas aeruginosa* – 7,69 %, *Staphylococcus haemolyticus* and *Staphylococcus gallinarum* – 5,77 %, as well as *Staphylococcus simulans*, *Staphylococcus eguorum*, *Streptococcus spp.* and *Pseudomonas spp.* 3,85 % each. It was found that the most common common pathogens in the exudate of purulent wounds and abscesses are: *Staphylococcus spp.* and

Micrococcus luteus – 23,53% each, *Bacillus megaterium* and *Acinetobacter spp.* – 17,65 %.

The purulent microflora from cattle was studied and found to be common in purulent endometritis: *Micrococcus luteus* – 15,39 %, *Enterococcus faecalis* – 13,46 %, *Staphylococcus spp.* 37,46 % (6.36 ± 1.08), *Streptococcus spp.* 3,85 %, *Escherichia coli* – 16,60 %, *Pseudomonas aeruginosa* (7,69 %), *Proteus spp.* 30 %; in purulent wounds: *Bacillus megaterium* – 17,65 %, *Acinetobacter spp.* – 17,65 %, *Enterococcus faecalis* – 5,88 %, *Pseudomonas spp.* 5,88 %, *Proteus spp.* 5,88 %; in purulent abscesses: *Staphylococcus spp.* 26,67 % (3.81 ± 0.93), *Micrococcus luteus* 20,0 %, *Escherichia coli* 13,33 %, *Enterococcus faecalis* 11,11 %; in purulent mastitis: *Streptococcus uberis* 37,50 %, *Escherichia coli* 25,0 %; *Staphylococcus aureus* 50,0 %, *Streptococcus agalactiae* 25,0 %, *Pseudomonas aeruginosa* 25,0 %.

The study of pathogenic microorganisms among deer in purulent wounds indicates a widespread spread: *Staphylococcus spp.* 36,85 %, *Staphylococcus spp.* 37,46 % (7.89 ± 2.50), *Streptococcus spp.* 7,90 %, *Escherichia coli* 21,05 %, *Proteus spp.* 5,26 %. In the case of abscesses, it was found that: *Staphylococcus spp.* 40,90 %, *Staphylococcus spp.* 37,46 % (11.63 ± 2.54), *Streptococcus spp.* 9,09 %, and *Escherichia coli* 27,27 %.

At the third stage, a microbiological analysis of the prevalence of antibiotic-resistant isolates was performed. Resistance of *Staphylococcus aureus* isolates isolated from dogs to ceftriaxone (7,14 %), cefazolin (5,36 %) and ampicillin (5,36 %) was found. The highest level of resistance was found in isolates to erythromycin and lincomycin ($p < 0,001$). The susceptibility of isolates was recorded to amoxicillin (42,86 %), erythromycin (67,86 %), cefazolin (57,14 %), tetracycline (62,50 %), lincomycin (71,43 %), ceftriaxone (73,22 %), cefotaxim (83,93 %), ciprofloxacin (55,36 %), amikacin (76,76 %), ampicillin (83,93 %), levofloxacin (58,93 %), norfloxacin (66,07 %), gentamicin (78,57 %) and netilmicin (78,57 %).

The antibiotic susceptibility of *Escherichia coli* isolates isolated and identified from dogs to lincomycin (10,34 %), ceftriaxone (10,34 %), amikacin (10,34 %), amoxicillin (6,90 %), cefazolin (1,72 %) and tetracycline (8,62 %) was determined. In

particular, the highest resistance was determined to amikacin, amoxicillin and erythromycin ($p < 0,001$) compared to ceftriaxone and cefotaxin. Sensitive clinical isolates were detected to amoxicillin (48,27 %), erythromycin (60,34 %), cefazolin (39,65 %), tetracycline (58,63 %), lincomycin (44,83 %), ceftriaxone (34,49 %), cefotaxin (65,52 %), ciprofloxacin (55,17 %), amikacin (48,28 %), ampicillin (41,38 %), levofloxacin (53,45 %), norfloxacin (62,07 %), gentamicin (51,72 %) and netilmicin (48,27 %).

Antibiotic resistance in isolates of *Staphylococcus aureus* isolated from cats to amoxicillin (16,67 %), tetracycline (9,10 %) and ceftriaxone (9,10 %) was established. The susceptibility of isolates was recorded to amoxicillin (36,36 %), erythromycin (48,48 %), cefazolin (63,64 %), tetracycline (57,57 %), lincomycin (69,70 %), ceftriaxone (54,55 %), cephotoxin (66,67 %), ciprofloxacin (69,70 %), amikacin (59,09 %), ampicillin (69,70 %), levofloxacin (96,97 %), norfloxacin (84,85 %), gentamicin (93,93 %) and netilmicin (100 %). In particular, a significantly ($p < 0,001$) higher resistance to erythromycin, cefazolin and ampicillin was detected compared to gentamicin, lincomycin and tetracycline.

The presence of AmpC beta-lactamase was detected in *Escherichia coli* isolates isolated from dogs using primers for the EBC, CIT, FOX and MOX genes, which emphasizes the urgency of the problem of the spread of resistant pathogens among veterinary patients and emphasizes the need for further research. The results obtained are important for the study of pathogenic microflora isolated from food, feed and purulent infections in order to ensure the health of animals and humans by ensuring food safety, quality control, prevention of the development and spread of zoonoses (infections transmitted from animals to humans, in particular through food), study of infection mechanisms (to develop effective treatment regimens), creation of prophylactic agents (to combat common pathogens), as well as epidemiological surveillance.

It has been shown that *Staphylococcus aureus* isolated from cattle are the most resistant to amoxicillin (21,43 %), erythromycin (19,65 %), cefazolin (14,29 %), and *Escherichia coli* – to amoxicillin (8,34 %), lincomycin (8,33 %) and amikacin (8,33 %).

Key words: zoonoses, spread, food, dogs, cats, cattle, deer, infection, microorganisms, antibiotic resistance, *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.* *Streptococcus spp.*

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Статті у наукових фахових виданнях України:

1. **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О. Проблема антимікробної резистентності в Україні та світі. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 2. С. 33–42. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-176-2-33-41 (здобувачка провела аналіз літературних джерел, систематизувала дані сформулировала висновки та брала участь у написанні статті, 0,6 д.а).

2. Яремчук А. В., Чемеровський В. О., Рубленко М. В., **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О. Лікування ранової анаеробної інфекції у великої рогатої худоби: клінічний приклад у корови. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2023. № 2. С. 202–209. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-184-2-202-209 (здобувачка провела мікробіологічні дослідження, систематизувала дані та брала участь у написанні статті, 0,5 д.а).

3. **Chemerovska I. O.**, Rublenko I. O. Monitoring of microflora in case of infectious pathology in dogs and cats. *Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 2023. Vol. 25, № 112. P. 3–15. [DOI:10.32718/nvlvet11201](https://doi.org/10.32718/nvlvet11201) (здобувачка брала безпосередню участь у проведенні морфологічних і культуральних досліджень, формулюванні висновків та написанні статті, 1 д. а).

4. **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О., Мусієць І. В., Горбатюк О. І. Поширення патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів у сировині та продукції тваринного походження. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького*. 2024. № 116. С. 54–63. [DOI:10.32718/nvlvet11608](https://doi.org/10.32718/nvlvet11608) (здобувачка провела аналіз поширення умовно-патогенних мікроорганізмів, 1 д. а).

5. **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О. Визначення чутливості до антибіотиків у ізолятів, виділених від собак та котів. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2024. № 2. С. 69–87. DOI:10.33245/2310-4902-2024-192-2-69-87 (здобувачка безпосередню участь у вивченні антибіотикорезистентності збудників та підготувала статтю до друку, 1,5 д. а).

6. **Чемеровська І. О.** Дослідження мікрофлори великої рогатої худоби та оленів за розвитку ран, абсцесів та ендометритів. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького*. 2025. №. 117 С. 158–165. DOI:10.32718/nvlvet11722. (здобувачка безпосередню участь у вивченні антибіотикорезистентності збудників та підготувала статтю до друку, 0,5 д. а).

Матеріали науково-практичних конференцій:

1. **Чемеровська І. О.,** Тарануха С. І., Островський Д. М., Андрійчук А. В., Зоценко В. М., Рубленко І. О. Проблема діагностики інфекційних захворювань серед диких тварин в Україні. Матеріали Всеукраїнської науково-практичної конференції здобувачів вищої освіти “Молодь – аграрній науці і виробництву” Актуальні проблеми ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний університет Білоцерківський національний аграрний університет м. Біла Церква 19 травня 2022 р. С. 39–41 (здобувачка організувала проведення дослідження, виконала мікробіологічні дослідження, 0,8 д. а).

2. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О. Поширення інфекційних захворювань тварин та резистентності мікроорганізмів на території України. Міжнародна науково-практична конференція магістрантів. Наукові пошуки молоді у XXI столітті. Актуальні проблеми ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний університет м. Біла Церква 18 листопада 2021 р. С. 51–53 (здобувачка провела аналіз проблематики антибіотикорезистентності з літературних джерел, 0,15 д. а).

3. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О., Скрипник В. Г., Зоценко В. М., Островський Д. М., Тарануха С. І., Болібрух М. О. Сучасні методи діагностики та ідентифікації збудників зоонозів. Матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Аграрна освіта та наука: досягнення, роль, фактори росту сучасний розвиток ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний університет м. Біла Церква 20 жовтня 2022 р. С. 45–46 (здобувачка організувала проведення дослідів, було ідентифіковано збудників, 0,15 д. а).

4. **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О., Зоценко В. М. Моніторинг поширення інфекційних процесів у великої рогатої худоби. Наукова-конференція “Дні студентської науки” у Львівському національному університеті ветеринарної медицини та біотехнологій імені С. З. Гжицького, Факультет громадського розвитку та здоров’я. м. Львів 16-17 травня 2024 р. С. 480–485 (*здобувачка провела відбір досліджуваних проб від великої рогатої худоби за різних патологічних процесах, 0,15 д. а).*

5. **Чемеровська І. О.** Дослідження небезпечних зоонозних мікроорганізмів в Україні. Онлайн-конференція аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров’я та біотехнології “VetBioConnect” м. Харків 3 червня 2024 р (*здобувачка організувала проведення дослідів, виконала діагностику небезпечних зоонозних мікроорганізмів, 0,15 д. а).*

Методичні рекомендації:

1. Рубленко І. О., Зоценко В. М., Тарануха С. І., Островський Д. М., **Чемеровська І. О.** Загальна мікробіологія. Методичні рекомендації для студентів факультету ветеринарної медицини. Біла Церква, 2023. 70 с. (*здобувачка є автором ідеї, покладеної в основу розробки, брала безпосередню участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 2,9 д. а).*

Науково-практичні рекомендації

1. Рубленко І. О., **Чемеровська І. О.**, Рубленко С. В. Мікробіологічний пейзаж ексудату різних відів тварин за гнійно-запальних процесів. Науково-практичні рекомендації для студентів, практикуючих лікарів ветеринарної медицини, науково-педагогічним працівників, слухачів післядипломної освіти та аспірантів вищих навчальних закладів зі спеціальності 211 – “Ветеринарна медицина”. Біла Церква, 2025. 22 с (*здобувачка, брала безпосередню участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 0,9 д. а).*

Підручник

1. Рубленко І. О., Зоценко В. М., Островський Д. М., Тарануха С. І., **Чемеровська І. О.**, Болібрух М. О., Мусієць В. В., Чечет О. М., Горбатюк О. І. Ветеринарна мікробіологія. Біла Церква, 2024. 200 с. (здобувачка, брала участь у дослідженнях, підготовці та написанні підручника, 8,3 д. а).
https://rep.btsau.edu.ua/bitstream/BNAU/11923/1/спеc_micr.pdf.

ЗМІСТ

АНОТАЦІЯ.....	2
ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, ОДИНИЦЬ І СКОРОЧЕНЬ.....	18
ВСТУП.....	20
РОЗДІЛ 1. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ.....	28
1.1. Найпоширеніші умовно-патогенні та патогенні мікроорганізми та їх роль.....	28
1.2. Аналіз проблеми антибіотикорезистентності, викликані поширеними патогенами.....	35
1.3. Принцип формування стратегії боротьби з резистентністю мікроорганізмів.....	41
1.4. Висновки з огляду літератури.....	42
РОЗДІЛ 2. МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	45
РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	58
3.1. Поширення мікроорганізмів у сировині, продуктах харчування та гнійному ексудаті тварин.....	58
3.1.1. Поширення умовно-патогенних, та патогенних мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування.....	58
3.1.2. Поширеність патогенних мікроорганізмів серед собак.....	68
3.1.3. Поширеність патогенних мікроорганізмів серед котів.....	73
3.1.4. Поширеність патогенних мікроорганізмів серед великої рогатої худоби та оленів.....	79
3.2. Дослідження біологічних властивостей клінічних ізолятів бактерій.....	85
3.2.1. Вивчення біологічних особливостей у виділених ізолятів.....	86
3.2.2. Культивування <i>Escherichia coli</i> на середовищі ГМПА та КГМПА.....	88
3.2.3. Дослідження біологічних властивостей ізолятів <i>Staphylococcus spp.</i>	92

3.2.4. Дослідження ферментативних властивостей ізолятів бактерій.....	96
3.3. Дослідження чутливості до антибіотиків у виділених ізолятах.....	98
3.3.1. Поширеність генів бета-лактамаз розширеного спектру типу AmpC у клінічних ізолятах <i>Escherichia coli</i> , виділених від тварин.....	118
3.4. Порівняльна характеристика досліджених ізолятів бактерій.....	127
РОЗДІЛ 4. АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕННЯ.....	131
ВИСНОВКИ.....	143
ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ.....	146
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ.....	148
ДОДАТКИ.....	174

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, ОДИНИЦЬ І СКОРОЧЕНЬ

ДНДІЛДВСЕ – Державного науково-дослідного інституту з лабораторної діагностики і ветеринарно-санітарної експертизи

ДНКІБШМ – Державний наукова-контрольний інститут біотехнології і штамів мікроорганізмів

БНАУ – Білоцерківський національний аграрний університет

МОЗ – Міністерство охорони здоров'я

МЕБ – Міжнародне епізоотичне бюро

ДНК – дезоксирибонуклеїнова кислота

ПЛР – полімеразна ланцюгова реакція

ВООЗ – Всесвітня організація охорони здоров'я

П – помірно чутливий до антибіотиків штам

Р – резистентний до антибіотиків штам

Ч – чутливий до антибіотиків штам

р – достовірна вірогідність

МПА – м'ясо-пептонний агар

МПБ – м'ясо-пептонний бульйон

XLD – кселозний дезоксехолатний агар

ЖСА – жовтков-сольовий агар

КМПА – кров'яний м'ясо-пептонний агар

ТЦА – трицукровий агар

ГМПА – грибний м'ясо-пептонний агар

КГМПА – кров'яно-грибний м'ясо-пептонний агар

EUCAST – контроль якості визначення чутливості до антибіотиків

КУО – колонієутворювальна одиниця

США – Сполучені Штати Америки

мкл – мікролітр

нм – нанометр

Staphylococcus spp. – *Staphylococcus subspecies*

Proteus spp. – Proteus subspecies

Streptococcus spp. – Streptococcus subspecies

E. coli – Escherichia coli

Pseudomonas spp. – Pseudomonas subspecies

ВСТУП

Обґрунтування вибору теми дослідження. Поширення зоонозних резистентних мікроорганізмів є серйозною загрозою для життєдіяльності тварин і людей, а також для системи охорони здоров'я. Основними причинами поширення резистентності є надмірне та неконтрольоване використання антибіотиків у ветеринарній медицині, сільському господарстві та медицині, що сприяє природній селекції стійких штамів бактерій. Ризик виникнення інфекцій, які важко піддаються лікуванню антибіотиками, підвищує рівень поширення патогенів та зростання показників смертності. Передача резистентних мікроорганізмів через прямий контакт із зараженими тваринами, споживання інфікованих продуктів, забруднену воду та навколишнє середовище координується лише за ефективного моніторингу та контролю за використанням антимікробних препаратів. Для вирішення проблеми необхідний комплексний підхід концепції “Єдине здоров'я”.

Дослідження продуктів харчування, сировини тваринного походження на наявність патогенних мікроорганізмів відіграє ключову роль у забезпеченні безпеки харчових продуктів та захисті здоров'я населення. Основне завдання – виявлення та ідентифікація небезпечних мікроорганізмів, таких як *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*, які можуть спричиняти харчові отруєння та інші інфекційні захворювання. Контроль фахівців ветеринарної медицини за мікробіологічною безпекою допомагає оцінити рівень забрудненості продуктів, розробити ефективні методи знищення небезпечних бактерій та запобігти їхньому поширенню в харчовому ланцюгу. Таким чином, мікробіологічний аналіз харчових продуктів є невід'ємною частиною системи забезпечення якості та безпеки харчових продуктів. Він знижує ризики для здоров'я споживачів і допомагає запобігати масовим спалахам харчових інфекцій. Проте дослідження лише поширення патогенів у продуктах харчування не забезпечить зниженню резистентності в цілому. Оскільки відсутні дані порівняльних досліджень мікрофлори, виділеної з продуктів харчування та сировини тваринного походження, а також найбільш небезпечних гнільних мікроорганізмів, актуальним є питання

вивчення мікробіологічного аналізу й антибіотикорезистентності зоонозних бактерій.

Дослідження поширення гнильної резистентної мікрофлори від тварин має важливе значення для забезпечення санітарно-епідеміологічної безпеки, контролю якості харчових продуктів і запобігання розповсюдженню антибіотикорезистентних штамів бактерій.

Гнильна мікрофлора, що включає бактерії, здатні до розкладання органічних речовин, містить стійкі до антимікробних препаратів штами, які не лише зберігаються в навколишньому середовищі, а й передаються через контакт із тваринами (зокрема тваринами-компаньйонами: собаками, котами), забруднену воду, корми, а також потрапляють до харчових продуктів. Вивчення їх наявності дозволяє оцінити поширення та ризики зараження продукції тваринного походження, розробити методи щодо зниження мікробіологічного забруднення, мінімізувати ризики для здоров'я людини і вдосконалювати системи біобезпеки у сфері тваринництва та харчової промисловості.

Одже, вивчення мікробіологічного аналізу та антибіотикорезистентності зоонозних мікроорганізмів, виділених від тварин за розвитку гнійних процесів, а також із сировини та продуктів тваринного походження, є критично важливим для охорони здоров'я та харчової безпеки.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Дисертаційна робота є складовою частиною науково-дослідної роботи у межах програми підготовки доктора філософії (2021–2025 рр), виконання науково-дослідної роботи “Поширення інфекційних хвороб тварин на території України та визначення в їх збудників антибіотикорезистентності” (№ 7705 договору, № державної реєстрації 0120U104974, 2021 рік), “Вивчення антибіотикорезистентності у патогенних штамів, виділених від тварин, води та риби” (№ договору 7706, № державної реєстрації 0125U001164, 2025 рік) та “Вивчення антибіотикорезистентності у патогенних ізолятів, виділених від птиці та з кормів” (№ договору 7706, № державної реєстрації 0125U001163, 2025 рік).

Метою дисертаційної роботи провести мікробіологічний аналіз та вивчити антибіотикорезистентність зоонозних мікроорганізмів, виділених від тварин за розвитку гнійних процесів та продуктів харчування.

Для досягнення мети необхідно було вирішити **завдання**:

- вивчити поширення патогенних мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування;
- вивчити поширення патогенних мікроорганізмів серед собак, котів, великої рогатої худоби та оленів;
- виділити, ідентифікувати та дослідити клінічні ізоляти патогенів:
- вивчити біологічні особливості у виділених ізолятах:
- вивчити чутливість до антибіотиків у виділених ізолятах;
- вивчити поширеність генів бета-лактамаз розширеного спектру типу AmpC у клінічних ізолятах *Escherichia coli*, виділених від тварин.

Об'єкт дослідження – патогенні ізоляти, мікробіологічний аналіз.

Предмет дослідження – поширення резистентних мікроорганізмів.

Методи дослідження – клінічні, епізоотологічні (визначення поширення мікроорганізмів), бактеріологічні (мікроскопічні, культуральні, тинкторіальні, морфологічні, біохімічні властивості, визначення чутливості до антибіотиків), статистичні (оцінка вірогідності отриманих даних), молекулярно-біологічні (полімеразна ланцюгова реакція).

Наукова новизна одержаних результатів.

Обґрунтовано мікробіологічний аналіз дослідженого гнійного біологічного матеріалу від собак, котів, великої рогатої худоби, оленів за розвитку гнійних процесів (ран, абсцесів, ендометритів, піодермій, отитів, піометр) різної етіології, із порівнянням результатів моніторингу продуктів харчування, сировини тваринного походження. Вивчено поширеність патогенних мікроорганізмів (*Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas spp.* тощо) серед тварин, у порівнянні їхніх біологічних властивостей та чутливості до антибіотиків. Практично застосовано поживні середовища ГМПА та кров'яний ГМПА, Арі-тест у поєднанні з молекулярно-генетичними методами дослідження клінічних ізолятів.

У м'ясі тварин виявлено бактерії роду *Staphylococcus* у 10,11 % досліджених проб. Встановлено найвищий відсоток інфікованих зразків м'яса (2,27 %) у 2023 р. У досліджених 8268 зразків напівфабрикатів із м'яса сільськогосподарських тварин виявлено інфікування – у 1,63 %, виявлено найвищий відсоток (0,48 %) інфікованих напівфабрикатів у 2020 році (у 2021 р. досліджено 1623 зразки означених напівфабрикатів та виявлено ізоляти *Staphylococcus spp.* у 0,55 %. У 2022 р. серед 1173 дослідних зразків напівфабрикатів із м'яса сільськогосподарських тварин *Staphylococcus spp.* виділено 0,08 %. Виявлено 0,28 % позитивних випадків виділення бактерій роду *Staphylococcus* після випробувань зразків означених напівфабрикатів у 2023 р. Незначно менший відсоток виявили стафілококів у 2024 р (0,24 %).

Визначено широкий спектр збудників ранової інфекції у собак: *Staphylococcus spp.* – 15,20 %, *Staphylococcus pseudintermedius* та *Streptococcus spp.* – 14,0, *Escherichia coli* – 12,80, *Streptococcus canis* – 10,80, *Staphylococcus intermedius* – 8,90, *Enterobacter spp.* – 5,10, *Pseudomonas spp.* – 4,50, *Proteus mirabilis* – 3,80, *Proteus spp.* – 3,20 та *Klebsiella spp.* – 3,20 %.

Встановлено, що за дослідного періоду (2020–2024 pp.) найпоширенішими запальними захворюваннями у собак є: абсцеси (22,50 %), гнійні отити (21,60 %) та піометри (20,20 %). Зокрема, піометру спричиненняють збудники: *Escherichia coli* (16,8 %), *Streptococcus spp.* (13,50 %), *Staphylococcus spp.* (11,20 %), *Streptococcus canis* (11,20 %) та *Pseudomonas spp.* (10,10 %); абсцес: *Staphylococcus epidermidis* (16,10 %), *Escherichia coli* (11,10 %) та *Staphylococcus spp.* (10,10 %); гнійні отити: *Streptococcus spp.* – (14,70 %), *Staphylococcus spp.* – (11,60 %), *Klebsiella spp.* – (9,40 %), *Staphylococcus intermedius* – (9,40 %), *Streptococcus canis* – (9,40 %), *Proteus spp.* – (8,40 %), *Staphylococcus pseudintermedius* – (8,40 %), *S. epidermidis* – (8,40 %), *Escherichia coli* – (7,40 %), *Proteus mirabilis* – (7,30 %), *Enterobacter spp.* – (5,20 %).

Виділено, ідентифіковано та вивчено ізоляти від котів, найпоширеніші збудники за розвитку піометри були: 20,50 % – *Staphylococcus aureus*, 17,90 – *Escherichia coli*, 15,40 – *Staphylococcus epidermidis*, 10,30 % – *Streptococcus uberis*;

рани: *Staphylococcus epidermidis* – 19,80 %, *Escherichia coli* – 16,60, *Staphylococcus aureus* – 13,50, *Staphylococcus uberis* – 9,40, *Enterobacter faecalis* – 7,30, *Streptococcus pyogenes* – 6,30; *Staphylococcus intermedius* – 5,20; гнійні отити *Escherichia coli* – 23,80 %, *Staphylococcus epidermidis* – 23,70, *Staphylococcus aureus* – 13,60, *Staphylococcus uberis* – 8,50, *Enterobacter. faecalis* – 6,70, *Enterobacter aerogenes* – 6,70, *Enterobacter. cloacae* – 5,10, *Proteus vulgaris* – 5,10, *Proteus mirabilis* – 3,40 %; абсцеси: *Escherichia coli* – 13,50 %, *Staphylococcus epidermidis* – 12,80, *Candida albicans* – 11,50, *Staphylococcus aureus* – 10,80, *Pseudomonas aeruginosa* – 10,10, *Proteus vulgaris* – 9,40, *Proteus mirabilis* – 8,80, *Enterobacter faecalis* – 4,70 %. За результатами проведених досліджень встановлено, що з гнійного ексудату за ендометритом у великої рогатої худоби виділяються наступні ізоляти: *Micrococcus luteus* – 15,39 % та *Enterococcus faecalis* – 13,46 %. Дещо менший відсоток виділено та ідентифіковано *Staphylococcus aureus* – 9,61 %, *Staphylococcus chromogenes* – 9,61 %, *Escherichia coli* – 9,61 %. Окрім того, менший відсоток виділено у *Pseudomonas aeruginosa* (7,69 %), *Staphylococcus haemolyticus* (5,77 %) та *Staphylococcus gallinarum* (5,77 %). Найменший відсоток припадає на патогени: *Staphylococcus simulans* (3,85 %), *Staphylococcus equorum* (3,85 %), *Streptococcus spp.* (3,85 %) та *Pseudomonas spp.* (3,85 %) Встановлено поширеність спільних збудників у ексудаті з ран та абсцесів у великої рогатої худоби: *Staphylococcus spp.*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus megaterium* та *Acinetobacter spp.* Найнижчі відсотки виділено у даного виду тварин: *Enterococcus faecalis*, *Pseudomonas spp.* та *Proteus spp.* – по 5,88 %. За дослідження мікрофлори за розвитку абсцесів у великої рогатої худоби найбільш поширенішими збудниками виявилися: *Micrococcus luteus* – 20,0 %, *Escherichia coli* – 13,33 та *Enterococcus faecalis* – 11,11 %.

Доведено, що кількість колонієутворювальних одиниць на середовищі ГМПА через 20 та 24 годин вірогідно більша ($p < 0,05$), порівняно з універсальним поживним середовищем МПА. Використання середовища ГМПА дозволяє виділити *Escherichia coli* з незначно більшою кількістю КУО (від 0,2 до 1,1 КУО), ніж на поживне середовищі МПА, вже через 17 годин після культивування за температури 37 °C.

Дослідження показало, що найбільша кількість ізолятів припадає на *Escherichia coli* (n=131), *Staphylococcus aureus* (n=118), що підтверджено результатами досліджень їхніх морфологічних, культуральних та ферментативних властивостей.

Виявлено резистентність до антибіотиків у виділених ізолятів *Staphylococcus aureus*, виділених від собак: до цефтріаксону (7,14 %), цефазоліну (5,36 %) та ампіциліну (5,36 %); *Escherichia coli* – до лінкоміцину (10,34 %), цефтріаксону (10,34 %), амікацину (10,34 %), амоксициліну (6,90 %), цефазоліну (1,72 %) та тетрацикліну (8,62 %).

Встановлено резистентність до антибіотиків у виділених ізолятів *Staphylococcus aureus*, виділених від котів: до амоксициліну (16,67 %), тетрацикліну (9,10 %) та цефтріаксону (9,10 %). Зокрема, резистентність до еритроміцину, цефазоліну та ампіциліну вірогідно ($p < 0,001$) перевищує резистентність до гентаміцину, лінкоміцину та тетрацикліну. А *Staphylococcus aureus*, виділені від великої рогатої худоби, є найбільш резистентні до амоксициліну (21,43 %), еритроміцину (19,65 %), цефазоліну (14,29 %), а *Escherichia coli* – амоксициліну (8,34 %), лінкоміцину (8,33 %) та амікацину (8,33 %). Доведено наявність бета-лактамази AmpC у ізолятів *Escherichia coli*, виділених від собак.

Практичне значення одержаних результатів полягає у визначенні поширеності зоонозних патогенів тварин-компаньйонів, великої рогатої худоби, оленів та продуктів харчування, сировини. А також оптимізовано протокол проведення ПЛР із поєднанням бактеріологічних методів дослідження. Результати досліджень використано при підготовці й написанні методичних рекомендацій: “Загальна мікробіологія. Методичні рекомендації для студентів факультету ветеринарної медицини”, науково-практичних рекомендацій “Мікробіологічний пейзаж ексудату різних видів тварин за гнійно-запальних процесів та підручнику “Ветеринарна мікробіологія” (Г1–Е1).

Особистий внесок здобувача. Дисертанткою самостійно виконано весь обсяг клініко-експериментальних досліджень, проведено статистичне опрацювання

одержаних результатів, їх аналіз та узагальнення. Бактеріологічні, біохімічні методи досліджень виконані в Білоцерківському національному аграрному університеті (БНАУ, кафедра мікробіології та вірусології, науково-дослідна лабораторія мікробіологічних методів дослідження) та в Державному науково-дослідному інституті з лабораторної діагностики і ветеринарно-санітарної експертизи (ДНДІЛДВСЕ, результати моніторингу продуктів харчування), молекулярно-генетичні – лабораторії новітніх методів дослідження БНАУ та Державному науково-контрольному інституті біотехнології і штамів мікроорганізмів (ДНКІБШМ), (B1–B4).

Апробація матеріалів дисертації. Матеріали дисертаційної роботи доповідалися, обговорювалися і були схвалені на міжнародних, державних наукових і науково-практичних конференціях: “Наукові пошуки молоді у XXI столітті” (м. Біла Церква, 18 листопада 2021 р.); “Молодь – аграрній науці і виробництву” (м. Біла Церква, 19 травня 2022 р.); “Досягнення, роль, фактори росту сучасний розвиток ветеринарної медицини” (м. Біла Церква, 20 жовтня 2022 р.); “Молодь – аграрній науці виробництву” (м. Біла Церква, 14 квітня 2023 р.); “Дні студентської науки” (м. Львів, 16-17 травня 2024 р.); “VetBioConnect” (м. Харків, 3 червня 2024 р.); “Молодь – аграрній науці і виробництву” (м. Біла Церква, 24 квітня 2024 р.).

Розроблені методичні рекомендації: для студентів факультету ветеринарної медицини “Загальна мікробіологія”, науково-практичні рекомендації “Мікробіологічний пейзаж ексудату різних видів тварин за гнійно-запальних процесів” та підручник “Ветеринарна мікробіологія”.

Публікації. За матеріалами дисертаційної роботи опубліковано 16 наукових праць, зокрема 6 – у виданнях, що належать до переліку наукових видань України: науковому віснику ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету (3) та у Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies (1), у науковому віснику Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені

С. З. Гжицького (2), матеріалах і тезах конференції (7), методичні рекомендації (1), науково-практичні рекомендації (1), підручник (1).

Структура та обсяг дисертації. Робота складається з анотації, вступу, огляду літератури, матеріалів та методів виконання роботи, результатів власних досліджень, аналізу та узагальнення результатів досліджень, висновків, пропозицій виробництву, списку використаних джерел і 20 додатків. Дисертацію викладено на 199 сторінках комп'ютерного тексту, ілюстровано 7 таблицями та 55 рисунками. Список використаних джерел містить 202 найменування, у тому числі 21 – латиницею.

РОЗДІЛ 1

ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

1.1 Найпоширеніші умовно-патогенні та патогенні мікроорганізми та їх роль

Поширення інфекційних захворювань у тварин є всесвітньою проблемою, яка спричинена патогенними агентами. Інфекційні агенти можуть передаватися від інфікованого організму прямо або опосередковано. Прямі методи зараження включають у себе фізичний контакт тварин, кашель та чхання. Непрямі інфекції передаються через предмети догляду або переносників (комарі, мухи, кліщі). Таким чином, контроль передачі збудників захворювання від тварини до тварини є ключовою ланкою в епідеміології інфекційних хвороб. Однак більш раціональним методом є запобігання цим контактам, які призводять до передачі мікроорганізмів. Моніторинг поширення патогенів є важливим аспектом для попередження виявлення спалахів, запобігання епідемії, зменшення захворюваності і смертності серед тварин та населення. Він допомагає визначити пріоритети для вакцинації, підвищити ефективність розподілу вакцин та вдосконалити громадське здоров'я, запровадивши ефективніші заходи з контролю над поширенням захворювань.

Оскільки існує велика кількість різноманітних патогенів, здатних викликати спалахи захворюваності у господарствах, приватних секторах, зоопарках та мисливських угіддях, їхні наслідки можуть бути трагічними. Тому необхідно вивчати поширення мікроорганізмів серед тварин, аналізувати якість продуктів харчування, а також суворо дотримуватися у повному обсязі ветеринарно-санітарних правил і систем біозахисту [1].

За даними вчених [3–5], здебільшого інфекційні хвороби нині складають значну частку від загальної кількості захворювань. У господарствах України, як і в усьому світі, поширена різноманітна мікрофлора, яка відіграє важливу роль у переробці поживних речовин в усіх екосистемах. Проте умовно-патогенні мікроорганізми, які зазвичай є частиною нормальної мікрофлори тварин, людей і

не викликають захворювань можуть стати патогенними за певних обставин, таких як: ослаблення імунної системи (внаслідок тривалого застосування імуносупресорів), порушення балансу мікрофлори (хірургічні втручання, застосування антибіотикотерапії), інвазивні ветеринарні, медичні процедури (катетеризація, хірургічні втручання), ушкодження, а також зміни у навколишньому середовищі (поширення умовно-патогенних мікроорганізмів до різних частин тіла тварин або за інших фізіологічних умов). Такі бактерії спричиняють харчові отруєння та інфекційні захворювання. Найпоширеніші умовно-патогенні бактерії, які здатні викликати інфекційні захворювання, це: *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Clostridium diffcile*, *Salmonella spp.*, *Pseudomonas spp.* (*Pseudomonas aeruginosa*). Вони є поширеними збудниками у навколишньому середовищі [17, 39, 40, 43].

Так, бактерії *Staphylococcus spp.* поширені та локалізуються на шкірних покриттях, слизових оболонках як у тварин так і людей. *Staphylococcus aureus* – один із найвідоміших і найпоширеніших бактеріальних патогенів, що спричиняє різноманітні інфекційні за клінічні прояви [6].

За даними авторів Rola J. G., Czubkowska A. T., Osek J. D. *Staphylococcus aureus* має високий рівень захворюваності, який становить від 20 до 50 випадків на 100 000 людей на рік. Зокрема, від 10,0 % до 30,0 % цих пацієнтів можуть мати ускладнення під час лікування. Крім того у дослідженнях 2017 року, вчені зазначають, про щорічну кількість смертей через бактеріємію, викликану *Staphylococcus aureus*, у США – становила 20 000 осіб. Інші захворювання *Staphylococcus aureus*, такі як помірно важкі інфекції шкіри (включаючи фурункули, абсцеси та інфіковані рани) зазвичай не становлять загрози для життя, але супроводжуються значною хворобливістю і болем. Через високу частоту цих захворювань вони є серйозною проблемою для громадського здоров'я [7].

Передача патогенних мікроорганізмів між людьми та тваринами – серйозна проблема для людства. Явище зооантропонозних інфекцій становить важливу загрозу. Ці мікроорганізми є небезпечними бактеріями, оскільки близько 30,0 % населення є їх носіями. В свою чергу *Staphylococcus aureus* є однією з основних

причин поверхневих уражень шкіри, таких як запалення та виразкові інфекції; глибоких та системних інфекцій (остеомиєліт, ендокардит, пневмонія та бактеріємія), токсемічних синдромів (синдром токсичного шоку) [6]. Разом з цим *Staphylococcus aureus* має численні механізми для уникнення та подавлення імунної системи, що дозволяє їм продукувати патогени в імунокомпетентних господарях [7].

Фактори вірулентності клітинної поверхні мікроорганізмів – місця для їх здатності колонізувати, проникати в тканини та уникати імунної відповіді. Мікробні поверхневі компоненти, що розпізнають молекули адгезивної матриці (MSCRAMMs) представлені білками, які допомагають мікроорганізмам взаємодіяти з позаклітинним матриксом (наприклад колагеном, ламініном, фібронектином). Вони сприяють адгезії мікроорганізмів до клітин хазяїна та тканини, що є першим кроком у колонізації.

Полісахариди на поверхні стафілококів відіграють важливу роль у створенні біоплівки, які захищають мікроорганізми від впливу імунної системи та дії антибіотиків. Біоплівки також сприяють зв'язуванню бактерій між собою і з їхніми поверхнями. *Staphylococcus aureus* характеризуються наявністю великої групи екзоферментів, таких як протеази, гідролаза ефіру гліцерину (ліпаза), нуклеази. Серед виділених факторів вірулентності присутні високозапальні цитолізени, зокрема α -, β -, γ - і δ -токсини та лейкоцидин [8].

У великої рогатої худоби стафілококи зазвичай можуть уражати молочну залозу, шкіру та статеві органи. Одним із найпоширеніших захворювань у молочних корів є мастит стафілококової етіології, який залишається актуальним упродовж багатьох століть [9, 10]. Це захворювання у молочних корів спричиняє зниження надоїв, потребу у ветеринарному лікуванні та втрати молока, яке утилізується через інфікування збудником [11–14].

У собак і котів захворювання, що викликаються мікроорганізмами роду *Staphylococcus*, проявляються ураженнями шкіри і слизових оболонок у формі: абсцесів, фурункулів, пустул та отитів. Основними збудниками вважаються: *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Staphylococcus schleiferi*,

Staphylococcus pseudintermedius, *Staphylococcus haemolyticus* та багато інших коагулазонегативних стафілококів [16–18].

До бактерій, які спричиняють харчові інтоксикації у людей, належить *Staphylococcus aureus*. Отруєння цим патогеном за частотою виникнення займає перше місце серед харчових інтоксикацій. Розвиваючись у харчових продуктах, бактерії виділяють ентеротоксини, які діють на кишечник, викликаючи порушення функцій клітин, збільшення секреції рідини й електролітів, запальні процеси, вивільнення цитокінів та порушення бар'єрної функції [17].

Велика кількість бактерій відіграє ключову роль у розвитку інфекційних процесів в організмі тварин і людей. Вони можуть проникати до макроорганізму різними шляхами, зокрема через контакт з інфікованими тваринами, через харчові продукти, навколишнє середовище, під час травмування, або перорально. Після проникнення, мікроорганізми починають розмножуватися та взаємодіяти з організмом господаря, що часто призводить до розвитку інфекційного процесу. Бактерії здатні викликати широкий спектр захворювань - від шкіряних інфекцій до сепсису, виділяючи токсини, які пошкоджують тканини й органи, сприяючи поширенню інфекції. Застосування антибіотиків із метою знищення патогенів призвело до виникнення стійких форм мікроорганізмів, які здатні швидко поширюватися не лише серед тварин, а й серед людей [18].

Не менш поширеним збудниками є бактерії роду *Streptococcus spp.*, які включають грампозитивні мікроорганізми, що мають форму коків. Вони можуть бути комменсалами, збудниками та умовно-патогенними мікроорганізмами для людини та тварин. Більшість видів *Streptococcus spp.*, які мають ветеринарне значення (*Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus uberis*, *Streptococcus agalactiae*), мають найрізноманітніші і заселяють різні екологічні ніші. *Streptococcus pyogenes* – зоонозний патоген, який викликає специфічні захворювання у людей після контакту з інфікованими тваринами, або похідними харчових продуктів. Окрім того, види *Streptococcus spp.*, такі, як *Streptococcus agalactiae*, можуть спорадично бути зоонозними, навіть якщо вони є патогенами як для людей, так і для тварин [39].

У 2020 році дослідниками (Dechêne-Tempier M. D., Marois-Créhan C. O., Libante V. H., Jouy E. X.) було ідентифіковано декілька зоонозних стрептококів, зокрема *Streptococcus suis*, *Streptococcus canis*, *Streptococcus dysgalactia*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus halichoeri*, *Streptococcus iniae*, *Streptococcus porcinus*. Ці та інші види стрептококів також можуть викликати захворювання у людей [40].

За даними дослідників [34], від собак та котів виділяються бета-гемолітичні *Streptococcus canis*. Даний збудник колонізує шкіру, верхні дихальні шляхи, вуха та репродуктивні шляхи. Його часто ізолюють за піодермії, інфекції сечостатевої системи, зовнішніх отитів, септицемії, пневмонії ендокардитах, септичних артритів [34].

Streptococcus canis поширені серед великої рогатої худоби, диких тварин викликаючи мастити [42]. Інші дослідження вчених повідомляють про його виділення за шкірних захворювань, інфекцій м'яких тканин, розвитку бактереємії [41]. З моменту відкриття цього зоонозного агента *Streptococcus canis* (1996 р.) повідомлялося про випадки ендокардиту, септицемії та навколопротезних суглобових інфекцій [35].

За літературними джерелами [29], в результаті дослідження молока у 2006 році, з 320 перевірених зразків виявилися позитивними на *Streptococcus spp.* 98 (30,62 %). Подібні результати отримали вчені [30] у 2010 році, коли під час скринінгу 2904 проб молока було виявлено 974 (33,54 %) випадки *Streptococcus spp.* З часом, у 2012 році [31] було досліджено 163 зразки молока та виявлено 40 (24,54 %) ізолятів *Streptococcus spp.* Тоді як у 2014 році виявили 130 (65,0 %) ізолятів *Streptococcus spp.* із 200 зразків [32]. За даними вчених [33] у 2020 році було досліджено 700 зразків молока, зібраних на молочних фермах і виявили 525 (75,0 %) позитивних зразків.

Значного поширення набула і *Pseudomonas aeruginosa* – грамнегативна бактерія, здатна виживати в навколишньому середовищі, рослинах, завдяки її метаболічній універсальності. Цю адаптивність до навколишнього середовища дослідники пояснюють розширеною можливістю кодування генів до

несприятливих умов [43]. *Pseudomonas aeruginosa* рідко вражає здорових тварин, людей, але її визнано умовно-патогенним мікроорганізмом, який викликає високу захворюваність і смертність, особливо серед осіб з ослабленим імунітетом [44]. Цей збудник може викликати як гострі, так і хронічні інфекції. Під час гострих інфекцій він колонізує різні анатомічні ділянки, сечовивідні шляхи, шкіру, очі, серце, вуха, дихальні шляхи та легеневі тканини [45]. Слід зазначити, що тип розвитку інфекції не залежить від генотипу збудника, але пов'язаний зі станом здоров'я макроорганізму.

Типовим представником умовно-патогенної мікрофлори є також *Escherichia coli*, яка мешкає в кишечнику тварин та людей, відіграє важливу роль у травленні, але також здатна викликати захворювання. Патогенні штами, наприклад O157:H7, можуть викликати харчові токсикоінфекції завдяки синтезу токсинів, які пошкоджують кишечник, сприяючи розвитку діареї, болю тощо.

За ослабленого імунітету, ці бактерії можуть викликати інфекції сечовидільної системи та сепсис. У разі порушення балансу мікрофлори (як наслідок застосування антибіотикотерапії), бар'єрних функцій (травми, хірургічні втручання) бактерії здатні швидко розмножуватися та поширюватися по організму [46].

Вчені [59, 60] виявляють *Escherichia coli* у різних продуктах харчування, особливо у тих, що забруднені на етапах виробництва, обробки, транспортування та зберігання. Найбільш типові продукти, з яких виділяють *Escherichia coli*, включають: м'ясо (сире яловичина, свинина, баранина), курятину, перероблені м'ясні продукти (фарш, ковбаси) та м'ясні вироби. Забруднення може відбуватися під час забою, якщо кишковий вміст тварин контактує з тушею, а неналежна обробка чи неправильне зберігання сприяють розмноженню ентеробактерій, в т. ч. *Escherichia coli*. Молочні продукти (сире молоко та продукти з нього (сири, сметана) – можуть забруднюватися під час доїння, або через використання інфікованої води. Овочі (салат, шпинат, броколі, морква) та фрукти – забруднюються через полив фекально-забрудненою водою, або за контакту з інфікованим ґрунтом. Риба та морепродукти можуть бути інфіковані через контакт

із забрудненою водою під час вилову. Яйця та продукти з них контамінуються через забруднені поверхні шкаралупи [61, 62]. Також мікроорганізми виділяються із багатьох продуктів харчування, особливо з тих, які зазнали неналежної термічної обробки, чи контактували з контамінованими середовищами.

За даними наукових досліджень [15–16], більше ніж 1400 видів мікроорганізмів є збудниками інфекційних хвороб людей, а понад 600 видів є патогенними для продуктивних тварин [14]. Від 60,0 до 90,0 % зоонозних патогенів є спільними як для людей, так і для тварин.

Таким чином, контроль за безпечністю м'ясної та рослинної сировини, а також дослідження поширеної мікрофлори тварин є актуальним питанням. Вивчення цих мікроорганізмів, їх змін у організмі тварин, навколишньому середовищі має важливе значення, оскільки, саме тварини забезпечують існування та циркуляцію збудників небезпечних зоонозів. Незаконне переміщення тварин, війна, зміна кліматичних умов, застосування антибіотиків людиною сприяють змінам мікрофлори [18].

За даними зарубіжних літературних джерел [19], існують різні фактори, пов'язані з поширенням зоонозів, зокрема глобалізація, міжнародна торгівля, зміни у землекористуванні та кліматі.

На сьогодні відомо понад 200 типів зоонозних захворювань, які складають значну частку сучасних хвороб людей. Крім того, визнано, що близько 60,0 % усіх патогенів людей та 75,0 % нових інфекційних захворювань походять від тварин [20].

Варто пам'ятати, що умовно-патогенні бактерії можуть отримувати нову генетичну інформацію від інших небезпечних патогенів шляхом горизонтальної передачі генів. У них також розвиваються спонтанні мутації, які призводять до розвитку резистентності до антибіотиків, Вони здатні збільшувати експресію генів, синтезувати нові білки, які інактивують антибіотики, ефективно виводити білки з клітин (знижувати концентрацію антибіотиків до рівня, безпечного для їх виживання), змінювати свою структуру. Усі ці механізми сприяють розвитку антибіотикорезистентності у мікроорганізмів.

1.2 Аналіз проблеми антибіотикорезистентності, викликані поширеними патогенами

З часу створення антибактеріальних препаратів кількість захворювань та смертність зменшилася в рази [19]. Але, через неправильне застосування та надмірне використання саме антибіотиків, велика кількість мікроорганізмів адаптувалася та набула стійкості до антибіотиків 1-го, 2-го і 3-го покоління.

Розвитку антибіотикорезистентності у бактерій сприяє здатність утворювати біоплівки, які захищають їх від впливу антибіотиків, ускладнюючи цим проникнення та ефективність. Біоплівки є скупченням бактерій, у яких вони взаємодіють і захищають одна одну, зменшуючи ефективність антибіотиків. Ці механізми дозволяють бактеріям проявляти толерантність до антибіотиків на рівні популяції й ускладнюють боротьбу зі збудниками за лікування [122, 123].

Формування антибіотикорезистентності зумовлене генетичними властивостями мікроорганізмів, внаслідок набуття ними нової генетичної інформації, або завдяки зміни рівня експресії власних генів бактеріальної клітини. Використання антибіотиків широкого спектру дії є головним фактором появи резистентних бактерій і патогенів із множинною лікарською стійкістю [27]. Автори [28] зазначають, що вони розглядаються як резервуари для передачі стійких бактерій людям за тісного контакту з тваринами.

Інфекції викликані мікроорганізмами *Staphylococcus aureus* є особливо проблематичними через те, що серед ізолятів даних збудників часто розвивається резистентність до антибіотиків. Серед них метицилінрезистентні *Staphylococcus aureus* (MRSA) є найважливішою клінічною проблемою [20]. Інфекції, викликані MRSA супроводжуються підвищеною смертністю, захворюваністю та госпіталізацією. Показники чутливості до метициліну, серед клінічних ізолятів, сильно відрізняються. Залежно від країни, показники резистентності коливаються від 5,0 % до понад 50,0 %.

У розвинених країнах: США, Європі, Китаї та багатьох інших країнах кількість госпітальних інфекцій MRSA зменшується. Ймовірно, це відбувається через посилення заходів гігієни та моніторингу [21].

У слаборозвинених країнах ця проблема все ще зростає. Крім того, зростає визнання значної клінічної важливості метицилін-чутливих штамів *Staphylococcus aureus* (MSSA). Деякі лінії MSSA, такі як тип послідовності (ST) 398, можуть мати високу вірулентність, викликаючи смертельні інфекції [22, 23].

Інфекції MSSA не контролюються так ретельно, як інфекції MRSA. Нещодавно впроваджені заходи (активне скринінгування та деколонізація) проти MRSA не призвели до зниження кількості інфекцій MSSA у США та Великобританії [24].

Розвиток антибіотикорезистентності (AR) у бактерій є результатом природного еволюційного процесу, який включає спадковість, мінливість і відбір. Спадковість відображає передачу генетичної інформації від одного покоління до іншого. Геном організму складається із сукупності генів, які визначають його природні властивості. Крім того, бактерії можуть мати додаткові кільцеві молекули ДНК, відомі як плазміди, які не є обов'язковими компонентами. Плазміди іноді містять гени, які кодують резистентність до антибіотиків. Таким чином, фактори вірулентності можуть бути пов'язані як із хромосомою, так і з плазмідами [68].

Мінливість є ще однією складовою еволюційного процесу. Мікроорганізми можуть зазнавати мутацій або генетичних змін, які позначаються на їхньому генетичному складі. Це може бути причиною виникнення нових форм резистентності до антибіотиків. Мікроорганізми, що містять гени резистентності до антибіотиків, мають перевагу перед чутливими мікроорганізмами. При дії антибактеріальних препаратів чутливі мікроорганізми можуть загинути, тоді як резистентні здатні виживати, розмножуватися і поширюватися [69].

Відповідно до наведених даних, можна стверджувати, що поєднання спадковості, мінливості та відбору сприяє розвитку антибіотикорезистентності й закріплює її в популяції. Цей процес стає швидшим внаслідок нераціонального використання антибіотиків, порушення рекомендацій щодо дозування, тривалості призначення антибіотиків [70].

Доведена широка стійкість до антибіотиків різного спектру у *Staphylococcus aureus*, наприклад, резистентність до традиційних β -лактамних

препаратів (пеніциліну та його похідних), оскільки вони не здатні розривати β -лактамне кільце у структурі лікарського засобу та блокувати синтез клітинної стінки. Крім того, у *Staphylococcus aureus* часто реєструють резистентність у комбінованій формі, зокрема стійкість майже до всіх доступних антибіотиків. Зазначимо, що ванкоміцин залишається антибіотиком останньої інстанції для інфекцій MRSA. При цьому штами з високою стійкістю до даного препарату (VRSA) виникли, але не розповсюдилися, ймовірно, через сильно збільшені витрати [25]. Однак існують штами, які набули проміжної стійкості до ванкоміцину. На додаток до специфічної антибіотикорезистентності, неспецифічна антибіотикорезистентність відіграє важливу роль у розвитку багатьох інфекцій. На відміну від багатьох інших бактеріальних патогенів, в яких часто виділяється лише один, або кілька токсинів, то для розвитку інфекційного захворювання, *Staphylococcus aureus* виробляє набір факторів вірулентності [26].

Не менш актуальною у ветеринарній практиці є проблема поширеності стійких стрептококів, оскільки вони виділяються від різних видів тварин, включаючи собак, котів, велику рогату худобу. Розвиток стрептококових пневмоній у великої рогатої худоби, інфекцій шкіри, дихальної системи у собак, інфекцій шкіри та носа у котів є серйозним випробуванням для фахівців ветеринарної медицини. Наразі, кілька груп антибіотиків використовуються для лікування тварин від стрептококових інфекцій. Із цією метою зазвичай застосовують антибіотики першої групи, або в комбінації з аміноглікозидами, макроліди та лінкозаміди, фторхінолони та тетрацикліни [36].

Але не всі практикуючі лікарі дотримуються схеми призначення антибактеріальних препаратів, яка передбачає використання резервної групи, лише у тому випадку, коли інші антибіотики не ефективні. Відсутність досліджень на чутливість мікрофлори до антибіотиків, нераціональне їх застосування, використання широкого спектру препаратів викликає зростання проблеми резистентності в Україні та світі.

Зокрема, через надмірне використання антибіотиків у всьому світі повідомляється про фенотипи резистентності у стрептококів, виділених від тварин

до пеніцилінової групи антибіотиків, особливо *Streptococcus pyogenes*. Це означає, що ці препарати стають менш ефективнішими за лікування, що підвищує ризик ускладнень.

Динаміка набуття резистентності стрептококів є повільнішою, ніж у інших *Enterobacteriaceae spp.*, ймовірно, через більш обмежене горизонтальне поширення генів резистентності. Тим не менш, транспозони (стрибаючі гени), або інтегративні та кон'югативні елементи (мобільні генетичні елементи) можуть поширювати детермінанти резистентності серед стрептококів.

За даними вчених [37], які досліджували антибіотикорезистентність у *Streptococcus spp.* виділили два штами (*Streptococcus uberis* і *Streptococcus dysgalactiae*). Мікроорганізми *Streptococcus dysgalactiae* наразі все ще вважаються основними стрептококовими патогенами які пов'язані як із субклінічним так і клінічним маститом у великої рогатої худоби. Найвищий рівень резистентності встановлено до тетрацикліну (70,0 % у *Streptococcus dysgalactiae* і 40,0 % у *Streptococcus uberis*) і лінкоміцину (40,0 % у *Streptococcus uberis* і 25,0 % у *Streptococcus dysgalactiae*). Резистентність до еритроміцину (20,0 % у *Streptococcus uberis* і 10,0 % у *Streptococcus dysgalactiae*) систематично нижча, ніж до лінкоміцину, що свідчить про значну поширеність механізмів резистентності. Частота резистентності до енрофлосацину коливається приблизно в межах 49,0–50,0 %, а до еритроміцину, лінкоміцину і стрептоміцину – 22,0 %, 12,0 % і 6,0 %, відповідно [38].

Ще один патоген, який має клінічне значення у ветеринарній медицині це *Pseudomonas aeruginosa*. Ця грамнегативна паличкоподібна бактерія важлива як опортуністичний мікроорганізм через стійкість до різних антибіотиків, включаючи аміноглікозиди, хінолони та β -лактами [50, 51, 53].

Загалом, основні механізми *Pseudomonas aeruginosa*, що використовуються для протидії до антибіотиків, можна класифікувати на внутрішню, набуту та адаптовану стійкість. Внутрішня резистентність *Pseudomonas aeruginosa* включає низку мутаційних змін. Набута резистентність *Pseudomonas aeruginosa* може бути досягнута горизонтальним перенесенням генів резистентності. Адаптивна

стійкість *Pseudomonas aeruginosa* передбачає утворення біоплівки в легенях інфікованих пацієнтів, де біоплівка мікроорганізму служить дифузійним бар'єром для обмеження доступу антибіотиків до бактеріальних клітин. Крім того, патоген може утворювати мульти толерантні персистентні клітини, які здатні вижити під дією антибіотиків. Ці клітини відповідають за тривалі та рецидивуючі інфекції у тварин. Розробка нових антибіотиків, або альтернативних терапевтичних стратегій для лікування інфекцій, викликаних *Pseudomonas aeruginosa*, терміново необхідна для пацієнтів, у яких збудники інфекцій резистентні до більшості антибіотиків. В останні роки досліджені нові антибіотики з новими механізмами дії, а також нові шляхи введення та стійкість до модифікації бактеріальними ферментами. Деякі з цих нових антибіотиків демонструють чудову антибактеріальну активність проти *Pseudomonas aeruginosa*, а також нижчу мінімальну інгібіторну концентрацію, порівняно зі іншими антибіотиками [52]. Крім того, нещодавні дослідження показали кілька нових неантибіотикотерапевтичних підходів, які є високоефективними у знищенні стійких до антибіотиків штамів *Pseudomonas aeruginosa*. Ці підходи включають: інгібування кворум-чутливості та бактеріальних лектинів, використання халатів заліза, фаготерапію, стратегію вакцин, наночастинок, антимікробних пептидів і електрохімічних каркасів. Ці терапевтичні підходи можна використовувати як альтернативу, або в поєднанні з традиційним лікуванням антибіотиками [52].

Не менш поширеним патогеном, який викликає серйозну проблему є *Escherichia coli*. Антибіотикорезистентність кишкової палички у тварин є важливою проблемою у ветеринарній медицині та громадському здоров'ї. Через широке застосування антибактеріальних препаратів у тваринництві, зокрема в лікувальних, профілактичних цілях та для стимуляції росту, збільшується розвиток резистентності у цих мікроорганізмів. Основні аспекти антибіотикорезистентності *Escherichia coli* у тварин:

- 1). Фактори ризику: часте використання антибіотиків у тваринництві; недотримання дозування, або тривалості лікування; перехресна резистентність через використання схожих за механізмом дії препаратів у людей і тварин [54];

2). Механізми резистентності: модифікація мішеней антибіотиків; активне виведення антибіотиків із клітини (ефлюксні насоси); розщеплення, або інактивація антибіотиків ферментами (наприклад, бета-лактамазами) [55];

3). Наслідки антибіотикорезистентності: розвиток ускладнення за лікування бактеріальних інфекцій у тварин; передача резистентних генів від тварин до людей через харчовий ланцюг; зниження ефективності антибіотиків, що використовуються в медицині [56].

Зауважимо, що розвиток антибіотикорезистентності саме у *Escherichia coli* є міждисциплінарною проблемою, що потребує співпраці між фахівцями у сфері медицини, ветеринарії та аграрного сектору. Стійкість кишкової палички до антибіотиків залежить не лише від географічного регіону, а й від джерела (людей, тварин, навколишнього середовища) та специфіки використання антибактеріальних препаратів. Найбільш поширеними групами антибіотиків, до яких *Escherichia coli* часто виявляє стійкість, є: β -лактамі антибіотики, зокрема пеніциліни (амоксацилін та ампіцилін). Резистентність зазвичай обумовлена синтезом ферментів β -лактамаз, які руйнують структуру антибіотиків (розщеплюють β -лактамне кільце антибіотика, внаслідок чого втрачається антибактеріальна активність у бактерії) [57].

Серед цефалоспоринів (цефалексин, цефтріаксон) стійкість часто зумовлена наявністю β -лактамаз розширеного спектра дії (ESBL). Хінолони, налідиксова кислота та (фторхінолони, ципрофлоксацин, левофлоксацин) розвивають резистентність через мутації в генах, що кодують ферменти ДНК-гіразу та топоізомеразу IV, а також через активацію ефлюксісних насосів. До антибіотиків групи тетрациклінів: тетрацикліну, доксицикліну – резистентність спричиняється наявністю генів, які кодують ефлюксісні насоси, або білки, що захищають рибосоми. До сульфаніламідів: сульфаметоксазолу (у поєднанні з триметопримом) – резистентність виникає через мутації в генах, які кодують дигідроптероатсинтазу, або дигідрофолатредуктазу [58].

До аміноглікозидів: гентаміцину, амікацину, стрептоміцину – резистентність може бути пов'язана з модифікацією антибіотика ферментами

(аміноацетилтрансферази). До макролідів: еритроміцину, азитроміцину – стійкість менш поширена, але можлива через метилювання рибосомальних РНК. До групи карбапенемів: іміпенему, меропенему – резистентність спостерігається рідше, але стає дедалі поширенішою через синтез ферментів карбапенемази [56, 57].

У світі спостерігається збільшення поширення мульти-резистентних штамів *Escherichia coli*, стійких до кількох класів антибіотиків. Особливо небезпечними є штами, що продукують: ESBL (бета-лактамази розширеного спектра дії) [58].

Таким чином, антибіотикорезистентність *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus uberis*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* та інші бактерії це не безпечні мікроорганізми для тварин та людей, які потребують постійного моніторингу та вивчення.

1.3 Принцип формування стратегія боротьби з резистентністю мікроорганізмів

Стратегія боротьби з резистентністю мікроорганізмів в Україні спрямована на зменшення поширення мікроорганізмів стійких до антибактеріальних препаратів та забезпечення ефективного лікування інфекційних захворювань. Основні напрями стратегії включають:

- посилення інфекційного контролю: впровадження нових стандартів інфекційної безпеки у ветеринарних та медичних закладах, затвердження національних санітарних правил щодо поводження із відходами та репроцесингу медичних виробів;
- розширення лабораторних можливостей шляхом створення нових бактеріологічних лабораторій та вдосконалення наявних, впровадження системи управління якістю лабораторних досліджень, запровадження стандартів біологічної безпеки у мікробіологічних лабораторіях;
- система епіднагляду: розширення нагляду за резистентними збудниками та споживанням антимікробних препаратів, збір та аналіз даних із національної мережі епідеміологічного нагляду, впровадження електронних систем обліку результатів бактеріологічних досліджень;

– інформування та навчання: проведення щорічних національних кампаній із підвищення обізнаності населення про небезпеку антимікробної резистентності, організація навчання для ветеринарних та медичних працівників щодо інфекційного контролю та раціонального використання антибіотиків, розроблення рекомендацій для громадськості щодо запобігання інфекційним хворобам;

– наукові дослідження: проведення наукових досліджень щодо нових методів лікування резистентних інфекцій, необхідність створення національного центру досліджень із питань антимікробної резистентності [60, 64].

Окремим напрямком є розвиток стратегії боротьби з резистентністю, яка включає:

1. Введення та дотримання контрольованого використання антибіотиків у тваринництві;
2. Використання альтернативних методів лікування та профілактики, таких як пробіотики, вакцини чи бактеріофаги;
3. Посилення моніторингу та досліджень резистентності мікроорганізмів на ветеринарних об'єктах;
4. Просвітницька робота серед фермерів і лікарів ветеринарної медицини, студентів, населення щодо раціонального застосування антибіотиків.

Отже, раціональне використання антибіотиків та моніторинг резистентності є ключовими аспектами для контролю та зменшення цієї світової проблеми.

Зазначимо, що за даними ВООЗ, протягом останніх п'яти років в світі реєструється зростання кількості хворих інфекційними хворобами. Згідно “Державної стратегії боротьби із стійкістю до протимікробних препаратів на період до 2030 року” (від 13 грудня 2024 року №1265-р) [192, 195] актуальність вивчення резистентності у мікроорганізмів, їх поширення є глобальним питанням для вирішення загрози ускладнення ситуації з інфекційними захворюваннями.

1.4 Висновки з огляду літератури

Проаналізувавши літературні джерела нами встановлено, що інфекційні захворювання викликані патогенними мікроорганізмами є поширеними серед

тварин та людей. Здебільшого інфекційні захворювання займають значну частку від усієї кількості захворювань. В Україні та в інших країнах світу, поширені стафілококи, стрептококи, кишкова паличка та інші мікроорганізми, за якими доцільно проводити моніторинг, вивчати їх зміни та поширення серед тварин.

Мікроорганізми володіють сталими та змінними властивостями, які забезпечують їх поширення, та зберігають їх від несприятливих дій антибактеріальних препаратів і навколишнього середовища. Поширення збудників бактеріального походження значною мірою залежить від типу бактерій, умов середовища, соціально-економічних факторів та стану імунної системи макроорганізму. Здоров'я людей, сільськогосподарських тварин, також довкілля взаємопов'язані. Мікроорганізми змінюють свої властивості, щоб взаємодіяти із макроорганізмами протягом свого існування.

Стратегія “Єдине здоров'я”, відіграє важливу роль у протидії розвитку та поширенні антибіотикорезистентності. Інтегрований підхід до охорони здоров'я тварин, навколишнього середовища та людей залежить від профілактики інфекцій, їх контролю, моніторингу за ними, раціональному використанню антибіотиків та проведенні наукових досліджень щодо вивчення змін штамів та їх резистентності.

Нині великою загрозою для тварин та людства є стійкість мікроорганізмів до антибактеріальних препаратів. Це пов'язано з неправильно встановленим діагнозом, нераціональним лікуванням, не дотримання термінів лікування, самолікуванням. Сучасні антибактеріальні препарати втрачають свою ефективність, оскільки зазвичай розробляються шляхом модифікації уже існуючих груп антибіотиків і тому вони мають неефективний або недовготривалий цикл впливу.

Бактерії створюють генетичне різноманіття за допомогою мутацій, рекомбінації та горизонтального переносу генів. Кожен із цих процесів знаходиться під балансовим відбором, де переваги генерування потенційно адаптивних генетичних варіантів зважуються проти ризику мутацій, що знижує придатність антибактеріальних препаратів.

Спільний моніторинг та контроль за умовно-патогенними, патогенними мікроорганізмами, забезпечення безпечності продуктів харчування шляхом контролю якості, боротьба з резистентними штамми, охорона навколишнього середовища, покращення знання та підвищення обізнаності про мікроорганізми сприяють лікарю ветеринарної медицини охороняти людство.

РОЗДІЛ 2

ВИБІР НАПРЯМІВ, МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дисертаційну роботу виконали на базі Білоцерківського національного аграрного університету, Державного науково-дослідного інституту з лабораторної діагностики і ветеринарно-санітарної експертизи, Державного науково-контрольного інституту біотехнології і штамів мікроорганізмів, у період 2021–2025 років.

Бактеріологічні, біохімічні методи досліджень виконані в БНАУ (кафедра мікробіології та вірусології, науково-дослідна лабораторія мікробіологічних методів дослідження) та в Державному науково-дослідному інституті з лабораторної діагностики і ветеринарно-санітарної експертизи молекулярно-генетичні – у лабораторії новітніх методів дослідження БНАУ та ДНКІБШМ.

Біологічні зразки відбирали від собак (n=440), котів (n=381), великої рогатої худоби (n=114) та оленів (n=50). Досліджували зразки від собак та котів, які надходили до навчально-наукової виробничої міжкафедральної ветеринарної клініки коней, жуйних, свиней, дрібних та екзотичних тварин (від собак, n=253; від котів, n=178) та ветеринарних клінік м. Біла Церква: ФОП Тарасевич М. А, “Vet+” (n=32; n=18, відповідно), “Айболит” (n=20; n=14, відповідно), “Ветеринарна допомога” (n=14; n=16, відповідно), “Little frends” (n=34; n=22, відповідно), “Профівет” (n=18; n=20, відповідно), “Прайд” (n=12; n=10, відповідно). Також із м. Одеса: “Вет-експрес” (n=16; n=14, відповідно) “Дар” (n=12; n=12, відповідно); м. Вінниця: “Улюблениць” (n=8; n=16, відповідно), “Vet Union” (n=6; n=22, відповідно) і приватного сектора (n=15; n=39, відповідно).

Від великої рогатої худоби відбирали зразки у господарствах Білоцерківського району: с. Мовчанівка “Приватне підприємство сільськогосподарське імені Гагаріна” (n=18), с. Яблунівка “ТОВ Межиріччя-АГРО” (n=26), м. Тетіїв “ТАК-Молоко” (n=22), м. Біла Церква “ННДЦ” (n=24) та у Вінницькій області Чечельницький район с. Вербка “Агрофірма Вербка” (n=24).

Від оленів – у мисливських угіддях Волинської області: с. Рованці “ВУЛФ-К” (n=6) та с. Радовичі “АМІЛА” (n=8), Львівської області: с. Стрептів “Три-гай” (n=13), Рівненської області: с. Сарни “ФОП Корзун Д. І.” (n=9), Черкаської області: м. Кам’янка “Товариство з обмеженою відповідальністю” (n=8), Київської області: с. Вишківське “ФОП Бондар А. І.” (n=6).

Дослідження окремих бактерій виконували в ДНДІЛДВСЕ із використанням інноваційної “Автоматичної системи лабораторної ідентифікації мікроорганізмів”, яка основана на технології матрично-активованої лазерної десорбції/іонізації з визначенням часу прильоту (MALDI-TOF). Цей метод мас-спектрометрії за лічені хвилини дозволив провести ідентифікацію ізолятів до виду, із використанням інтерфейсу, визначенням унікальних протеолітичних відбитків мікроорганізмів, зіставлення їх характерних патернів із даними бібліотеки еталонних зразків. Всі дослідження виконували в межах програми підготовки доктора філософії (2021–2025 рр.), маніпуляції з тваринами – відповідно до Закону України “Про захист тварин від жорстокого поводження” [189].

Проведені дослідження схвалені Етичним комітетом БНАУ (висновок № 5/14 від 4 липня 2022 р) [190].

Біологічний матеріал для дослідження відбирали від тварин під час проведення діагностичних та лікувальних заходів.

Для визначення поширеності мікроорганізмів використовували наступні методи: культуральні (культивували виділені ізоляти на поживних середовищах), молекулярні-генетичні (використовували полімеразно-ланцюгову реакцію (ПЛР) для дослідження генетичного матеріалу), мікроскопічні (візуально визначали за допомогою мікроскопії під імерсією, з метою оцінки морфології мікроорганізмів), біохімічні (використовували біохімічні тести з метою вивчення специфічних ферментів та метаболічних продуктів, які виробляють виділені ізоляти), епізоотологічне дослідження (проводили аналіз поширеності бактерій та вивчали поширеність резистентних ізолятів серед собак, котів, великої рогатої худоби, оленів).

Етапи проведених досліджень відображено на рис. 2.1.

Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій

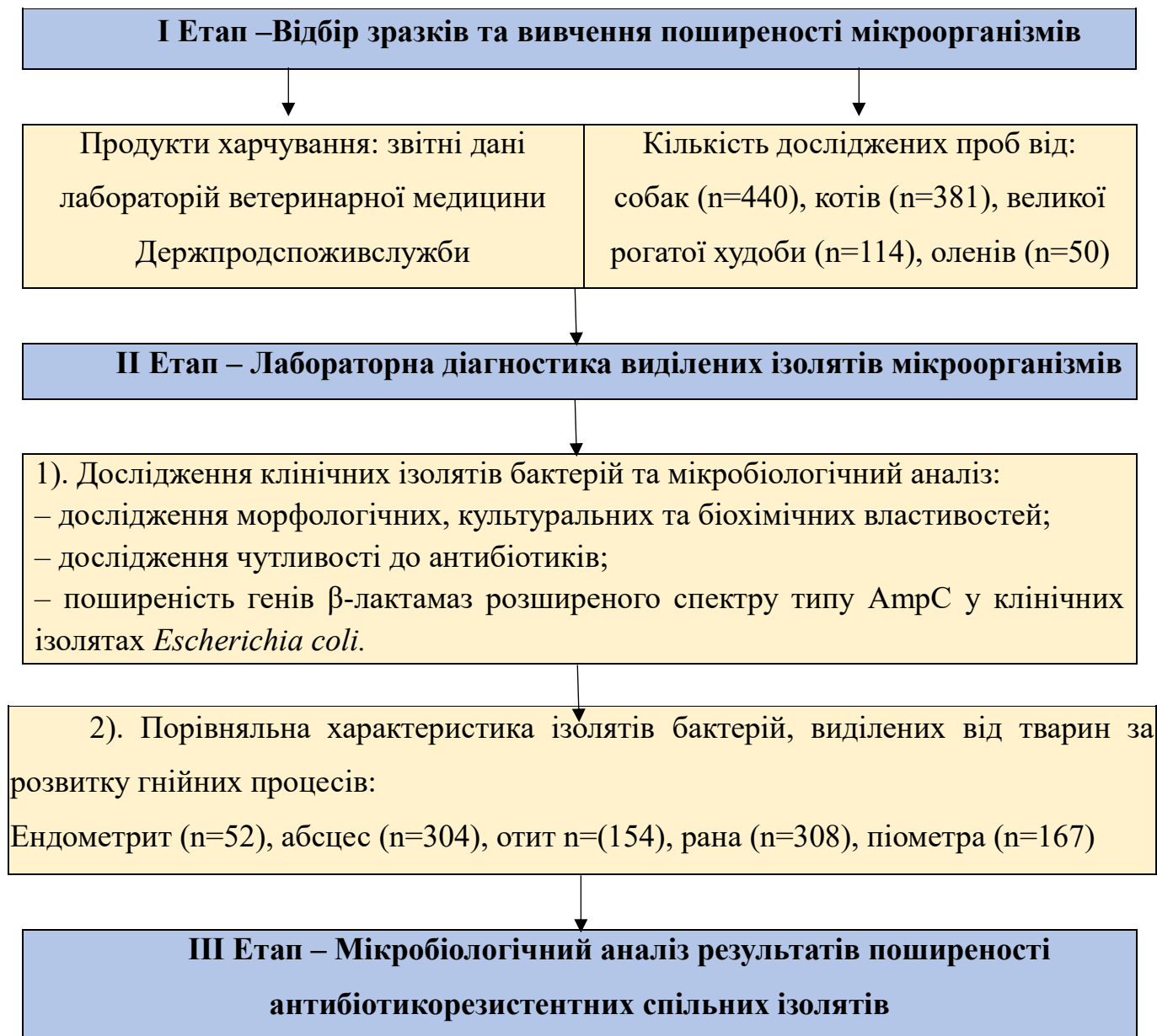


Рис. 2.1. Схема етапів проведених досліджень

Порівняння патогенів, виділених від тварин із гнійними процесами та вивчення їх наявності у продуктах харчування є надзвичайно важливим для ветеринарної медицини.

Отримані дані дозволяють виявити джерела інфекції (зокрема, встановити чи є тварини джерелом забруднення харчових продуктів, які можуть спричиняти

спалахи у людей), запобігати харчовим інфекціям, вивчати шляхи передачі патогенів, їх еволюцію, сприяють створенню ефективних засобів контролю (ветеринарного, санітарного та харчового), виявляти спільні збудники між тваринами (собаками, котами, великою рогатою худобою, оленями) та продуктами харчування (допомагають оцінити ризики передачі зоонозів та їх поширення).

Оскільки, тварини хворіють спільними захворюваннями з людьми, а збудники мають значне поширення і викликають спалахи інфекційних хвороб, у зв'язку з цим на першому етапі досліджень вивченню поширеності умовно-патогенної та патогенної мікрофлори у продуктах харчування (звітні дані лабораторій ветеринарної медицини надані ДНДІЛДВСЕ) і серед тварин.

Вивчення поширення умовно-патогенних, патогенних мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування проводили шляхом аналізу “Мікробіологічних досліджень сировини, харчових продуктів при виробництві по Україні” за 2020–2024 рр.: молока й молочних продуктів (“молоко”); кисломолочні продукти, сирів та виробів із сиру; масла тваринного походження (“масло”); м’ясо свинини, м’ясо баранини, м’ясо яловичини; напівфабрикати з м’ясом; фарш птиці; фарш сільськогосподарських тварин; води питної, безалкогольні напої (“вода”); цукерок, солодоців, кондитерських виробів, компонентів (“цукерки”); овочів, бобових свіжих, охолоджених, варених (“овочі”), згідно звітних даних лабораторій ветеринарної медицини Держпродспоживслужби України.

Підраховували кількість досліджених проб та позитивних результатів виділених поширених зоонозних мікроорганізмів (*Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*)

Кількісну характеристику відібраних проб від тварин за дослідження гнійного ексудату наведено у табл. 2.1.

Таблиця 2.1

Кількість досліджених проб від тварин, відповідно патологій

№ п/п	Показники дослідження	Кількість досліджених проб, n
1	Бактеріологічне дослідження гнійного ексудату з ран:	
	– собак	157
	– котів	96
	– велика рогата худоба	17
	– оленів	38
	Всього	308
2	Бактеріологічне дослідження гнійного вмісту з абсцесів, за піодермій:	
	– собак (в т. ч. за піодермій, n=7)	99
	– котів	148
	– велика рогата худоба	45
	– олені	12
	Всього	304
3	Бактеріологічне дослідження гнійного вмісту за піометри:	
	– собак	89
	– котів	78
	– велика рогата худоба (ендометрит)	52
	Всього	219
4	Бактеріологічне дослідження гнійних отитів:	
	– собак	95
	– котів	59
	Всього	154

Гнійно-запальний матеріал, відбирали за допомогою мікробіологічного тампона, який поміщали у стерильну ємність і на протязі двох годин доставляли до лабораторії.

За неможливості доставки матеріалу (протягом двох годин) використовували стерильні аплікатори з транспортними пробірками із середовищами (Amies, Stuart,

Carey-Blair), керуючись інструкцією виробника. За наявності абсцесів у тварин, гнійний ексудат із порожнини відбирали (1,0 см³) стерильною сухою серветкою після розтину шкіри, попередньо обробивши її розчином антисептика.

Пробовідбір зразків біологічного матеріалу з гнійних ран (різного походження) виконували шляхом відбору посічених шматочків тканин, які поміщали в стерильну посудину із додаванням 3 крапель стерильного 0,85 % розчину натрію хлориду (0,2 см³).

Гнійно-запальний матеріал, отриманий за оперативного втручання (наприклад, із м'яких тканин), поміщали у стерильну ємність із 0,85 % розчину натрію хлориду, об'ємом 4,5 см³.

За наявності в ранах дренажів, для відбору інфекційно-запального матеріалу, використовували стерильний шприц, яким відбирали 2,0 см³ гнійного ексудату і поміщали його у стерильну бактеріологічну пробірку для подальших досліджень.

Ексудат, що накопичувався в порожнинах тіла тварин відбирали шляхом проколу в асептичних умовах, після чого рідину вносили у стерильну пробірку.

Відбір гнійного ексудату за розвитку гнійного ендометриту у великої рогатої худоби здійснювали за допомогою зонду із тампоном, який вводили через вагіну, цервікальний канал у порожнину матки на декілька секунд для всмоктування ексудату, а потім виймали та поміщали у транспортне середовище (Amies).

Первинну ємність, у яку здійснювали відбір зразків, забезпечували герметичністю, стерильністю, цілісністю проби. Дану ємність поміщали в прозорий пакет із серветкою, що поглинала вологу. Пакет із первинною ємністю поміщали у контейнер для транспортування зразків.

За ідентифікації ізолятів, у виділених чистих культурах вивчали морфологічні, культуральні та біохімічні властивості. Під час проведення досліджень проби біологічного матеріалу висівали на поживні середовища: кров'яний м'ясопептонний агар (КМПА) та м'ясопептонний агар (МПА) і інкубували у термостаті за температури 37 °C протягом 24–48 год [112].

Виділені мікроорганізми підлягали ідентифікації на відповідному живильному середовищі (КМПА, манітно-сольовому агарі, агарі байд паркера). Потім із колоній виготовляли препарати-мазки та фарбували їх методом Грама,

Пєшкова, Ребігєра. Виконуючи мікроскопічні дослідження, визначали диференціальну діагностику, досліджували форму клітин, тинкторіальні властивості та розміщення бактеріальних клітин, вивчали наявність спор та капсул.

Згідно методики фарбування мікроорганізмів за Грамом використовували чотири основні етапи: 1) наносили на 1 хв розчин карболового генціан-віолету на термооброблений препарат-мазок (висушений і зафіксований) та промивали м'яким, непрямим струменем водопровідної води; 2) наносили на 1 хв протраву – розчин Люголя та промивали м'яким, непрямим струменем дистильованої води; 3) наносили 96° етиловий спирт на 15 секунд та промивали 2 секунди м'яким, непрямим струменем води; 4) наносили водний розчин сафраніну на 1 хв із наступним промиванням м'яким, непрямим струменем води. Після чого висушували та проводили мікроскопію (Об. 90^x, Ок. 10^x). У досліджуваному препараті-мазку, досліджували мікроорганізми із застосуванням імерсійної системи [125].

Отримані ізоляти на МПА та КМПА досліджували шляхом проведення ідентифікації бактерій на основі їх біохімічних властивостей, використовуючи аналітичний профільний індекс.

З метою отримати достовірні результати за швидкої діагностики, в якості референсного методу ідентифікації, використали API-тест, який заснований на біохімічних властивостях бактерій і використовуються у всьому світі.

Щоб підібрати потрібний стрип API враховували морфологію колоній, характерні ознаки: фарбування за Грамом, морфологію клітин, реакції на каталазу та оксидазу. Ідентифікацію бактерій роду *Staphylococcus*, *Micrococcus* та інших споріднених родів використали Api ID 32 *Staphylococcus* (bioMerieux, France) (рис. 2.2).

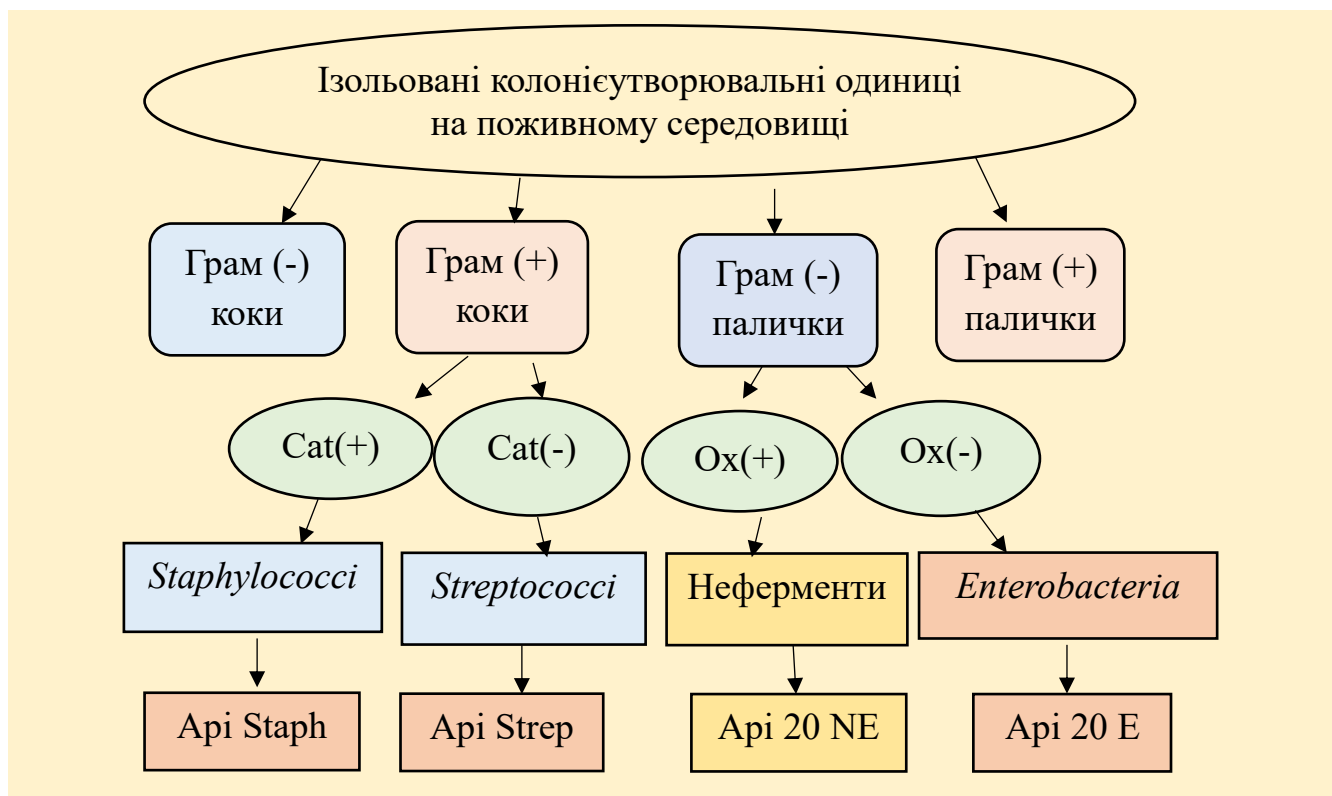


Рис. 2.2. Схеми виконання API-тесту

Аналіз кількісного та видового складу виділених збудників, проводили за використання різноманітних підходів до випробувань (моніторингових, власних мікробіологічних досліджень біологічних зразків від тварин, що поступали на дослідження). Визначали біохімічну активність у бактерій *Enterobacteria*: L-аргінін (з метою виявлення аргінази – ферменту, який розщеплює аргінін), L-лізін (з метою визначення декарбоксилази лізину), L-орнітин (орнітин-декарбоксилази), натрій цитрат (здатності утилізувати досліджуваною бактерією цитрат), тіосульфат натрію (визначення здатності відновлювати тіосульфат), сечовину (визначення уреаз), L-триптофан (здатність виробляти індол), піруват натрію (здатність утилізувати піруват), D-глюкозу, D-маніту, інозиту, D-сорбіту, L-рамнозу, D-сахарозу, D-мелібіозу, амігдаліну, L-арабінозу.

У ізолятів *Escherichia coli* вивчали наявність β -галактозидази, лізіндекарбоксилази, орнітіндекарбоксилази, продукування індолу, окислення глюкози, D-маніту, D-сорбіту, L-рамнози, D-мелібіози та L-арабінози, аргиніндігідролази, здатність утилізації цитратів, продукування сірководню,

уреази, тріптофандеамінази, желатінази, ферментації інозиту, D-сахарози, амігдаліну за використання Арі-тесту.

Реакцію Фогеса-Проскауера використовували для виявлення ацетоїну, який утворюється під час метаболізму глюкози, шляхом внесення у стерильну бактеріологічну пробіру 2,5 см³ однодобової культури *Escherichia coli*, вирощеної на бульйоні Кларка та додавання 6-ти крапель α -нафтолу (5,0 %-го спиртового розчину), 2 крапель (0,1 см³) 40,0 %-го водного розчину їдкого калію. Після струшування вмісту та витримуванні 15 хв (до 18 год) провидили оцінку результатів, вважаючим за “позитивний результат” – утворення яскраво-червоного, рожевого забарвлення. У бактерій *Staphylococcus spp.* вивчали наявність β -глюкозидази, окислення глюкозу, маніту, лактози, сахарози, мальтози, протеази, уреази, фосфатази. У *Streptococcus spp.*: L-аргінін, L-лізин, L-орнітин, натрій цитрат, тіосульфат натрію, сечовина, L-триптофан, піруват натрію, желатин бичачого походження, D-глюкоза, D-маніт, інозит, D-сорбіт, L-рамноза, D-сахароза, D-мелібоза, амігдалин, L-арабіноза.

Мікробіологічні дослідження відібраних зразків від тварин здійснювали, шляхом прямих посівів та пересівів із середовищ накопичення. Пересіви виконували на відповідні поживні середовища для *Escherichia coli* (ендо, трицукровий агар, TSC, XLD, рамбак), бактерій роду *Staphylococcus* (МПА, жовтково-сольовий агар (ЖСА), молочно-сольовий агар, байд-паркера), *Proteus* (агар плоскірєва), *Streptococcus* (сироватковий агар, мозково-серцевий бульйон, кров'яний поживний агар), *Pseudomonas aeruginosa* (м'ясо-пептонний агар, псевдомонас-агар). За дослідження *Streptococcus spp.* культивування проводили на цукровому бульйоні та кров'яному мясо-пептонному агарі (КМПА), культивували у термостаті за температури 37 °С.

За дослідження *Staphylococcus spp.* і *Streptococcus spp.*, з метою визначення патогенності у виділених ізолятів, у залежності від типу гемолізинів, які продукували бактерії, їх поділяли на α -гемолітичні (бактерії, які викликали неповний гемоліз еритроцитів на (КМПА), що проявлялося навколо колоній зеленуватим, оливковим забарвленням), β -гемолітичні (повний гемоліз еритроцитів

на КМПА, що проявлялося утворенням безбарвної зони навколо колоній – один із важливих показників патогенності), γ -гемолітичні (відсутній гемоліз за аеробних умов).

З метою ідентифікації бактерій роду *Proteus*, чисті культури висівали на поживні середовища: вісмут-сульфітний агар (для визначення продукування сірчистого водню (H_2S), Кліглера (з метою ферментування реакції на глюкозу і лактозу та перевірки на наявність утворення H_2S), фенілаланіновий агар (для виявлення деамінації фенілаланіну), типові колонієутворювальні одиниці (КУО) пересівали на середовище м'ясо-пептонний бульйон (МПБ). Культивували посіви за температури 37 °C протягом 18 год. Із одно-добових культур готували препарати-мазки для мікроскопії, досліджували під імерсією, потім виконували їх пересіви на 0,30 % нітрат-протейново-агарового середовища (НРА).

Фермент плазмокоагулазу виявляли шляхом внесенням чистої культури у пробірку з розведеною цитратною плазмою кроля. Для цього використовували стандартну суху цитратну плазму. Перед використанням в ампулу додавали 1,0 см³ 0,85 % розчину натрію хлориду, а після повного розчинення розводили вміст двома частинами розчину хлориду натрію. Плазму розливали в стерильні пробірки по 0,5 см³. Повну бактеріологічну петлю культури стафілококів емульгували у плазмі, потім поміщали у термостат за температури 37 °C. Облік згортання плазми проводили через 2, 4 та 24 годин. За позитивної реакції (виділенні плазмокоагулази) середовище набувало вигляду згустку.

Молекулярно-генетичні дослідження *Escherichia coli* проводили шляхом виділення ДНК, із використанням комерційного набору у IndiSpin Pathogen Kit (Indicla, США). Для виділення ДНК бактеріальну масу розводили в стерильному 0,85 % розчину натрію хлориду. Ампліфікацію проводили в термоциклері GeneAmp PCR System 2400 (Applied Biosystems, США). Програма ампліфікації відповідала паспорту полімерази. Температура відпалу змінювалася залежно від використаних праймерів.

Для проведення ПЛР готували реакційну суміш із використанням готового майстер-міксу OneTaq 2X Master Mix with Standard Buffer (NEB, США). Реакційна

суміш складалася з 12,5 мкл майстер-міксу, 7,5 мкл деіонізованої води, по 1 мкл прямого та зворотного праймеру 3 мкл ДНК-матриця. Для визначення меж чутливості видоспецифічного протоколу, проведено розведення по Мак-Фарланду (MeF) визначали його оптичну щільність за допомогою спектрофотометра—за довжини хвилі 590 нм ($0,5 \text{ MeF} = 1 \times 10^8 \text{ м.к./см}^3$; $1 \text{ MeF} = 3 \times 10^8 \text{ м.к./см}^3$; $2 \text{ MeF} = 6 \times 10^8 \text{ м.к./см}^3$). В якості позитивного контролю використовували музейні культури ATCC 25922 *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.* за негативний контроль обрали *Salmonella typhimurium*.

Визначення чутливості до антибіотиків та антибіотикорезистентності у виділених ізолятів проводили шляхом вивчення антибіотикограми за допомогою диско-дифузійного методу, оскільки даний метод універсальний для широкого спектру антимікробних препаратів і не вимагає використання спеціального обладнання. Використовували агарове середовище Мюллера-Хінтона (Muller-Hinton Agar, HiMedia), яке готували відповідно до інструкції виробника. Стерильний агар розливали у стерильні бактеріологічні чашки товщиною 4 мм (по 25 мл для круглої чашки діаметром 90 мм). Розлитий та підсушений агар перевіряли на стерильність у термостаті. Поверхня агару перед використанням була сухою, на поверхні його не було крапель конденсату. Зберігали бактеріологічні чашки з середовищем у холодильнику за температури 4 °С. Використовували диски просочені з різною концентрацією антибіотиків (HiMedia).

Чисті культури колоній відбирали із середовища культивування та вносили у МПБ, проводили пряме розведення до 0,5 за стандартом Мак-Фарланду ($1 \times 10^8 \text{ м.к./см}^3$). За допомогою стерильного ватного аплікатора, зануливши його у бактеріальну суспензію, надлишок рідини видаляли об стінку пробірки, методом штрихування наносили бактеріальну масу на поверхню агару чашки та підсушували 15 хв. На поверхню агару наносили диски з антибіотиком за допомогою стерильного пінцета. Потім культивували протягом 24 годин за температури 37 °С. Визначали зони затримки росту шляхом вимірювання діаметра пригнічення навколо диску з антибіотиком (табл. 2.2).

Таблиця 2.2

Визначення чутливості мікроорганізмів до антибіотиків за EUCAST

Антибіотики для бактерій роду <i>Staphylococcus</i>	Межі діаметру мм	Антибіотики для бактерій роду <i>Streptococcus</i>	Межі діаметр мм	Антибіотики для бактерій роду <i>Enterobacteries</i>	Межі діаметру, мм
Бетолактами					
Пеніцилін, (15 мг/диск)	29	Оксацилін (5 мг/диск)	21	Амоксицилін (30 мг/диск)	14–21
Цефокситин, 30 мг/диск (C2G)	25	Амоксицилін (25 мг/диск)	14–21	Амоксицилін + клавуланова кислота (30 мг/диск)	14–21
Цефовецин, 15 мг/диск (C2G)	24	Амоксицилін + клавуланова кислота (30 мг/диск)	14–21	Цефтіофур 30 мг/диск (C3G)	18–21
Амоксицилін+клавуланова кислота, 30 мг/диск	14–21	Цефалексин 25 мг/диск (C1G)	12–18	Цефокситин (30 мг/диск (C2G)	15–22
Цефалексин, 30 мг/диск (C1G)	12–18	Цефтіофур 30 мг/диск (C3G)	21	Цефалексин 25 мг/диск (C1G)	12–18
Цефтіофур, 25 мг/диск (C3G)	21	Цефхіном 25 мг/диск (C4G)	19–22	Цефхквіном 25 мг/диск (C4G)	19–22
Аміноглікозиди					
Стрептоміцин, (10 мг/диск)	13–15	Стрептоміцин (500 мг/диск)	12-13	Стрептоміцин (10 мг/диск)	13–15
Гентаміцин, (15 мг/диск)	20	Канаміцин (1000 мг/диск)	10–14	Гентаміцин (15 мг/диск)	16-48/15
Канаміцин (30 мг/диск)	15-17	Гентаміцин (500 мг/диск)	11–17	Канаміцин (30 мг/диск)	15–17
Макроліди		Макроліди		Феніколи	
Спіраміцин (30 мг/диск)	20	Спіраміцин (30 мг/диск)	14–18	Флорфенікол (10 мг/диск)	19
Еритроміцин (30 мг/диск)			17–22	Тетрацикліни	
Лінкозаміди				тетрациклін (30 мг/диск)	17–19
Лінкоміцин (25 мг/диск)			17–21	Поліпептиди	
Комбіновані SA		Тетрацикліни		Колістин (30 мг/диск)	15–18
Триметоприн сульфаметоксазол (30 мг/диск)	10–16	Тетрациклін (30 мг/диск)	17–19	Асоціація сульфамідів	
Тетрацикліни		Руфаміцини		Триметоприм сульфаметоксазол (30 мг/диск)	10–16
Тетрациклін (30 мг/диск)	17–19	Римфапіцин (30 мг/диск)	24–29	Хінолони	
				Флумеквін (30 мг/диск)	21–25

Результати оцінювали відповідно до рекомендацій Європейського комітету з протимікробної чутливості EUCAST версія (14.0) та національних критеріїв оцінки стійкості до антибіотиків – методичних вказівок “Визначення сприйнятливості мікроорганізмів до антибактеріальних препаратів” [188]. За обліку результатів звертали увагу на сформований рівномірний суцільний ріст бактерій. Вимірювання зон пригнічення росту проводили з точністю до 1 мм за допомогою лінійки-лекала, бактеріологічні чашки із закритими кришками розміщували догори дном над темною, матовою поверхнею так, щоб світло падало під кутом 45° для ефекту відбитого світла.

Статистичну обробку одержаних результатів досліджень виконували шляхом визначення критерію студента та комп’ютерної програми “Microsoft Excel 10.0”.

Значення кількісних ознак представлено $M \pm m$, з оцінкою достовірності розбіжностей за критерієм статистичної обробки результатів власних досліджень, у вигляді відсотків.

РОЗДІЛ 3

РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1 Поширення мікроорганізмів у сировині, продуктах харчування та серед тварин

Поширення умовно-патогенних та патогенних мікроорганізмів у сировині, продуктах харчування серед тварин має актуальну проблему для життя та здоров'я людей, звірів, навколишнього середовища, економічного благополуччя. Наявність патогенів у продуктах харчування викликає харчові токсикоінфекції, які можуть завершуватися летально. Ці бактеріальні агенти викликають різноманітні захворювання у тварин, що призводить до зниження продуктивності, економічних витрат. Економічні витрати через утилізацію продуктів, сировини, відкликання готової продукції з реалізації, ніщо у порівнянні із життям людей та тварин. Моніторинг поширення мікроорганізмів у продуктах харчування, сировині, поширення їх серед тварин різних видів відіграє важливу роль у забезпеченні безпеки харчових продуктів та охороні здоров'я макроорганізмів. Виявлення контамінації, проведення контролю якості, запобігання спалахам, вивчення поширеності, розробка нових методів ідентифікації патогенів, підвищення обізнаності фахівців покладено в основу аспектів моніторингу патогенів.

3.1.1 Поширення умовно-патогенних, патогенних мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування

Державна служба України з питань безпечності харчових продуктів та захисту споживачів є центральним органом виконавчої влади, що здійснює контроль за безпечністю та якістю харчових продуктів (моніторинг харчових продуктів), ветеринарний контроль та здоров'я тварин (запобігання поширенню інфекційних хвороб, перевірка м'ясної, молочної продукції), а також за санітарним та епідеміологічним благополуччям населення (контроль якості питної води та продуктів харчування). Тому нами проведено аналіз даних результатів досліджень на наявність мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування з метою

вивчення поширення їх у тварин. Аналіз звітних даних лабораторій ветеринарної медицини свідчать, що поширення мікроорганізмів: *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.* у сировині та продукції тваринного походження на території України протягом 2020–2024 рр.

Поширення бактерій *Staphylococcus spp.* виявлено у м'ясі свинини ($n=810/12$; $2,4\pm0,4$) та напівфабрикатах ($n=8268/30$; $6,0\pm2,0$), що представлено на табл. 3.1.

Таблиця 3.1

Рівень поширення бактерій *Staphylococcus spp.* у зразках м'яса від тварин різних видів та напівфабрикатів за період 2020–2024 рр.

Рік дослідження	М'ясо свинини, n	М'ясо яловичини, n	М'ясо баранини, n	Напівфабрикати з м'яса тварин, n	Фарш птиці, n	Фарш м'ясний, n
2020	140/3*	103	68	2496/12*	97	178
2021	208/2*	97	35	1623/9*	145	98
2022	221/3*	39	0	1173/1*	56	25
2023	132/3*	108	29	1749/5*	136	97
2024	109/1*	87	122	1227/3*	102	98
Всього	810/12*	434	254	8268/30*	536	496

Примітка: кількість досліджуваних проб / * – кількість позитивних

За даними проведеного мікробіологічного моніторингу з виявлення бактерій за період 2020–2024 рр. всього досліджено 10798 зразків, що становить $4184,20\pm1154,66$ середнього арифметичного на рік.

За даний період у м'ясі тварин виявлено бактерії роду *Staphylococcus* у 12 пробах, що складає 1,48 % від загальної кількості. Зокрема, аналіз результатів випробувань протягом дослідного періоду показав, що за дослідження 434 зразка м'яса яловичини, 254 зразка м'яса баранини, 536 зразків фаршу від птиці та 496

зразків фаршу м'ясного, доставленого із переробних підприємств на території України, бактерії *Staphylococcus spp.* не виявлено.

Проте, у 2020 році, у зразках м'яса свинини із 140 дослідних виявлено 3 позитивні проби, що відповідає 2,14 % від досліджених зразків. У 2021 р. із дослідних 208 зразків виявлено 2 (0,96 % від досліджених за рік) позитивні проби. У 2022 р., серед 221 дослідних проб виявлено 1,36 % позитивних. За 2023 р. досліджено 132 зразки м'яса свинини та виділено у 2,27 % ізоляти стафілококів. Протягом останнього дослідного року (2024 р.) із 109 проб – позитивні 0,92 %. Отже, за аналізу $162,0 \pm 22,12$ проб – виявлено $2,4 \pm 0,4$ позитивні, що становить $1,53 \pm 0,28$ %.

Таким чином, найбільший відсоток (2,27 %) інфікованих дослідних зразків м'яса (м'ясо свинини, яловичини, баранини) бактеріями *Staphylococcus spp.*, за дослідження 1498 проб, виділено з 2020 по 2024 рр. Аналіз одержаних результатів свідчить про нестабільність та можливість різних варіацій річних показників до їх збільшення, або зменшення.

Щодо напівфабрикатів із м'яса сільськогосподарських тварин, то аналіз одержаних даних, за проведення мікробіологічного моніторингу за період 2020–2024 рр. показав, що серед досліджених 8268 зразків виявлено інфікування *Staphylococcus spp.* у 30 (1,63 % серед досліджених) випадках. Зокрема, за результатами мікробіологічного моніторингу 2020 р. серед 2496 дослідних зразків виявлено бактерії роду *Staphylococcus* у 12 випадках, що складало 0,48 % від досліджених. У 2021 р. досліджено 1623 зразки означених напівфабрикатів та виявлено ізоляти *Staphylococcus spp.* у 9 дослідних пробах, що склало 0,55 % від досліджених. У 2022 р. серед 1173 дослідних зразків напівфабрикатів із м'яса сільськогосподарських тварин *Staphylococcus spp.* виділено у одному випадку, що складало 0,08 % від досліджених. Виявлено 5 (0,28 % від досліджених) позитивних випадків виділення бактерій роду *Staphylococcus* після випробувань 1749 дослідних зразків означених напівфабрикатів у 2023 р. Незначно менший відсоток виявили стафілококів у 2024 р (0,24 %). Отже, за дослідження проб

1653,60±238,97 напівфабрикатів із м'яса – виявлено 6,0±2,0 позитивні проби, що становить 0,33±0,08 %.

За дослідний період результати випробувань щодо *Staphylococcus spp.* у 6356 зразках молочних продуктів, 553 зразках сирів і виробів із сиру, 1659 зразках кисломолочних продуктів, 1265 зразках масла тваринного походження ізолятів збудників не виявлено. Протягом 2020–2024 рр. всього досліджено 2497,80±493,24 зразків молока (табл. 3.2), серед яких у 2,80±0,86 випадках виділено ізоляти *Staphylococcus spp.*, що складало 0,15±0,05 %.

Таблиця 3.2

Мікробіологічний моніторинг зразків молока та молочних продуктів щодо бактерій *Staphylococcus spp.* за період 2020–2024 рр.

Рік дослідження	Молоко, n	Молочні продукти, n	Сири та вироби з сиру, n	Кисломолочні продукти, n	Масло, n
2020	2445/5*	467	148	78	143
2021	2222/4*	389	448	186	207
2022	4098	2896	3724	677	517
2023	1020/3*	1132	552	413	154
2024	2704/2*	1472	244	244	244
Всього	12489/14*	6356	5116	1598	1265

Примітка: кількість досліджуваних проб / * – кількість позитивних

Зокрема, у 2020 році у 2445 зразках молока великої рогатої худоби виділено *Staphylococcus spp.* у 5-ти (0,20 %) від досліджених. За 2021 рік серед досліджених 2222 зразків молока, у 4 (0,18 % серед досліджених) із них виділено бактерії *Staphylococcus spp.* За результатами випробувань із 1020 зразків молока у 2023 р. виявлено 3 позитивні проби (0,29 %). Не важаючи на дослідження найменшої кількості зразків молока (n=1020) державними лабораторіями ветеринарної медицини у 2023 р., порівняно з показниками інших років дослідного періоду, та

дослідження найбільшої кількості позитивних проб (0,29 %), можна відзначити нестабільну тенденцію інфікованості молока бактеріями *Staphylococcus spp.* Зазначимо, що після зростання кількості виділення позитивних проб, реєструється зниження, так у 2020 р. – 0,20 %, у 2021 – 0,18, у 2022–0,29, а у 2024 році дослідження даний показник становить лише 0,07 % (табл. 3.3).

Таблиця 3.3

Показники невідповідності мікробіологічним критеріям щодо бактерій *Staphylococcus spp.* у зразках води, овочів та цукерок за період 2020–2024 рр.

Рік дослідження	Вода	Овочі	Цукерки
2020	5935/19 *	141/1 *	526/1 *
2021	4376/10 *	101/3 *	387
2022	80	33	401
2023	1579/6*	347	715
2024	1263/6 *	251	1021
Всього	13233/41*	873/4*	3050/1*

Примітка: кількість досліджуваних проб / * – кількість позитивних

За результатами мікробіологічного моніторингу зразків води за період 2020–2024 рр., відповідно *Staphylococcus spp.*, виявлено коливання показників забрудненості води. Зокрема, за аналізом одержаних результатів випробувань усіх 2646,60±1082,72 зразків води лише у 2020 р. із 5935 дослідних проб виділено збудники *Staphylococcus spp.* у 0,32 % від досліджених. За результатами у 2021 р. із 4376 дослідних зразків виділено 10 (0,23 %) ізолятів *Staphylococcus spp.*, у 2023–2024 рр. із досліджених 1579/1263 по 6 (0,38 %) позитивних ізолятів стафілококів. Аналіз отриманих даних свідчить про нестабільність виявлення *Staphylococcus spp.* у воді. Наявність *Staphylococcus spp.* за дослідження 174,60±55,74 зразків овочів свідчить, що серед 873 досліджуваних зразків виділено патогени у 0,57 %, у 2022 та 2023 рр. – із 380 дослідних зразків не виділено жодного ізоляту.

Таким чином встановлено, що овочі мають найменший відсоток ($1,20 \pm 0,58$) забрудненості даними патогенами. За моніторингових випробувань зразків ($610,0 \pm 118,40$) цукерок щодо наявності *Staphylococcus spp.* Встановлено, що у 2020 та 2024 рр. ізоляти стафілококів виділено у 0,19 % та 0,10 %, відповідно (середнє арифметичне становить $0,06 \pm 0,03$ %). Таким чином, звертаємо увагу на те, що кількість позитивних проб ($7,60 \pm 3,29$), виділених із води вірогідно ($p < 0,1$) перевищує отримані дані показників за дослідження овочів ($1,20 \pm 0,58$) та цукерок ($0,40 \pm 0,24$). Збудник *Escherichia coli* досить часто викликає інфекційні захворювання у тварин, але за мікробіологічного моніторингу фахівцями ветеринарної медицини м'яса свинини, яловичини, баранини, фаршу птиці, м'ясного фаршу, напівфабрикатів із м'яса невідповідностей щодо даного показника не виявлено. За аналізом результатів випробувань у 2021 р. із 33 зразків молока *Escherichia coli* виділено в 3,03 % від досліджених проб. За результатами випробувань на невідповідність щодо *Escherichia coli* у 435 зразках молочних продуктів, у 3763 – сирів і виробів із сиру, у 854 – кисломолочних продуктів та у 413 зразках масла тваринного походження збудника не виділено (рис. 3.4).

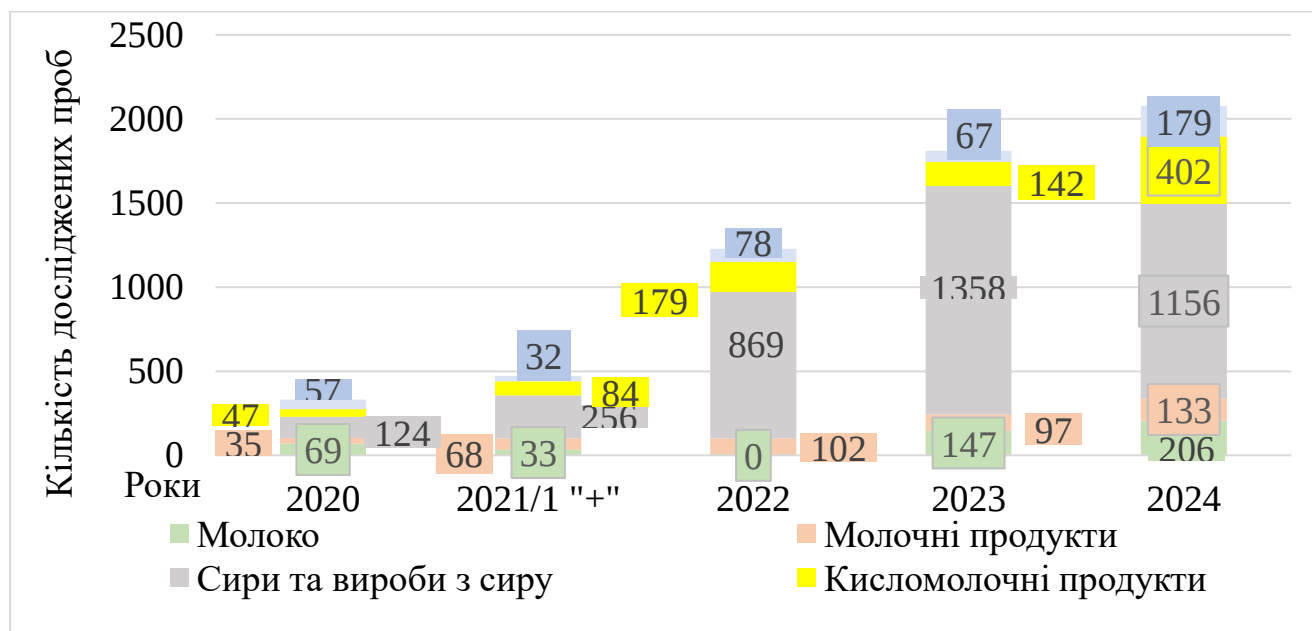


Рис. 3.4. Показники невідповідності мікробіологічним критеріям щодо *Escherichia coli* зразків молока та молочних продуктів за період 2020– 2024 рр.

Примітка: "+" кількість позитивних проб за рік

За дослідний період за проведення випробувань 7770 зразків води виділено і ідентифіковано 115 (1,48 % від досліджених) ізолятів *Escherichia coli*. Зокрема, у 2020 р. із досліджених зразків води виділено 47 (1,94 % від досліджених) ізолятів *Escherichia coli*; у 2021 р. із 1436 дослідних зразків – 12 (0,84 % від досліджених) ізолятів.

Найвищий ступінь забрудненості води встановлено у 2023 р. за результатами проведених випробувань 927 зразків води, ідентифіковано 50 (5,39 % від досліджених) ізолятів ешеріхій (рис. 3.5).

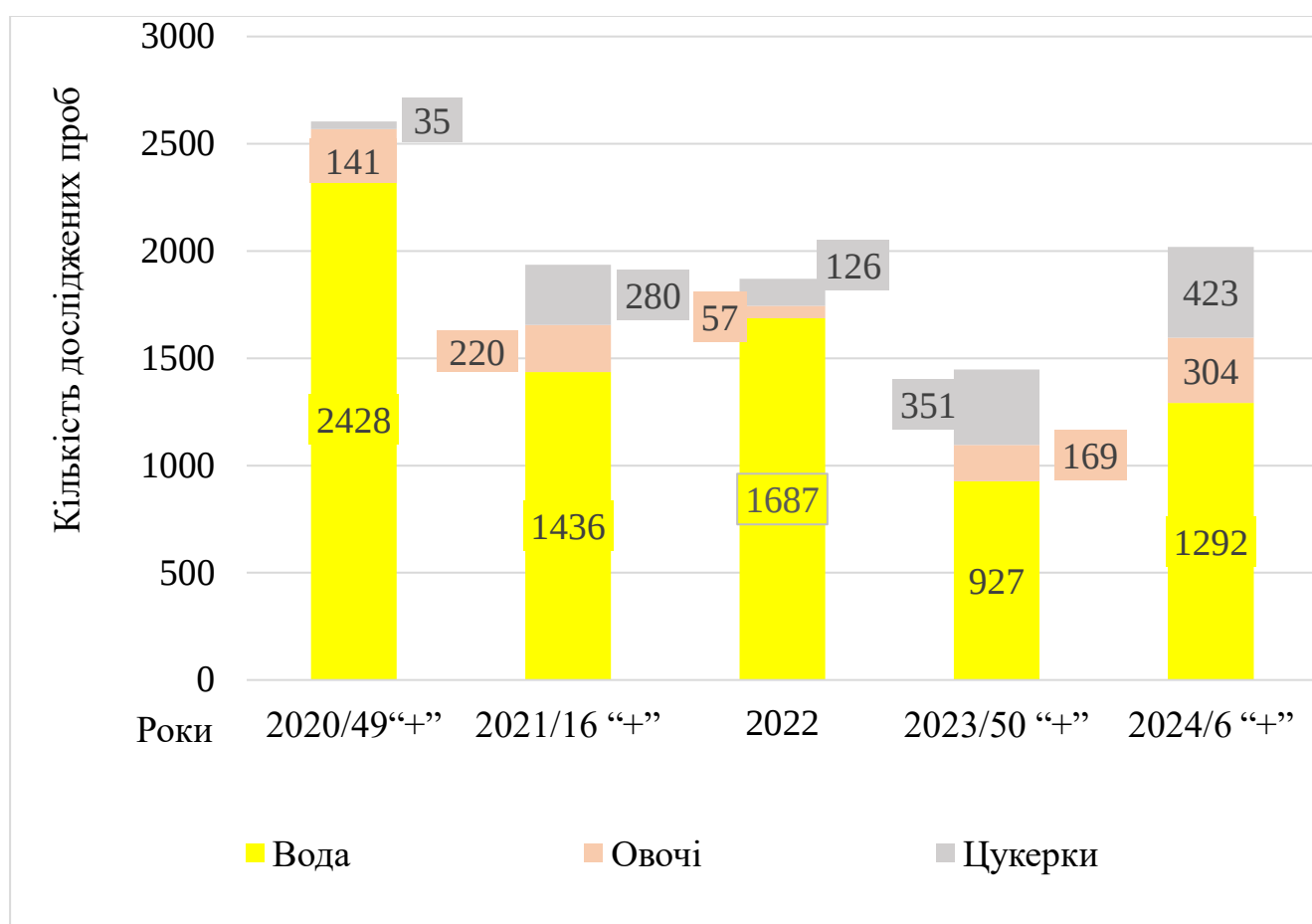


Рис. 3.5. Рівень забрудненості *Escherichia coli* зразків води, овочів, цукерок за період 2020–2024 рр.

Примітка: “+” кількість позитивних проб за рік

Зауважимо, що кількість досліджених проб води у 2024 році збільшено на 365, порівняно з 2023 р., але кількість невідповідності зразків виявилася 0,46 %.

Отже, за дослідження працівниками лабораторій $1554 \pm 250,72$ проб води встановлено невідповідність $1,72 \pm 0,97$ %.

За проведення випробувань зразків овочів щодо *Escherichia coli* за дослідний період досліджено $178,20 \pm 41,06$ проб та виявлено 5 ($0,50 \pm 0,35$ %) позитивних результатів.

Зокрема, у 2020 р. із 141 зразка овочів виділено один (0,71 % від досліджених) ізолят; у 2021 р. серед 220 зразків овочів – 4 (1,81 % від досліджених) позитивних. У наступні роки (2022–2024 рр.) за випробувань 57, 169 та 304 зразків овочів не виявлено невідповідності стосовно *Escherichia coli*.

У 2020 р. 35 зразків цукерок надходили для дослідження щодо показника *Escherichia coli*. За результатами бактеріологічних досліджень ідентифіковано збудника у 2,85 % досліджених зразках.

У 2021–2024 рр., серед досліджених зразків ($n=1180$) цукерок невідповідності виявлено не було. Всього за дослідний період, серед досліджених 1215 зразків цукерок, що становить $243 \pm 71,55$ середнього арифметичного, загальна забрудненість збудником *Escherichia coli* складала $0,48 \pm 0,48$ % від загальної кількості досліджених проб на даний показник (виділено та ідентифіковано один ізолят).

Таким чином, за проведених досліджень щодо наявності *Escherichia coli* у дослідних зразків води, овочів і цукерок за дослідний період (2020–2024рр.) найбільша ураженість бактеріями спостерігається у зразках води ($1,72 \pm 0,97$ %).

Слід звернути увагу на те, що найбільшу кількість проб дослідили води ($1554,0 \pm 250,72$), відповідно овочів – $178,20 \pm 41,06$ та цукерок – $243,0 \pm 71,55$ ($p < 0,1 - 0,001$).

За період 2020–2024 рр., за результатами проведеного мікробіологічного моніторингу на відповідність мікробіологічному критерію щодо виявлення бактерій роду *Proteus* за дослідження $144 \pm 67,30$ зразків баранини, $250,80 \pm 66,94$ – яловичини, $103,80 \pm 38,41$ – м'яса свинини, $310,60 \pm 136,90$ – фаршу птиці та $339,40 \pm 119,44$ зразків фаршу м'ясного бактерій *Proteus spp.* не виявлено (рис.3.6).

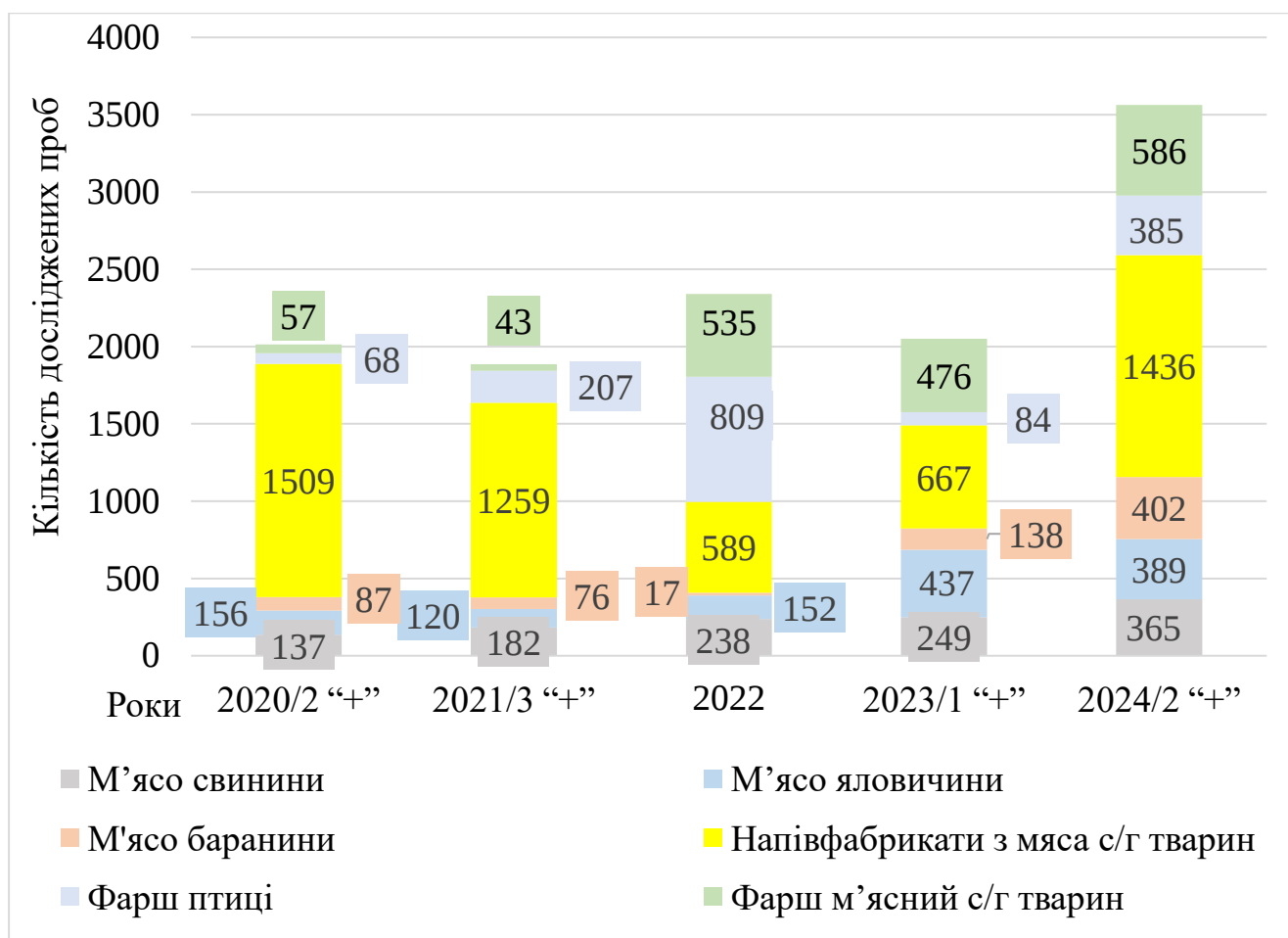


Рис. 3.6. Результати моніторингових випробувань щодо виділення бактерій роду *Proteus* у зразках м'яса та м'ясних виробів за період 2020–2024 рр.

Примітка: “+” кількість позитивних проб за рік

За дослідний період результати досліджень на виділення бактерій роду *Proteus* свідчать, що з $1092,0 \pm 194,13$ зразків напівфабрикатів із м'яса сільськогосподарських тварин виділено $0,13 \pm 0,04$ % ізолятів. Зокрема, виділено 2 (0,13 %) ізоляти *Proteus spp.* з 1509 зразків у 2020 р., 3 (0,24 %) ізоляти із 1259 у 2021 р., 1 (0,15 %) ізолят із 667 – у 2023 р. та 2 із 1436 – (0,14 %) у 2024 р. досліджених 667 зразків напівфабрикатів.

Протягом дослідного періоду 2020–2024 рр. за результатами випробувань щодо виділення бактерій роду *Proteus* у $89,0 \pm 21,0$ зразках молочних продуктів, $691,80 \pm 276,92$ – сирів та виробів із сиру, $128,40 \pm 41,09$ зразках кисломолочних продуктів та $90,0 \pm 28,34$ зразках масла тваринного походження бактерій *Proteus spp.* не виділено (рис. 3.7).

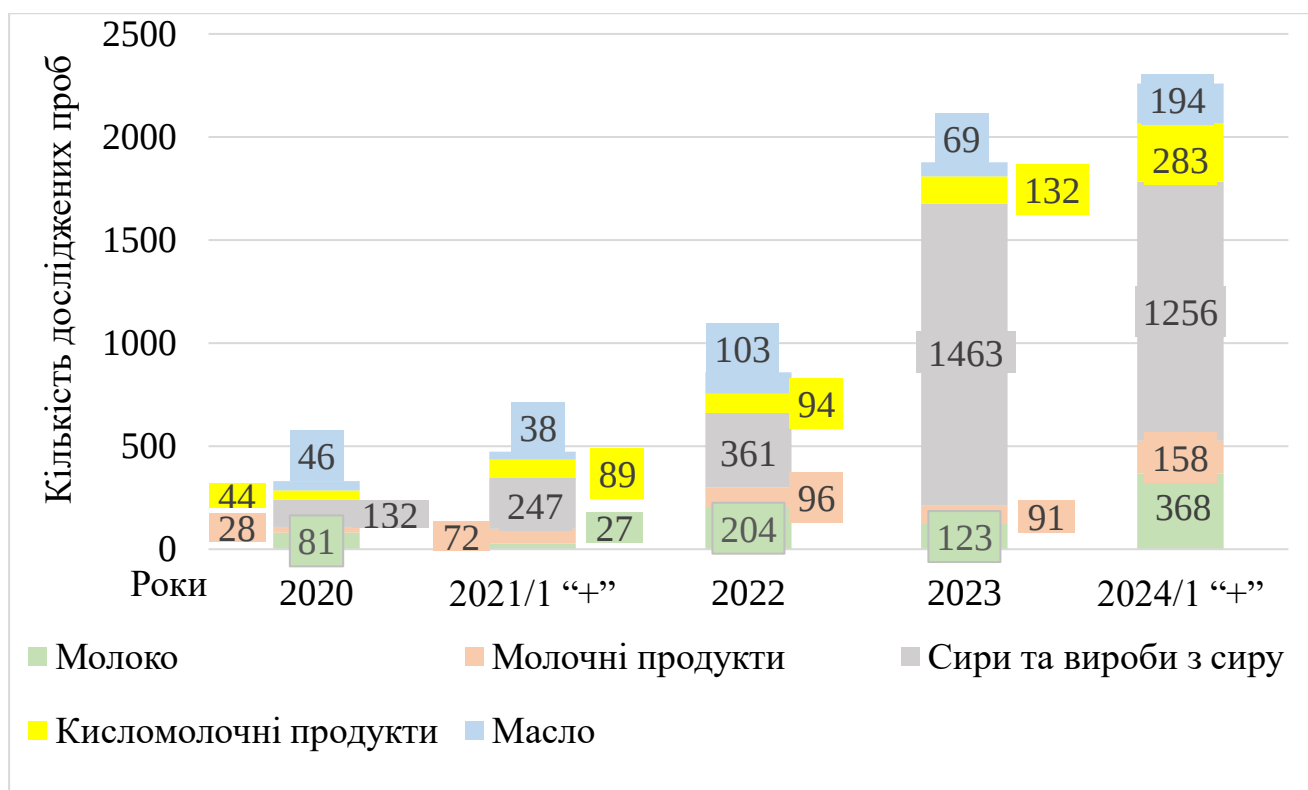


Рис. 3.7. Результати випробувань на відповідність мікробіологічним критеріям щодо *Proteus spp.* у зразках молока та молочних продуктів за період 2020–2024 рр.

Примітка: “+” кількість позитивних проб за рік

Крім того, слід зауважити, що у 2021 р. за результатами випробувань 27 зразків молока виділено 3,70 % позитивних проб.

Протягом дослідного періоду 2020–2024 рр. за аналізу результатів випробувань щодо виділення *Proteus spp.* 709,60±160,65 зразків води, 81,20±48,10 овочів та 98,0±12,07 зразків цукерок ізолятів бактерій роду *Proteus* не виділено.

Таким чином, за проведення мікробіологічного моніторингу на відповідність показників досліджень щодо виділення ізолятів збудників бактеріальної етіології за період 2020–2024 рр., встановлено наявність патогенних бактерій *Staphylococcus spp.*, *Escherichia coli* та *Proteus spp.* у сировині та продукції тваринного походження. Зокрема, найбільшу кількість виділених проб отримано на наявність: *Staphylococcus spp.* із м'яса свинини (1,53±0,28 %, зокрема у 2020, 2022, 2023 рр.), на *Escherichia coli* – із води (1,72±0,97 %, зокрема у 2023, 2020 рр.) та на *Proteus spp.* – напівфабрикатів із м'яса (0,13±0,04 %, зокрема у 2021,

2023 рр.), що створює небезпеку для здоров'я людини, провокує поширення зоонозних збудників серед тварин, людей та об'єктів довкілля.

3.1.2 Визначення поширеності патогенних мікроорганізмів серед собак

За час проведеного моніторингу найпоширенішими проблемами у собак є інфіковані рани травматичного та післяопераційного походження (за ступенем інтраопераційної мікробної контамінації – IV класу) – 157 випадків (35,70 %), які мають різні причини виникнення та неоднакову ступінь ураження тканин.

Зауважимо, що критичного рівня бактеріального забруднення (100 тис. мікробних клітин на 1 г тканини) у дослідних тварин не виявлено. Рани – 157 (35,68 %), супроводжувалися забрудненням ушкоджених тканин, наслідок чого виникали запальні гнійні процеси, основною причиною яких є наявність збудників інфекції (рис.3.8).



Рис. 3.8. Рана у собаки, з якої відбирали проби для бактеріологічного дослідження

Проведений моніторинг збудників ранової інфекції у собак свідчить про їх широкий спектр. За дослідження гнійного ексудату з ран, встановлено, що найбільший відсоток бактерій, які викликали інфекційний рановий процес у собак

це: *Staphylococcus spp.* – 15,20 %, *Staphylococcus epidermitis* – 14,0, *Streptococcus spp.* – 14,0, *Escherichia coli* – 12,80 % та *Streptococcus canis* – 10,80 %.

Менше, але теж виділяються: *Staphylococcus intermedius* – 8,90 %, *Enterobacter spp.* – 5,10, *Pseudomonas spp.* – 4,50 % *Staphylococcus pseudintermedius* – 4,50, *Proteus mirabilis* – 3,80, *Proteus spp.* – 3,20, *Klebsiella spp.* – 3,20 % (рис. 3.9).

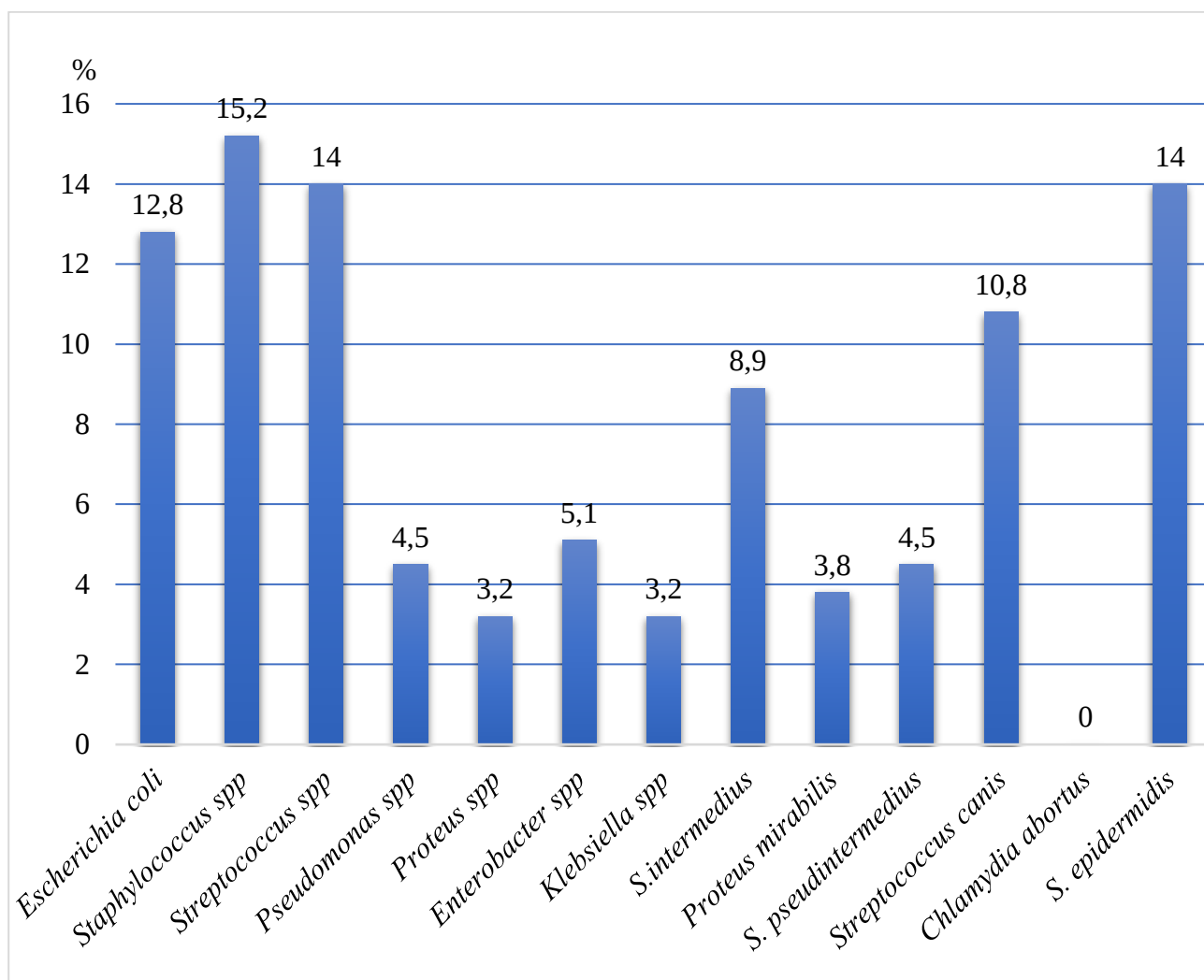


Рис. 3.9. Поширення в ексудаті ран собак патогенних бактерій, %

Слід звернути увагу на те, що при захворюванні тварин протягом дослідного періоду реєстрували запальні захворювання матки (піометри) у 89 сук (20,20 %), абсцеси – 99 (22,50 %), гнійні отити – 95 (21,60 %) (рис. 3.10).

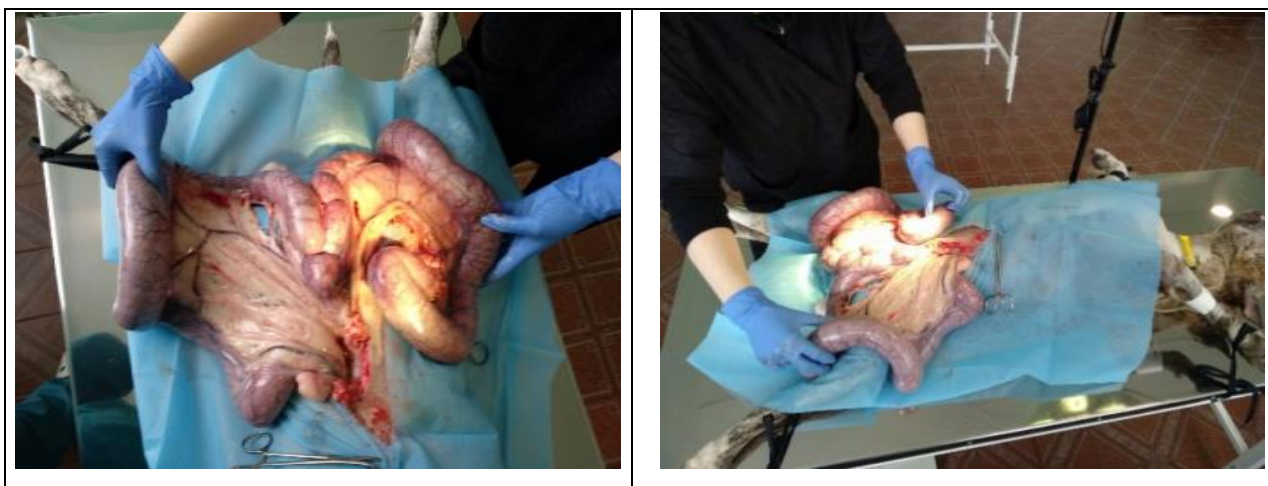


Рис. 3.10. Піометра у сук, від яких відбиляли проби для досліджень

У ході досліджень встановлено, що найпоширенішим виділенням збудником із гнійного ексудату за піометри є *Escherichia coli* – 16,80 %, від загальної кількості досліджених тварин (рис. 3.11).

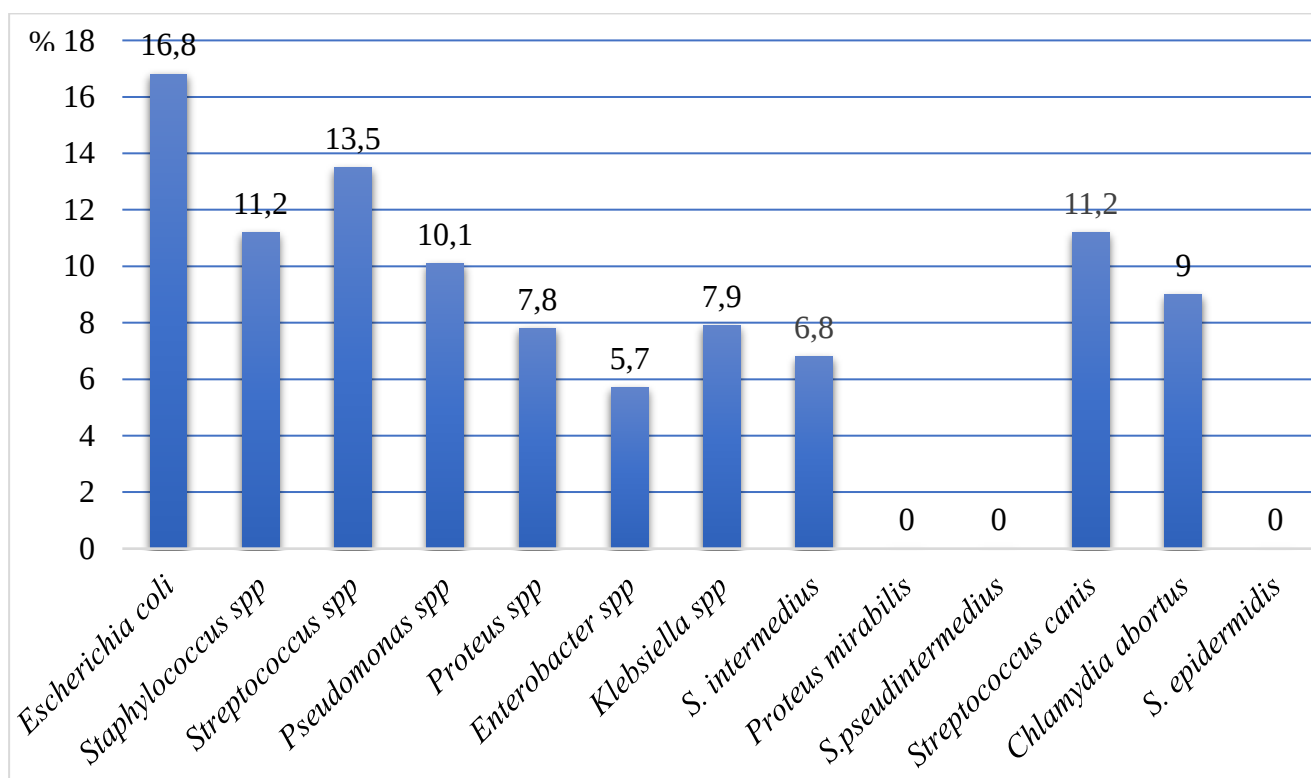


Рис. 3.11. Ізоляти бактерій у гнійному ексудаті за піометри у сук

Дещо менший відсоток виділено та ідентифіковано: *Streptococcus spp.* – 13,50 %; *Staphylococcus spp.* – 11,20; *Streptococcus canis* – 11,20; *Pseudomonas spp.*

– 10,10 %. Найменше виділяються ізоляти: *Chlamydia abortus* – 9,0 %; *Klebsiella spp.* – 7,90; *Proteus spp.* – 7,80; *Staphylococcus intermedius* – 6,80; *Enterobacter spp.* – 5,70 %.

За період моніторингу вивчено мікрофлору собак (n=95) за розвитку інфекційного запалення внутрішнього, середнього та зовнішнього вуха – гнійних отитів

За мікробіологічних досліджень проб від собак із ознаками захворювання на гнійний отит, виділено *Streptococcus spp.* – 14,70 %, *Staphylococcus spp.* – 11,60, *Klebsiella spp.* – 9,40, *Staphylococcus intermedius* – 9,40, *Streptococcus canis* – 9,40, *Proteus spp.* – 8,40, *Staphylococcus pseudintermedius* – 8,40, *Staphylococcus epidermidis* – 8,40, *Escherichia coli* – 7,40, *Proteus mirabilis* – 7,30, *Enterobacter spp.* – 5,20 % (рис. 3.12).

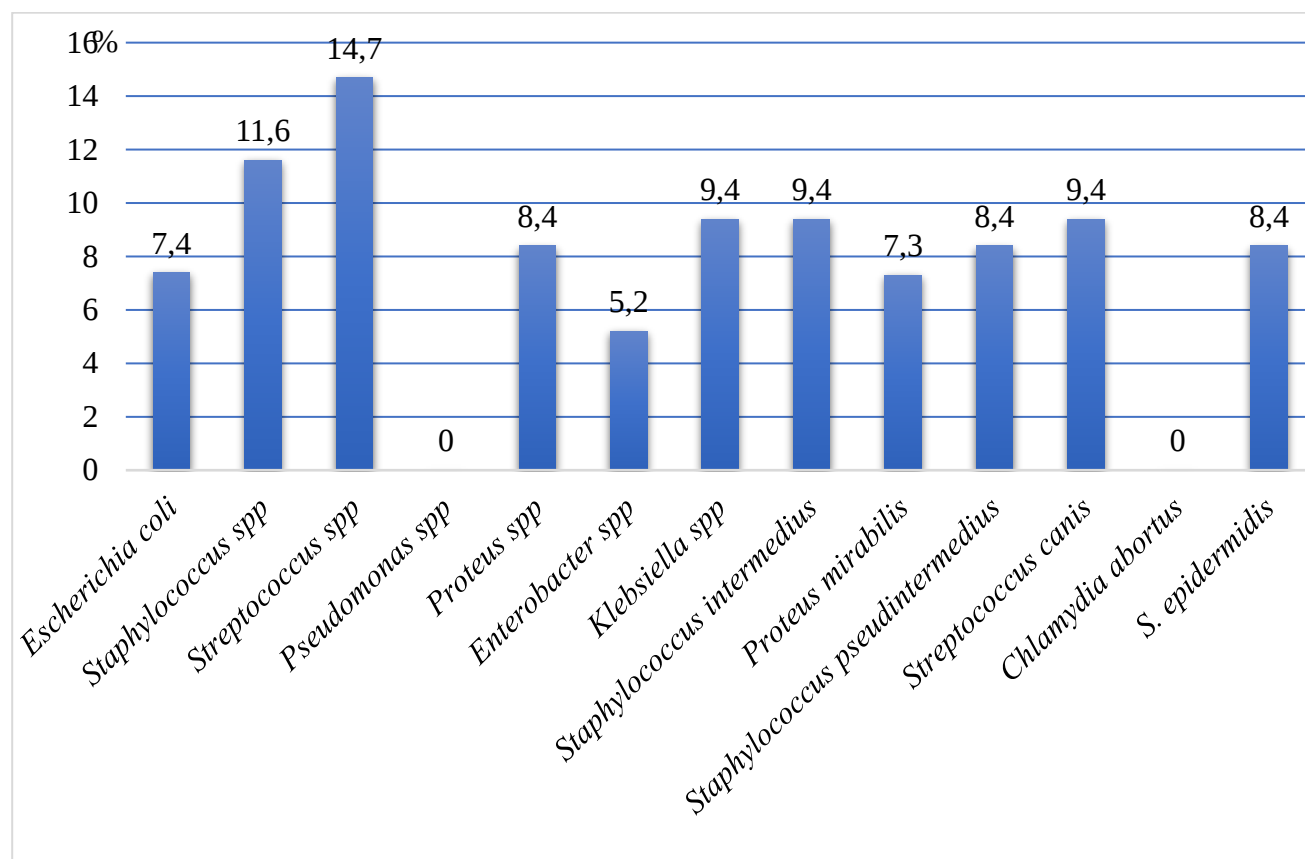


Рис. 3.12. Ізоляти бактерій у гнійному ексудаті за отитів у собак

За час проведення моніторингу, діагностовано абсцеси (рис. 3.13–3.14) у 99 собак.



Рис. 3.13. Абсцеси у собак, від яких відбирали ексудат на дослідження

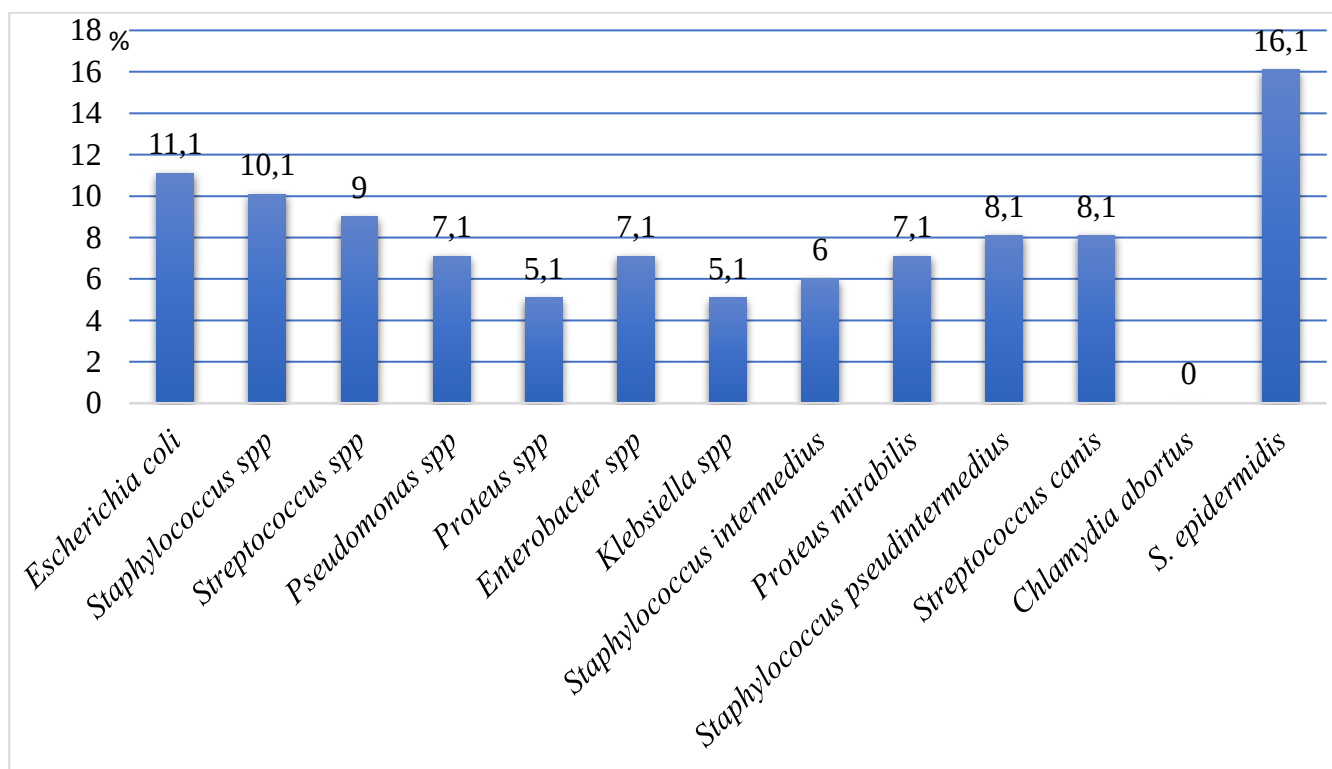


Рис. 3.14. Ізоляти бактерій із гнійного ексудату за абсцесів у собак

Під час дослідження, гнійного ексудату із абсцесів собак, виділено та ідентифіковано ізоляти: *Staphylococcus epidermidis* – 16,10 %; *Escherichia coli* –

11,10; *Staphylococcus spp.* – 10,10; *Streptococcus spp.* – 9,0; *Staphylococcus pseudintermedius* – 8,10; *Streptococcus canis* – 8,10; *Pseudomonas spp.* – 7,10; *Enterobacter spp.* – 7,10; *Proteus mirabilis* – 7,10; *Staphylococcus intermedius* – 6,0; *Proteus spp.* – 5,10; *Klebsiella spp.* – 5,10 %.

За дослідження у собак (n=7) гнійного ексудату за розвитку поверхневих та глибоких пієдермій встановлено, що це: коагулазопозитивні *Staphylococcus aureus* (28,60 %), коагулазонегативні *Staphylococcus felis* (14,28 %), *Staphylococcus pseudintermedius* (14,28 %), *Micrococcus spp.* (7,14 %), *Acinetobacter spp.* (7,14 %), *Staphylococcus schleiferi* (7,14 %) та альфа-гемолітичні стрептококи (7,14 %). Окрім того, виділено та ідентифіковано *Candida albicans* (7,14 %).

Отже, встановлено, що основними інфекційними патогенами бактеріологічного походження у собак за розвитку гнійного отиту, абсцесу, гнійних ран, піометри є: *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, оскільки саме ці мікроорганізми виділяються найчастіше з інфікованого біологічного матеріалу тварин.

Ми вважаємо, по виділені ізоляти від собак можуть відображати рівень поширення патогенів серед даного виду тварин.

Окрім того, велику роль відіграють представлені бактеріальні мікроорганізми як збудники захворювань, оскільки зазвичай вони є резистентними до антибактеріальних препаратів.

Таким чином при контакті з людиною собаки є можливим джерелом інфекційного процесу.

3.1.3 Поширеність патогенних мікроорганізмів серед котів

За період моніторингу власники 381 kota звернулися до клінік з інфекційною патологією. У кішок піометру (рис. 3.15) діагностовано у 78 тварин (20,50 %), гнійні рани різного походження – у 96 (25,20 %), гнійні отити – у 59 (15,50 %), а абсцеси – у 148 (38,80 %).

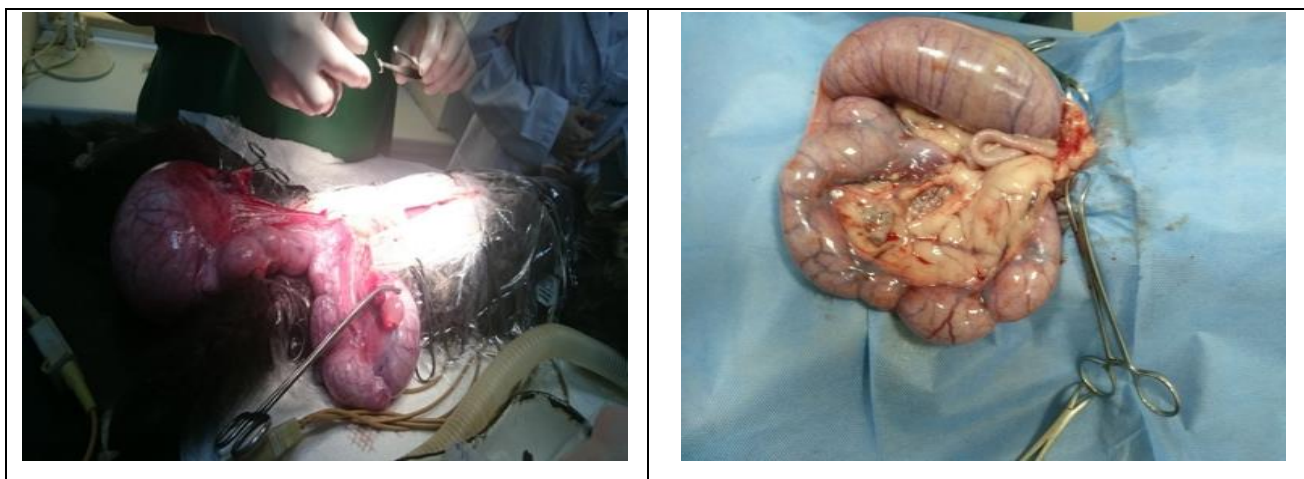


Рис. 3.15. Відбір проб ексудату із матки для бактеріологічного дослідження

Проведеними дослідженням встановлено, що з біологічного матеріалу (гнійного ексудату) за розвитку піометри у кішок існує поширеність таких ізолятів: *Staphylococcus aureus* – 20,50 %; *Escherichia coli* – 17,90 та *Staphylococcus epidermidis* – 15,40 %. Дещо менший відсоток представлений *Staphylococcus uberis* – 10,30 %, *Enterococcus faecalis* та *Staphylococcus pyogenes* по 6,40 %.

Найменша кількість виділено та ідентифіковано *Staphylococcus entermedium* та *Proteus vulgaris* – по 5,20 %, *Klebsiela pneumoniae* – 3,80; *Proteus mirabilis* – 3,80; *Candida albicans* – 2,50; *Enterobacter aerogenes* – 1,30; *Pseudomonas aeruginosa* 1,30 % (рис. 3.16).

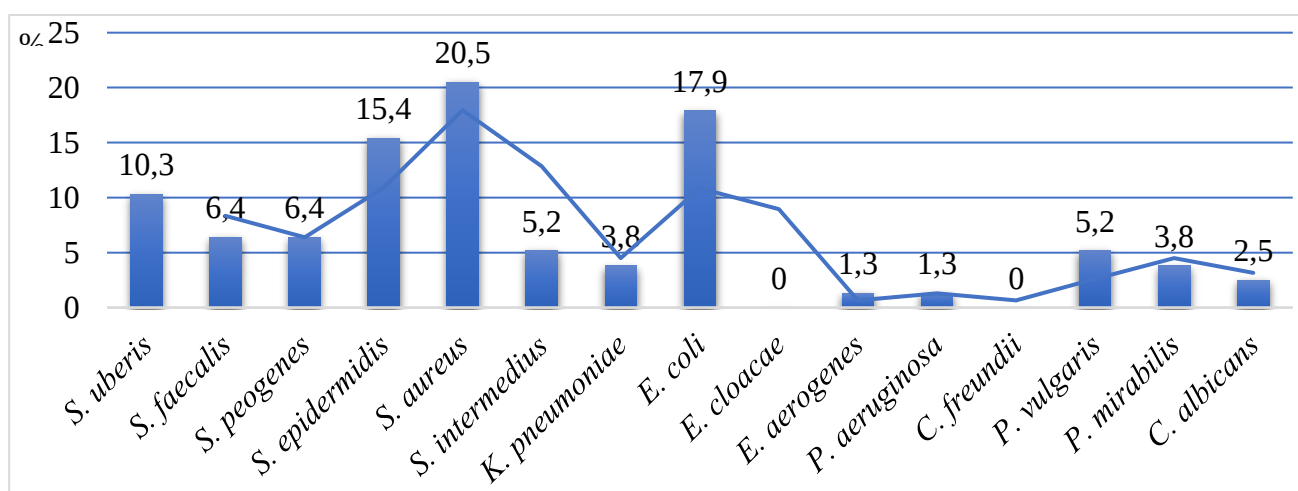


Рис. 3.16. Ізоляти бактерій, виділені з гнійного ексудату у кішок з піометрою, %

Отже, найчастіше за розвитку піометри у кішок виділяються патогени *Staphylococcus aureus* (20,50 %) та *Escherichia coli* (17,90 %). Дослідним тваринам виконано хірургічне видалення матки з діагнозом піометра, що на даний час є найбезпечнішим та найефективнішим способом лікування даної патології, оскільки за цього методу виділяється джерело інфекції та продукти життєдіяльності мікроорганізмів.

За період досліджень у котів зареєстровано та досліджено ексудат із місць інфікованих різаних, кусаних, колотих та комбінованих ран. На рисунку 3.17 представлено результати бактеріологічних досліджень 96 зразків ексудату від котів за розвитку інфікованих ран.

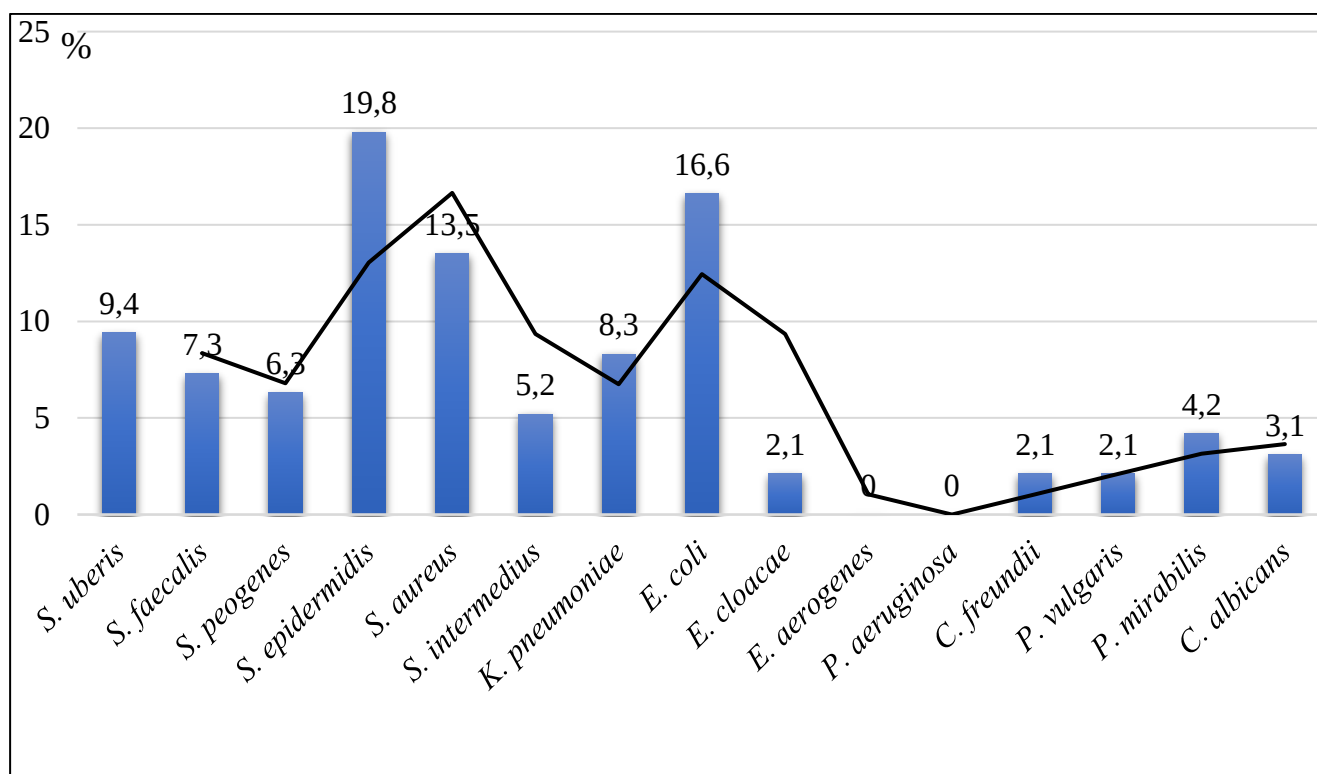


Рис. 3.17. Ізоляти бактерій, виділені з ексудату гнійних ран у котів, %

Результати досліджень свідчать, що кількість грампозитивної мікрофлори міститься у рані більше ніж грамнегативної. Окрім того, мікробний пейзаж гнійних ран у котів дуже різноманітний. Оскільки кожна рана є відкритими воротами для проникнення в організм мікрофлори, відповідно, будь-яке пошкодження шкіри у котів може мати бактеріальне забруднення різними видами

бактерій. За результатами бактеріологічних досліджень встановлено, що з гнійних ран котів виділено ізоляти: *Staphylococcus epidermidis* – 19,80 %; *Escherichia coli* – 16,60; *Staphylococcus aureus* – 13,50 %.

Дещо нижчі показники у відсотках мають бактерії: *Staphylococcus uberis* – 9,40 %; *Enterobacter faecalis* – 7,30; *Streptococcus pyogenes* – 6,30; *Staphylococcus intermedius* – 5,20; *Klebsiella pneumoniae* – 8,30 %. Найменшу кількість виділено: *Enterobacter cloacae* – 2,10 %; *Citrobacter. freundii* – 2,10; *Proteus vulgaris* – 2,10; *Proteus mirabilis* – 4,20; *Candida albicans* – 3,10 %.

Встановлено, що протягом дослідного періоду, найменш поширеними у котів є гнійні отити (виявили у 59 тварин) з виділенням гнійного ексудату та з гіперемією тканин. Дані досліджень свідчать про поширеність збудників за розвитку гнійних отитів у котів: *Escherichia coli* – 23,80 %, *Staphylococcus epidermidis* – 23,70, а *Staphylococcus aureus* – 13,60, *Staphylococcus uberis* – 8,50 %. Дещо менше у відсотках: *Enterobacter faecalis* – 6,70 %, *Enterobacter aerogenes* – 6,70, *Enterobacter cloacae* – 5,10, *Proteus vulgaris* – 5,10, *Proteus mirabilis* – 3,40, *Pseudomonas aeruginosa* – 1,70, *Candida albicans* – 1,70 % (рис. 3.18).

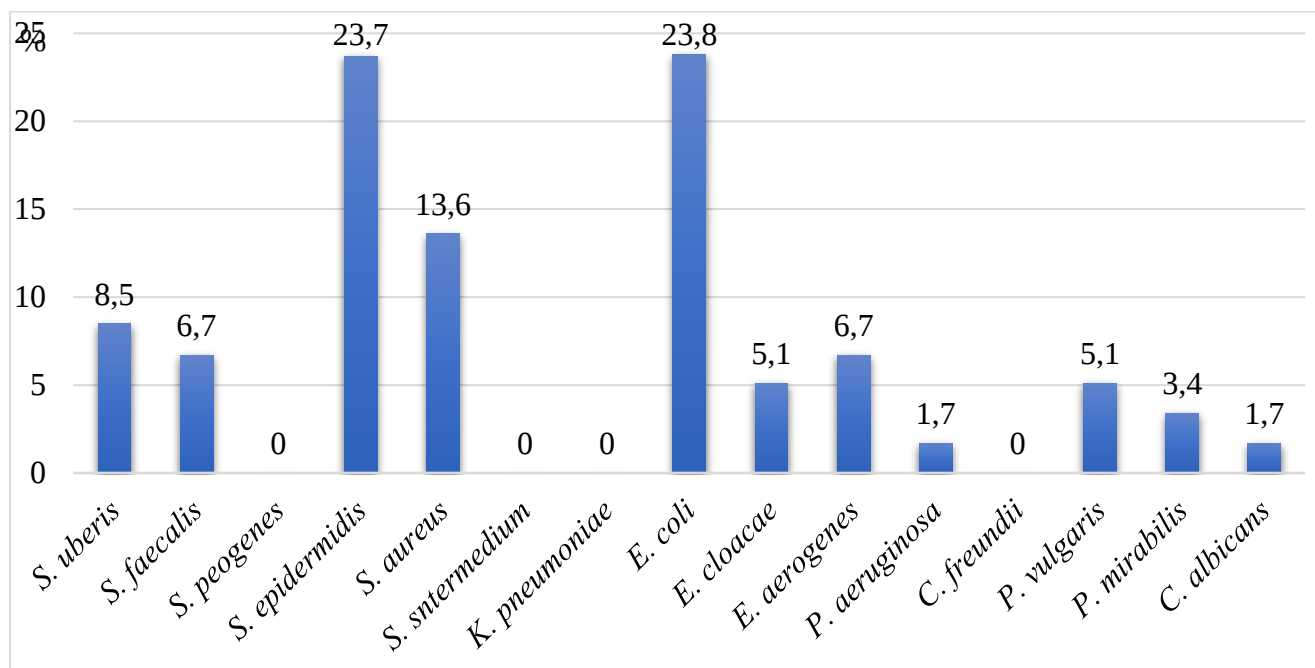


Рис. 3.18. Ізоляти бактерій, виділені при гнійних отитах у котів

За час моніторингу у котів досліджували вміст із абсцесів (n=148). Частіше зустрічалися глибокі абсцеси (рис. 3.19), які виникали через різні фактори (рани, укуси, травми), оскільки власники тварин не вчасно зверталися за допомогою до лікарів ветеринарної медицини.



Рис. 3.19. Тварини, від яких відбирали гнійний ексудат з абсцесів для бактеріологічних досліджень

Результати досліджень ізолятів мікроорганізмів, виділених із гнійного ексудату, за розвитку абсцесів у котів наведено на рис. 3.20.

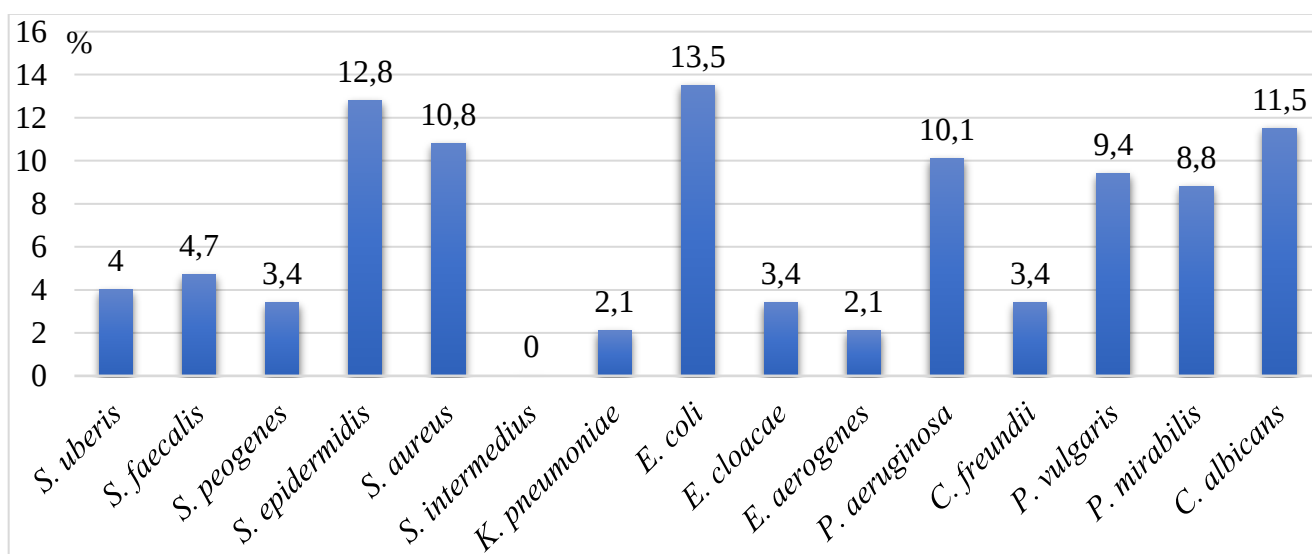


Рис. 3.20. Ізоляти бактерій, виділенні з гнійного ексудату за абсцесів у котів

Результати проведених досліджень свідчать, що видовий склад мікроорганізмів, ізольованих із гнійного ексудату за абсцесів котів, не відрізняються від ізолятів виділених вище вказаних захворювань. Слід відмітити, що поширеною мікрофлора: *Escherichia coli* – 13,50 %, *Staphylococcus epidermidis* (рис. 3.21) – 12,80 %, *Candida albicans* – 11,50, *Staphylococcus aureus* – 10,80 %.

Менш розповсюджені: *Pseudomonas aeruginosa* – 10,10 % (рис. 3.21), *Proteus vulgaris* – 9,40, *Proteus mirabilis* – 8,80, *Enterobacter faecalis* – 4,70 %.

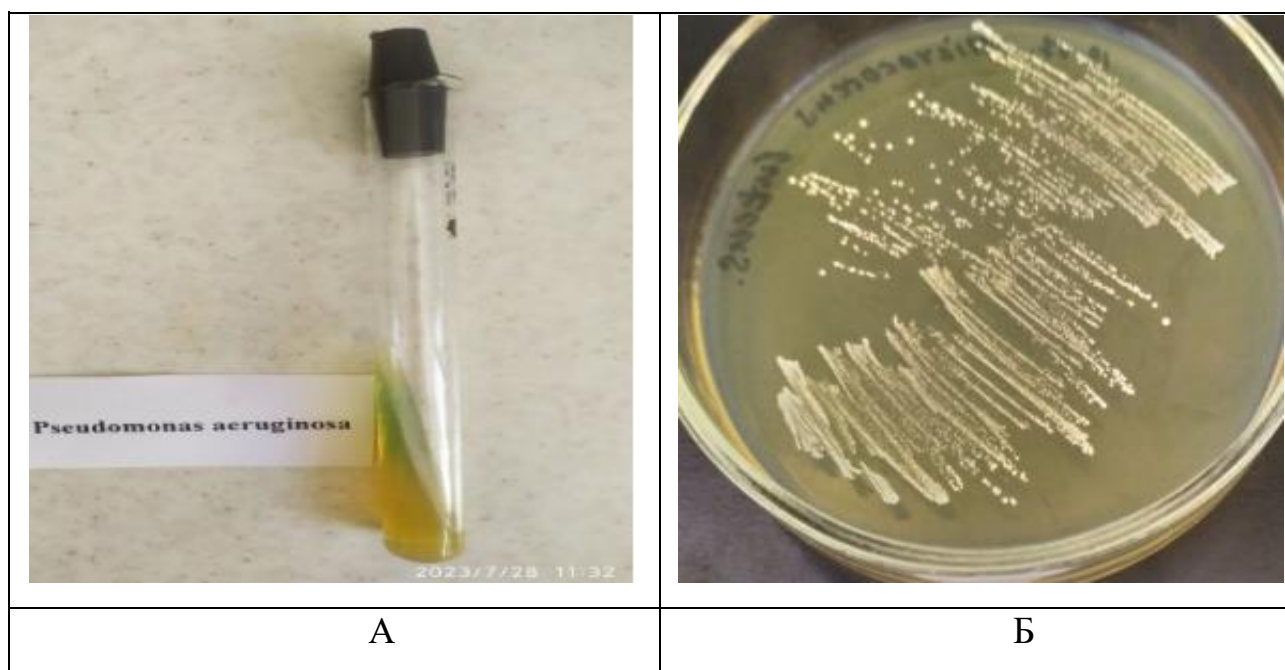


Рис. 3.21. Ізоляти бактерій *P. aeruginosa* та (А) *Staphylococcus epidermidis* (Б), виділенні з гнійного ексудату з абсцесу у котів

Отже, у результаті вивчення виділених ізолятів від котів, встановлено, що розвиток піометри, абсцесу, гнійних ран та отитів викликають переважно *Escherichia coli* (13,50–23,80 %), *Staphylococcus epidermidis* (12,80–20,50 %), *Staphylococcus aureus* (10,80–20,50 %). Зауважимо, що *Escherichia coli* є частиною нормальної мікрофлори, але у даному випадку ці мікроорганізми викликали захворювання тварин. Розвитку *Staphylococcus epidermidis* ймовірно сприяє пошкодження шкірного покриву та ослаблення імунної системи тварин.

3.1.4 Поширеність патогенних мікроорганізмів серед великої рогатої худоби та оленів

Оскільки велика рогата худоба та олені відносяться до групи жуйних, мають багатокамерний шлунок, схожі захворювання та потребують відповідного ветеринарного обслуговування нами вивчено поширення патогенної мікрофлори у даних видів тварин.

За результатами проведених досліджень встановлено, що з гнійного ексудату за ендометриту у великої рогатої худоби виділяються наступні ізоляти: *Micrococcus luteus* – 15,39 % та *Enterococcus faecalis* – 13,46 %. Дещо менший відсоток виділено та ідентифіковано *Staphylococcus aureus* – 9,61 %, *Staphylococcus chromogenes* – 9,61 %, *Escherichia coli* – 9,61 %. Окрім того, менший відсоток виділено *Pseudomonas aeruginosa* (7,69 %), *Staphylococcus haemolyticus* (5,77 %) та *Staphylococcus gallinarum* (5,77 %). Найменший відсоток припадає на патогени: *Staphylococcus simulans* (3,85 %), *Staphylococcus equorum* (3,85 %), *Streptococcus spp.* (3,85 %) та *Pseudomonas spp.* (3,85 %) (рис. 3.22).

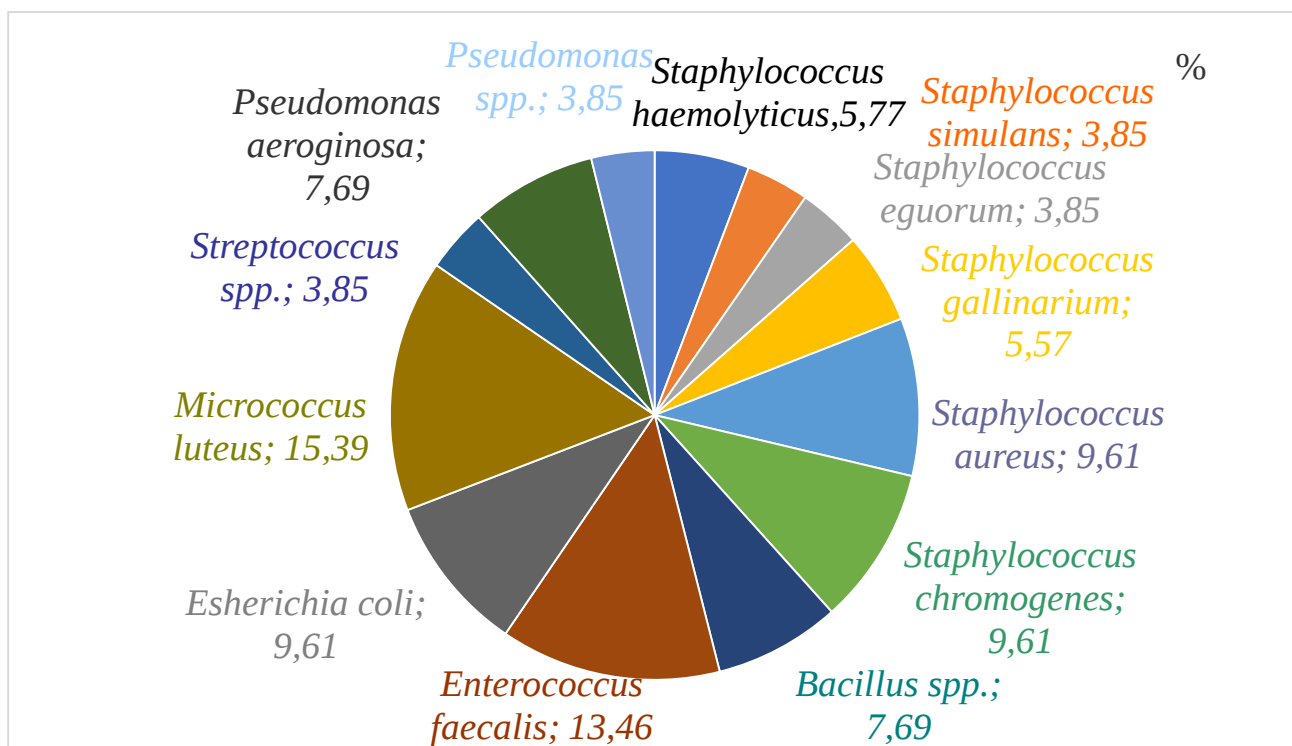


Рис. 3.22. Виділені ізоляти бактерій за гнійного ендометриту у великої рогатої худоби, %

Таким чином, найчастіше, серед досліджених тварин – великої рогатої худоби (n=52), розвиток гнійного ендометриту викликають коки, зокрема: найбільший відсоток припадає на *Micrococcus luteus* (15,39 %) та *Enterococcus faecalis* (13,46 %).

За період дослідження нами було встановлено, що серед інфікованих ран (n=17) різного походження у великої рогатої худоби найчастіше зареєстровано колоті, рвані та комбіновані. Під час мікробіологічних досліджень було виявлено, що найбільш розповсюдженими мікроорганізмами у гнійних ранах є *Staphylococcus spp.* – 23,53 % і *Micrococcus luteus* – 23,53 % (рис. 3.23).

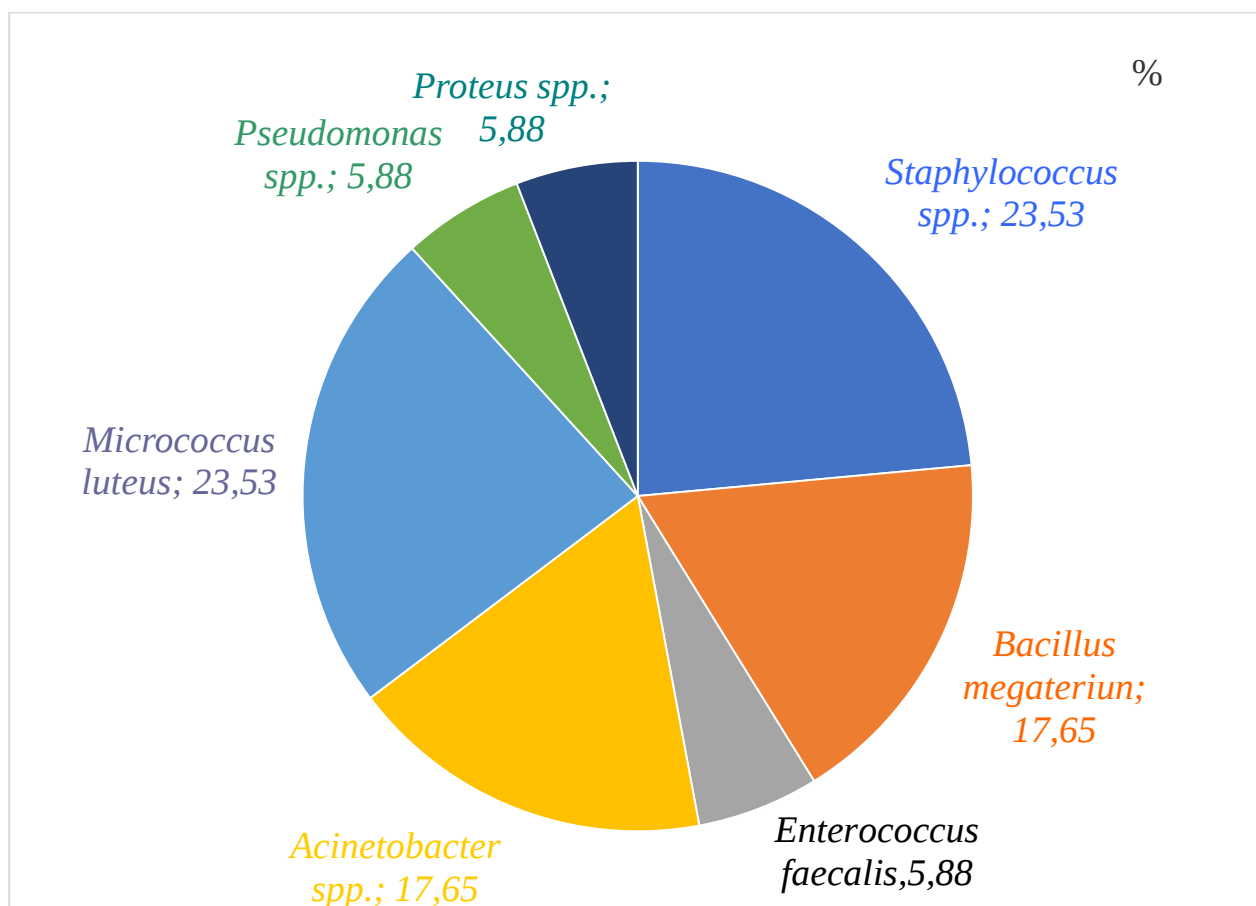


Рис. 3.23. Виділені ізоляти за розвитку гнійних ран різного походження у великої рогатої худоби, %

Також, нами виділено та ідентифіковано *Baccillus megaterium* – 17,65 %, *Acinetobacter spp.* – 17,65 %, а найменше – *Enterococcus faecalis* – 5,88 %, *Proteus spp.* – 5,88 % та *Pseudomonas spp.* – 5,88 %.

Pseudomonas spp. – 5,88, *Proteus spp.* – 5,88 %. Зауважимо, що від однієї тварини виділено ізолят *Clostridium perfringens*.

Окрім того, за період досліджень, нами проведено дослідження мікрофлори із гнійного ексудату, відібраного за розвитку абсцесів у великої рогатої худоби (n=45). Встановлено, що найчастіше причиною патології є виділені *Micrococcus luteus* – 20,0 %, *Escherichia coli* – 13,33 та *Enterococcus faecalis* – 11,11 % (рис. 3.24).

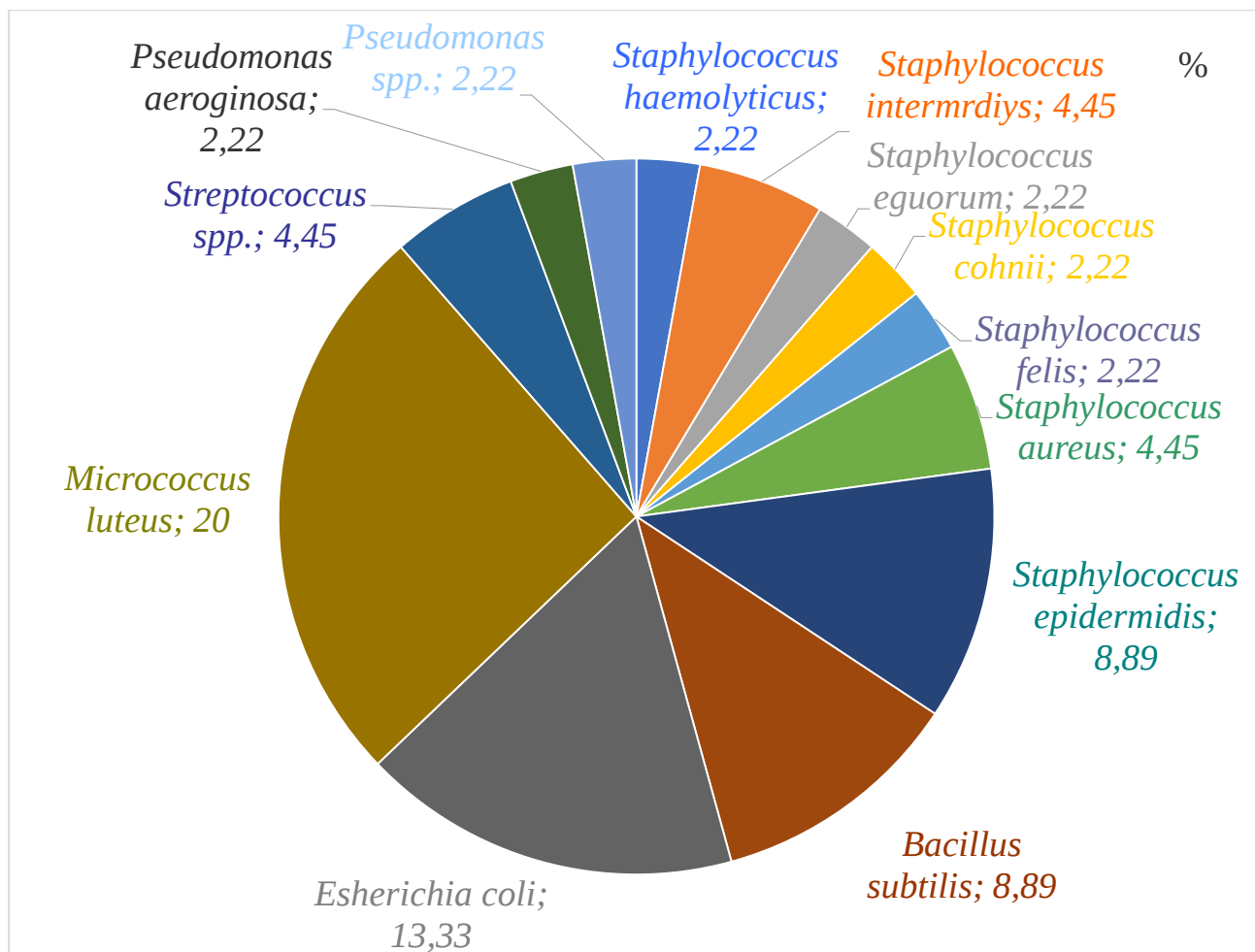


Рис. 3.24. Виділені ізоляти за розвитку абсцесів у великої рогатої худоби, %

Окрім того, виділено та ідентифіковано *Staphylococcus epidermidis* – 8,89 %, *Bacillus subtilis* – 8,89, *Staphylococcus intermedius*, *Staphylococcus aureus* та *Streptococcus spp.* по 4,45 %. Менший відсоток припадає на ідентифіковані ізоляти *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus equorum*, *Staphylococcus cohnii*,

Staphylococcus felis, *Corinebacterium xerosis*, *Kocuria rhizophia*, *Enterobacter spp*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas spp.* по 2,22 %.

Зазначимо, що грампозитивні, коагулазонегативні представники роду *Staphylococcus*: *Staphylococcus equorum* та *Staphylococcus cohnii* виявлено від великої рогатої худоби старших 4 років, яким час від часу, за розвитку певних патологій (маститів, абсцесів) зазвичай застосовували антибіотики широкого спектру дії.

Таким чином зауважимо, що мікроорганізм *Staphylococcus felis*, зазвичай виявляється від котів, а не від великої рогатої худоби. Ймовірно ця бактерія потрапила до великої рогатої худоби від котів, які були присутніми в господарстві. Зокрема, повідомлень про виділення *Kocuria rhizophia* від великої рогатої худоби в Україні, згідно дослідженими літературними джерелами, не виявлено. А за інфекційної патології (абсцесів, гнійних ендометритів та ран) у великої рогатої худоби (рис. 3.25) найбільш поширеними є збудники *Micrococcus luteus* (15,39 %, – ендометритів, 23,53 % – ран, 20,0 % – абсцесів) та *Enterococcus faecalis* (13,46 % – ендометритів, 11,11 % – абсцесів).



Рис. 3.25. Виявлені інфекційні патології у великої рогатої худоби

Зауважимо що, *Escherichia coli* найчастіше виділялася у великої рогатої худоби за розвитку абсцесів у 13,33 %, від загальної кількості виділених патогенів.

Зауважимо, що від оленів (n=50) досліджено лише біологічний матеріал відібраний із ран різного походження та абсцесів (рис. 3.26), оскільки інших патологічних процесів у досліджуваних тварин (різних господарств) не виявлено.

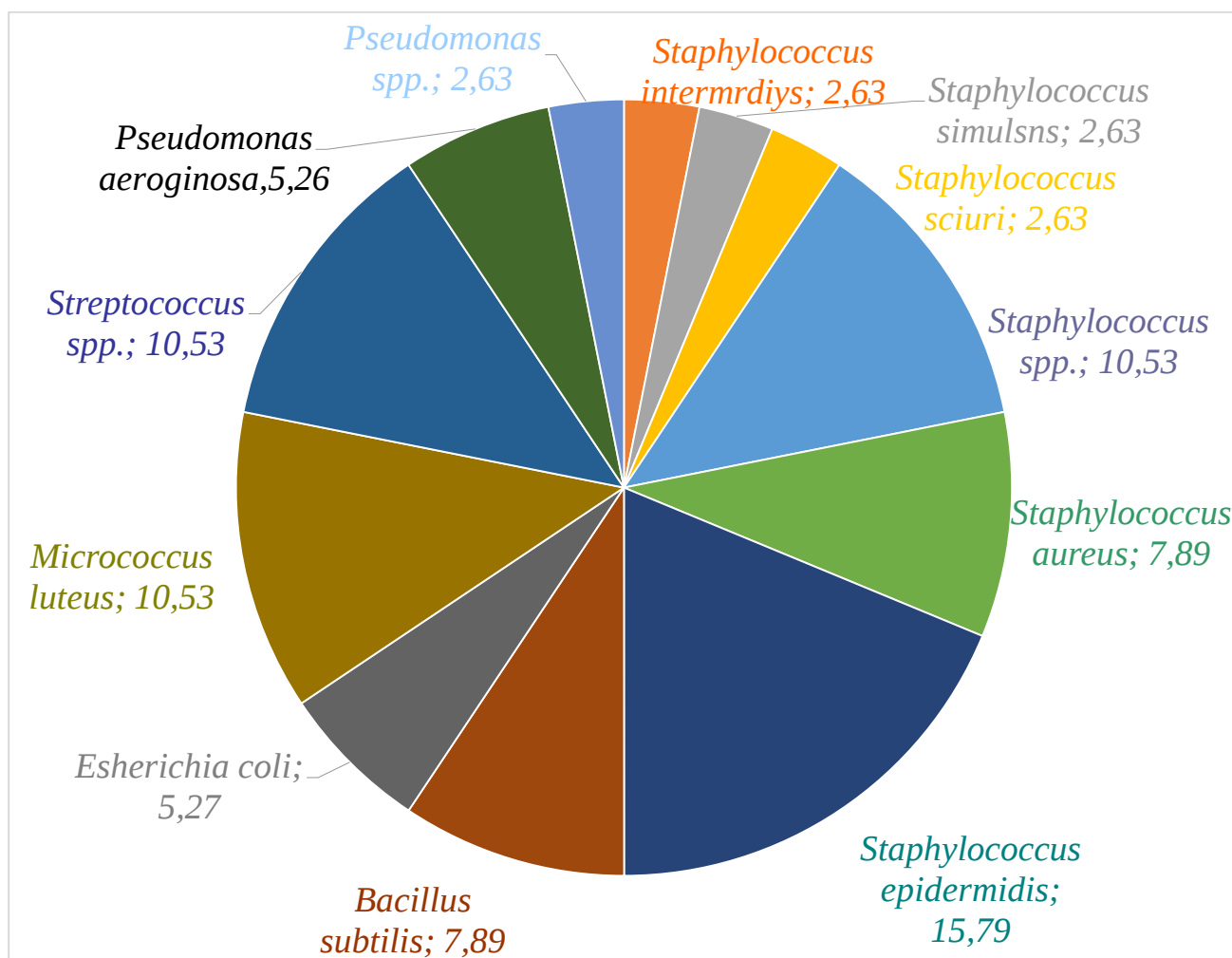


Рис. 3.26. Результати виділення ізолятів за розвитку гнійних ран у оленів, %

Мікробіологічними дослідженнями встановлено, що за дослідження гнійного матеріалу з гнійних ран найчастіше виділяються патогени: *Micrococcus luteus* 15,79 %, *Streptococcus spp.* по 15,79 %, *Staphylococcus epidermidis* 15,79 %, *Staphylococcus spp.* 10,53 %, *Staphylococcus aureus* – 7,89 %, *Bacillus subtilis* 7,89 %, *Proteus spp.* 7,89 % дещо менше відсоток виділення мають: *Escherichia coli* –

5,27 %, *Enterococcus faecalis* та *Pseudomonas aeruginosa* по 5,26 %. Найменший відсоток припадає на ізоляти: *Staphylococcus simulans*, *Staphylococcus intermedius*, *Staphylococcus sciuri* та *Pseudomonas spp.* по 2,63 %. Зауважимо, що умовно-патогенні ізоляти коагулазонегативні *Staphylococcus sciuri* виявилися негемолітичними і видова ідентифікація їх підтверджена за допомогою стандартизованої системи API STAPH (ID 88,40%). Ізоляти при цьому мають негативні результати за проведення тесту на активність коагулази і гіалуронідази (активність факторів вірулентності досліджували за допомогою пробіркового тесту з плазмою кроля).

За дослідження гнійного вмісту з абсцесу від оленів, найбільше виділено *Staphylococcus epidermidis* 33,33 %, *Staphylococcus spp.* 16,67, *Micrococcus luteus* – 16,67, *Streptococcus spp.* 16,67 % (рис. 3.27).

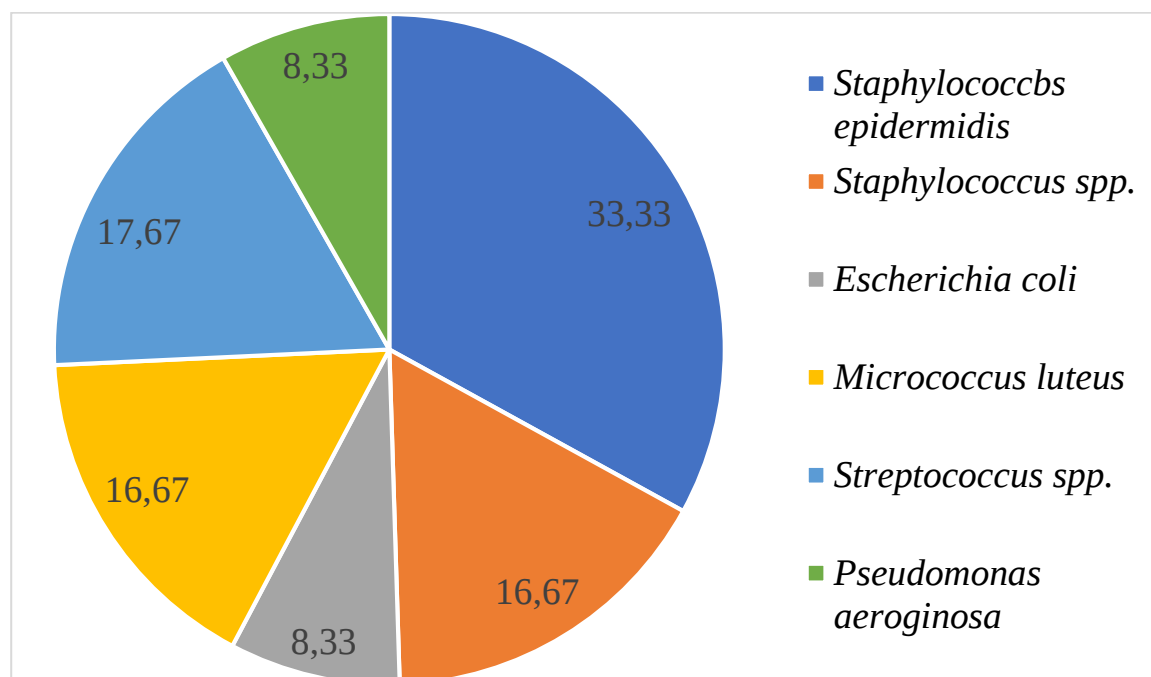


Рис. 3.27. Результати виділені ізоляти за розвитку абсцесів у оленів, %

У найменшій кількості виділено такі бактерії: *Escherichia coli* – та *Pseudomonas aeruginosa* по 8, 33 %.

Отже, за розвитку інфекційної патології (рис. 3.28) у оленів, найбільше виділено *Staphylococcus epidermidis* 33,33 %, *Staphylococcus spp.* 16,67, *Micrococcus luteus* – 16,67, *Streptococcus spp.* 16,67 %.



Рис. 3.28. Інфекційні патології у оленів

Таким чином, спільними мікроорганізмами, які виділялися від великої рогатої худоби та оленів є: *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Micrococcus luteus*, *Enterococcus faecalis*, *Staph. epidermidis*, *Proteus spp.*, *Staphylococcus intermedius*.

3.2 Дослідження біологічних властивостей клінічних ізолятів бактерій

Проголосивши безальтернативний курс на Євроінтеграцію в Україні важливим питанням залишається її адаптація політики та лабораторної діагностики до країн Євросоюзу. Пріоритетними питаннями є концепція “Єдиного здоров'я”. У зв'язку з цим є проведення моніторингу досліджень тварин, продуктів харчування, сировини, продукції тваринництва на наявність бактерій, в т. ч. зоонозних. Нажаль, тварин-компаньйонів досліджують лише за ускладнених випадках лікування, що є недоліком у ветеринарній лабораторній практиці.

3.2.1 Дослідження біологічних властивостей ізолятів *Escherichia coli*

За період дослідження від тварин різних видів досліджено ізоляти бактерій, серед яких найбільша кількість припадає на *Staphylococcus spp.* (63 ізоляти *Staphylococcus aureus* від великої рогатої худоби, 3 від оленів, 23 – від котів), *Escherichia coli* (11 ізоляти від великої рогатої худоби, 3 від оленів, 64 – від котів та 53 від собак) і *Streptococcus spp.* (4 ізоляти від великої рогатої худоби, 6 від оленів, 44 – від котів та 101 від собак) (рис. 3.29).

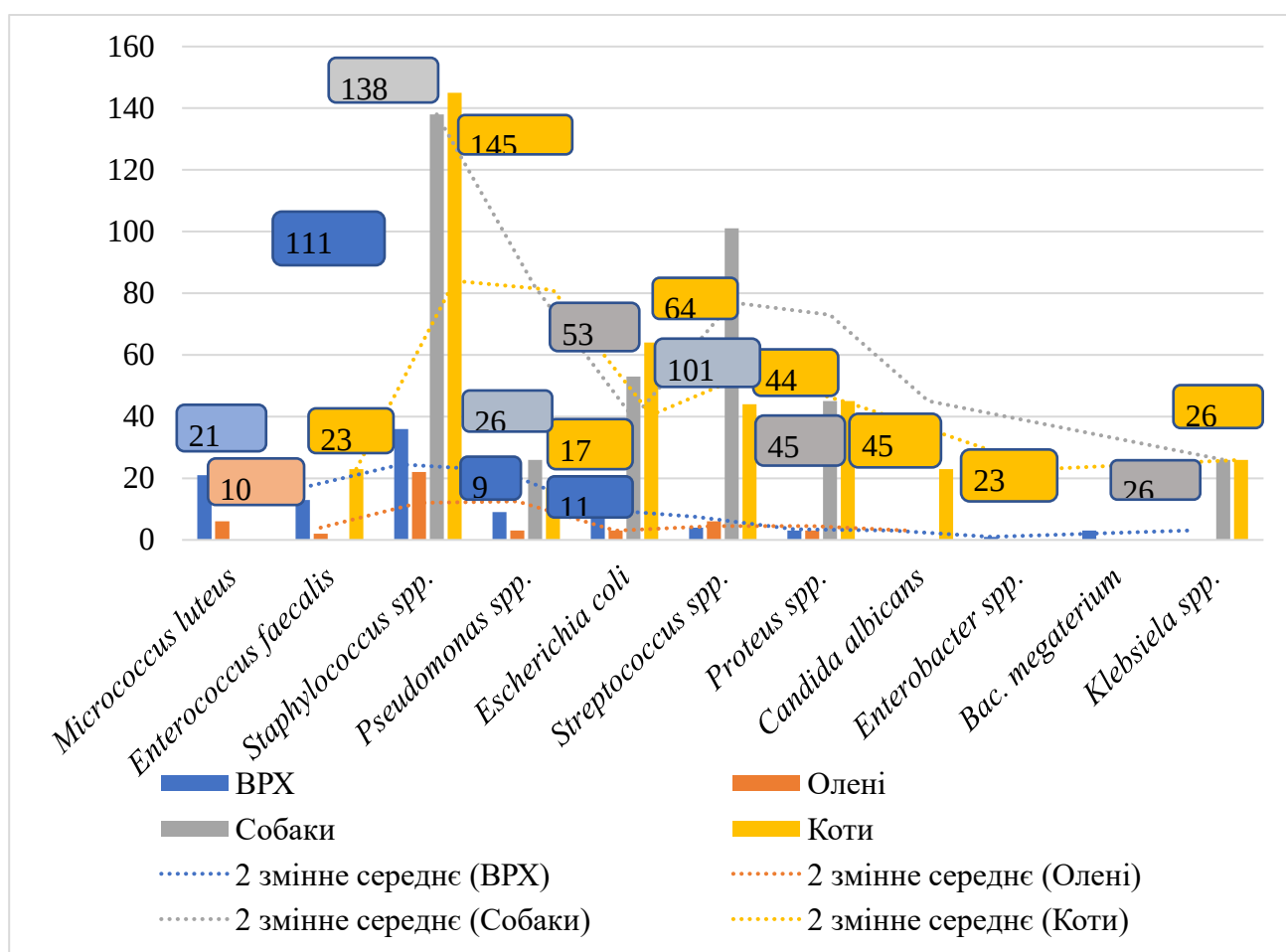


Рис. 3.29. Результати виділених клінічних ізолятів від тварин

Результати досліджень свідчать, що кількість виділених ізолятів від великої рогатої худоби (114), оленів (50), собак (440), котів (381) свідчить про поширення *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*.

Ідентифіковано 131 ізоляти *Escherichia coli* від різних видів тварин, які в загальному виявилися ідентичними. Позитивні реакції виявлено на β -галактозидазу, лізіндекарбіоксилазу, орнітіндекарбоксилазу, продукцію індолу, окислення глюкози, D-маніту, D-сорбіту, L-рамнози, D-мелібіози та L-арабінози. Негативні результати виявили у ізолятів *Escherichia coli* на аргиніндігідролазу, утилізаціюцитратів, продукцію сірководню, уреазу, тріптофандеаміназу, желатіназу, ферментацію інозиту, D-сахарози, амігдаліну. Реакція Фогеса-Праускера була негативною у ізолятів *Escherichia coli*, виділених від тварин. Видову належність ізолятів підтверджено за культуральними особливостями росту на спеціальних щільних середовищах: Рамбак, Ендо, Сімонса, трицукровому агарі (ТЦА), XLD. За підтвердження ідентифікації збудника, шляхом посіву на поживне середовища Ендо виявили колонії червоного кольору з металевим блиском (рис. 3.30), із забарвленням у червоний колір середовища.

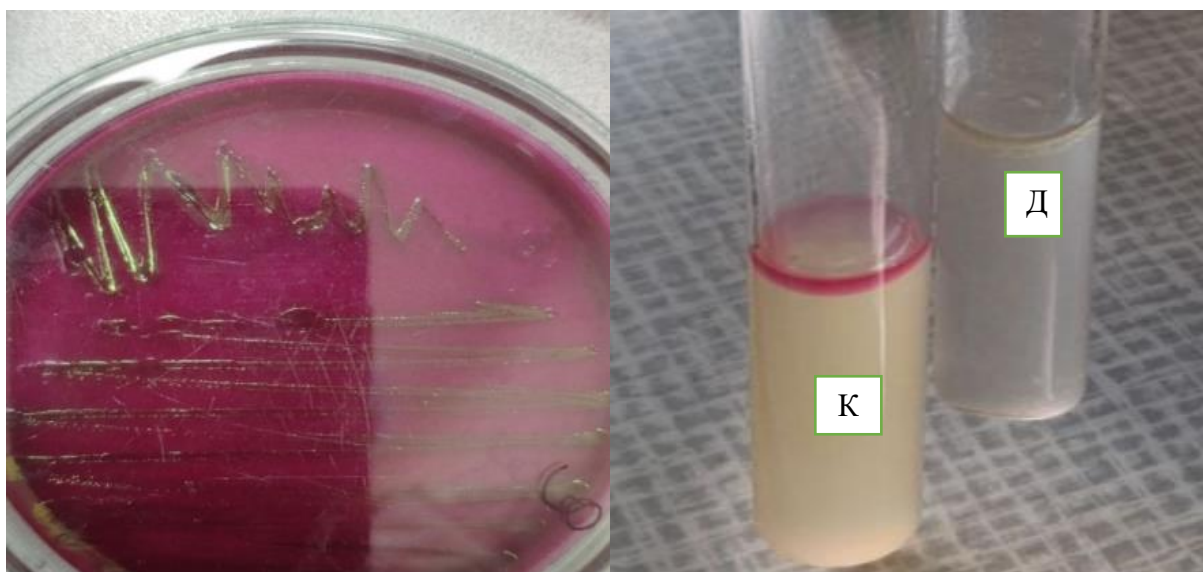


Рис. 3.30. Ріст ізоляту *Escherichia coli* із вираженим металевим блиском на середовищі Ендо та результати реакції Фогеса-Проскауера.

Примітка: К – контроль, Д – дослід

На середовищі Сімонса ріст був відсутнім, без зміни кольору, що є характерною ознакою для цих мікроорганізмів. На середовищі Рамбак виявили

колонії зеленого кольору, а на XLD-жовтого, але навколо них спостерігалася зона опалесценції.

Ріст на поживному середовищі ТЦА виявили із зміною кольору скошеної частини середовища із червоного на жовтий, через ферментацію *Escherichia coli* цукрів та утворенням кислоти. Зазначимо, що за вивчення біохімічних властивостей у ізолятів виявлено зброджування маніту, лактози, мальтози (сповільнене зброджування маніту 1,52 %, мальтози 1,30 %), глюкози, сахарози, рамнози, арабінози з утворенням кислоти та газу, дульцит, інозити, адоніт ізоляти не зброджували, не утилізують малонат, але утилізують ацетат. Зауважимо, що ці два ізоляти були виділені від собаки та кота.

За визначення у виділених ізолятів *Escherichia coli* морфологічних властивостей виявили прямі палички з округлими кінцями, які зафарбовувалися, за методом Грама, негативно, не утворювали спор, але утворювали мікрокапсулу та капсулу у 6-х ізолятів від котів (0,60 % від загальної кількості виділених мікроорганізмів та 9,40 % від *Escherichia coli*).

Клітини були рухливими, за дослідження препаратів методом “роздавлена крапля”.

3.2.2 Культивування *Escherichia coli* на середовищі ГМПА та КГМПА

Незважаючи на наявність великої кількості поживних середовищ на світовому ринку, в Україні найбільш поширеним у практичному використанні бактеріологічних лабораторій залишається універсальне поживне середовище МПА.

У зв'язку із виявленням різниці росту КУО між контрольним штамом і клінічним ізолятом, за вивчення результатів первинного посіву суспензії клінічного матеріалу на МПА та кров'яному МПА (можливо внаслідок антибактеріального лікування тварин, від яких відбирали проби), використали розроблені поживні середовища: грибний м'ясо-пептонний агар (ГМПА) та кров'яний МПА, грибний м'ясо-пептонний агар (КГМПА).

В основу середовища ГМПА для культивування клінічних ізолятів *E. coli* використано еукаріотичні безхлорофільні організми – *Boletus edulis* (*Hemileccinum impositum*). Кров'яний ГМПА готували шляхом додавання 7,0 % крові барана до середовища ГМПА. Грибний м'ясо-пептонний агар готували наступним чином: до 0,5 л м'ясо-пептонного бульйону (МПБ) додавали 9 г агар-агару та 25,0 г сухих *Boletus edulis*; рідину нагрівали до розчинення агару та встановлювали слабо лужну реакцію середовища 20,0 % розчином карбонату натрію; закривали ватно-марлевою пробкою та водонепроникливою плівкою колбу і стерилізували в автоклаві за температури 120 °С протягом 20 хв; фільтрували гаряче (не менше 45 °С) середовище ГМПА через стерильні марлевий фільтр (складений у 4 шари) у стерильні бактеріологічні чашки.

На поверхню щільних середовищ наносили однакову кількість (0,1 см³) суспензії культури *Escherichia coli*, яку отримували шляхом приготування 0,5 за Мак-Фарландом (1,0x10⁸/см³), із наступними її серійними розведеннями до 1,0x10⁻⁴/см³ 0,85%-ним розчином натрію хлориду та наступним підрахунком колоніє-утворювальних одиниць (КУО).

Ступінь накопичення клітин *Escherichia coli* на поживних середовищах вивчали шляхом підрахунку кількості КУО в 1,0 см³ після культивування у термостаті протягом 17, 20, 24 год.

Результати досліджень щодо вивчення росту контрольної культури *Escherichia coli* ATCC 25922 та двох клінічних ізолятів *Escherichia coli* представлено у таблиці 3.4.

Результати досліджень свідчать про те, що на поживному середовищі ГМПА кількість КУО протягом 20 та 24 год була вірогідно більшою ($p < 0,05$), ніж на МПА.

Зауважимо, що використання середовища ГМПА дозволяє виділити *Escherichia coli* більше КУО (від 0,2 до 1,1 КУО, відповідно до групи дослідження), ніж МПА вже через 17 годин культивування у термостаті за температури 37 °С.

**Результати досліджень застосування поживних середовищ для
культивування *Escherichia coli***

Час культивування посівів	Поживні середовища, n=60					
	МПА, n=30			ГМПА, n=30		
	Група тварин:					
	група 1, контрольна, n=10	група 2, дослідна, n=10	група 3, дослідна, n=10	група 1, контрольна n=10	група 2, дослідна, n=10	група 3, дослідна n=10
протягом 17 год, x10 ⁴ , КУО	8,2±0,84	7,4±0,47	7,2±0,80	8,0±0,42	8,4±0,47	7,8±0,67
протягом 20 год, x10 ⁵ , КУО	8,6±0,58	7,5±0,56	7,3±0,42	8,7±0,53	9,7±0,79	8,1±0,48
протягом 24 год, x10 ⁸ , КУО	6,3±0,66	5,7±0,44	5,4±0,47	6,6±0,49	7,3±0,66* *	5,7±0,44

Примітка: група 2 – капсульний ізолят № 5, виділений від kota; група 3 – ізолят № 25, виділений від собаки; *– $p < 0,05$, відповідно контрольної групи.

Оскільки патогенні мікроорганізми, особливо вимогливі, для культивування і потребують різні фактори росту нами розроблено поживне середовище кров'яний ГМПА. Кров'яний ГМПА готували наступним чином: за призначеною рецептурою виробника готували МПА, додаючи 25,0 г сухих *Boletus edulis* з розрахунку на 0,5 л середовища; рідину нагрівали до розчинення агару та встановлювали слабо лужну реакцію середовища 20,0 % розчином карбонату натрію; закривали ватно-марлевою пробкою та водо-непроникливою плівкою колбу і стерилізували в автоклаві за температури 120 °C протягом 20 хв; фільтрували гаряче (не менше 45 °C) середовище ГМПА через стерильний марлевий фільтр (складений у 4 шари) у стерильну колбу. Потім додавали 7,0 % крові барана і розливали у стерильні бактеріологічні чашки перевіряли середовище на стерильність та виконували посіви контрольної *E. coli* ATCC 25922 та двох клінічних ізолятів.

Результати досліджень вивчення росту КУО на поживних середовищах представлені на рис. 3.31.

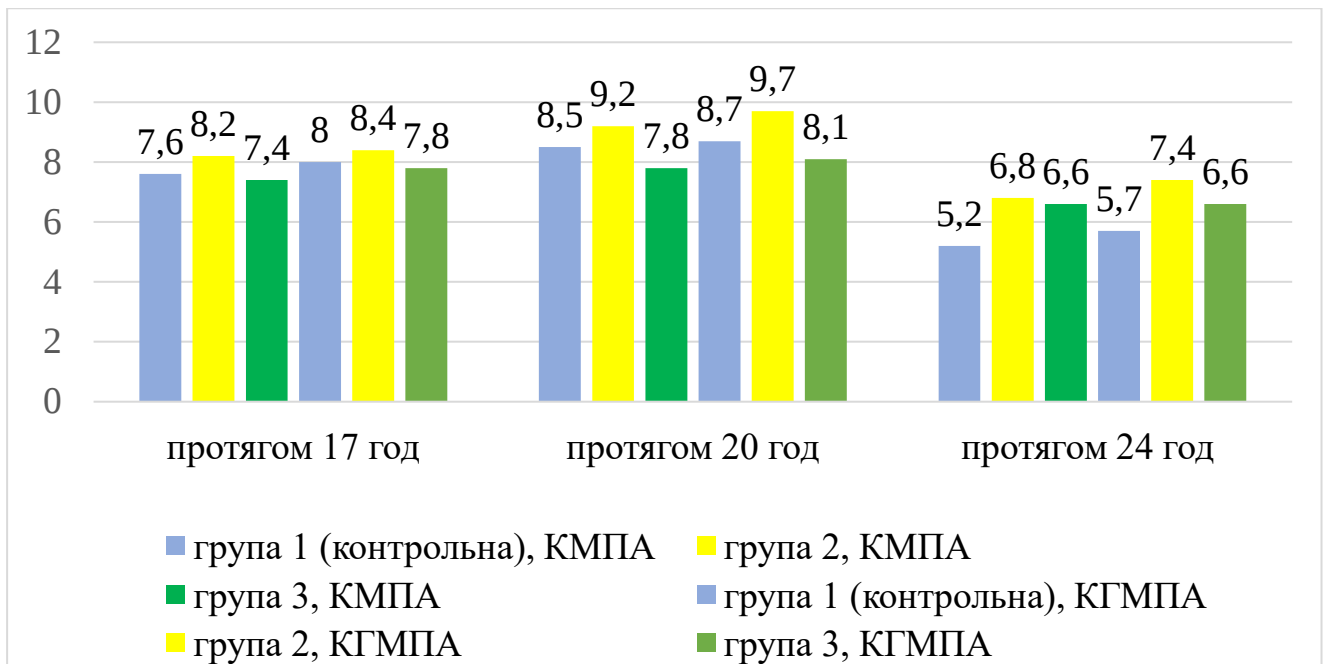


Рис. 3.31. Результати досліджень поживного середовища кров'яний ГМПА.

Примітка: група 2 – капсульний ізолят № 5, виділений від кота; група 3 – ізолят № 25, виділений від собаки; * – $p < 0,05$, відповідно контрольної групи



Рис. 3.32. Результати досліджень поживного середовища ГМПА та МПА.

Спосіб застосування цих поживних середовищ є ефективним та економним щодо часу випробування для культивування *Escherichia coli*, а його результати дають кількісні показники за вмістом бактеріальних клітин за дослідження клінічних ізолятів.

Також, за використання поживних середовищ рамбак, сімонса, ундо, ТЦА, XLD виявлено характерний ріст бактерій, а нехарактерні ознаки *Escherichia coli* (відсутність ними збродження глюкози, лактози, рамнози, мальтози, арабінози та ксилоли), підтвердило доцільність використання API-тесту у клінічній діагностиці. Зауважимо, що ізоляти виділені від тварин не зброджують дульцит, але у них виявили утворення індолу.

3.2.3 Дослідження біологічних властивостей ізолятів *Staphylococcus spp.*

За дослідження гнійного ексудату виявлено та ідентифіковано 413 ізолятів збудників стафілококових інфекцій. Наявність *Staphylococcus aureus* підтверджено шляхом вивчення морфологічних, культуральних та ферментативних властивостей.

Встановлено, за вивчення біохімічних властивостей, що виділені від тварин ізоляти розщеплювали амінокислоту L-аргінін (з утворенням аміаку та цитрулініну), виділяючи фермент аргінідразу. Окрім того встановлено, що виділені *Staphylococcus aureus* зброджували моносахариди: D-глюкозу, D-фруктозу, дисахариди: D-мальтозу, D-лактозу і D-трефалозу та цукровий спирт – D-маніт (на відміну від ізолятів *Staphylococcus epidermidis*). Зауважимо, що один ізолят (1,89 %), виділений із гнійної рани kota, не синтезував аденозин за додавання кількох крапель 1,0 % розчину фенолфталеїну до супернатанту, після центрифугування одно–добової культури, вирощеної в МПБ, який залежить від ферменту аденозинсинтази. Внаслідок цього, ймовірно, відбувалося блокування роботи імунної системи у тварини та призвело до її тривалого лікування.

Проте встановлено, що дослідні ізоляти бактерій роду *Staphylococcus* володіють здатністю синтезувати ацетилметилкарбінол у результаті глюкозного бродіння, що є продуктом метаболізму. Встановлена здатність у ізолятів відновлювати нітрати до нітритів, дезамінувати фенілаланін до фенілацетату та амінокислоти, розщеплювати цукор сахарозу, гідролізувати N-ацетилглюкозамін та гідролізувати триптофан.

За вивчення культуральних властивостей виявили характерні для *Staphylococcus aureus* округлі, непрозорі, з рівними краями, випуклі пігментовані у жовтуватий, жовтий і білий кольори малих і середніх розмірів колонії на молочно-сольовому середовищі.

На середовищі Байд-паркера – специфічний ріст у вигляді характерних чорних колоній із металевим блиском із чіткою зоною опалесценції навколо них, що є характерною ознакою для *Staphylococcus aureus*.

На жовтково-сольовому агарі дослідні ізоляти росли у вигляді колоній середніх розмірів світлого кольору з утворенням навколо колоній зони помутніння з райдужним вінчиком, це засвідчує продукцію лецитинази і є характерною властивістю *Staphylococcus aureus*.

Слід зауважити, що на поживному середовищі MacConkey 30,0 % ізолятів стафілококів проявляли пригнічений ріст.

Із окремих характерних колоній виготовляли препарати-мазки для проведення перевірки на чистоту ізолятів *Staphylococcus aureus*. На препаратах-мазках, зафарбованих за методом Грама, виявили однорідні грампозитивні коки, розташовані попарно, окремо, пакетами і гронами, що підтверджує чистоту дослідних ізолятів. Проведення тесту на плазмокогуляцію, реакція почала проявлятися у різних ізолятів від 2 год 30 хв – до 6 год після постановки, виявили повне згортання плазми крові кроля з використанням всіх дослідних ізолятів.

За дослідження біохімічних властивостей виявлено цукролітичні ферменти, що зброджували лактозу, глюкозу, мальтозу, маніт.

За результатами тестів на каталазу і оксидазу виявлено в усіх ізолятів продукцію каталази та відсутність оксидази.

За вивчення гемолітичних властивостей у виділених ізолятів стафілококів виявлено повний гемоліз еритроцитів барана (β -гемоліз), що проявлялося утворенням прозорої зони навколо колоній.

Результати ідентифікації *Staphylococcus haemolyticus* за використання API тесту (ID 32 STAPH) наведено на рис. 3.32.



Рис. 3.32. Результати ідентифікації ізоляту *Staphylococcus haemolyticus*, після культивування на поживному середовищі МПА з додаванням 7,0 % крові

За дослідження 96 ізолятів бактерій роду *Proteus* (9,61 % від всього виділених від тварин ізолятів) біохімічні властиві підтвердилися використанням API-тесту (Арі-20Е) та підтвердженням, морфологічних, культуральних властивостей. На поживному середовищі ендоскопічно відмічали безколірні, сіруваті з рожевим відтінком повзучі колонії. На агарі плоскіреба виявлений ріст прозорих колоній із перламутровим відтінком, у зоні росту яких з'являвся жовтий відтінок через залуження середовища. Посіви на вісмут-сульфідний-агарі характеризуються ростом колоній темного кольору.

Через добу культивування за температури 37 °С на 0,30 % середовищі НРА виявлено рухливість внаслідок утворення дифузного росту дослідних ізолятів бактерій роду *Proteus*. За постановки тесту, з використанням фенілаланін-агару, після культивування і нанесення двох крапель 10,0 % хлориду заліза на ростову поверхню дослідних ізолятів (100 %), виявили утворення зеленого забарвлення, що свідчить про належність культур до роду *Proteus*.

Тестом, за використання середовища клігlera встановлено, що 100 % ізолятів ферментують глюкозу (виявили зміну кольору стовпчика агару) та утворення сірководню (почорніння у стовпчику агару по уколу у 100 % дослідних ізолятів). Всі виділені культури володіють властивістю розплавляти 12,0 %

желатину протягом доби культивування, шляхом посіву ізолятів у стовпчик МПЖ із наступною витримкою посівів протягом 2 годин а температури 2 – 6°C.

Результатами дослідження ферментативних властивостей на середовищі гісса з лактозою, глюкозою, сахарозою, манітом, мальтозою і арабінозою, у дослідних ізолятів виявлено відсутність ферментації лактози, маніту та арабінози. За ферментацією мальтози доведена належність мікроорганізмів до виду *Proteus vulgaris*, роду *Proteus*.

Під час мікроскопії виявлено паличкоподібну форму клітин, які розміщені у вигляді ланцюжка, із грамнегативним забарвленням.

За результатами досліджень виявлення патогенних збудників роду *Streptococcus spp.* (*Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus agalactiae*) від тварин виділено та ідентифіковано 155 ізолятів.

Виявили у *Streptococcus spp.* позитивні реакції фогеса-проскауера, гідроліз гіпурату, ексуліну, піролідоніла аріламиду, аргінін дегідролази, бета-галактозидази, лейцин-аміно-пептидази, глюкози, маніту, сорбіту, лактози.

У досліджуваних ізолятів виявлено характерний ріст колоній для патогенних *Streptococcus spp.*, що підтверджено культуральними властивостями на кров'яному агарі: дрібні напівпрозорі, сіруватого кольору, гладенькі з рівними краями (S-форми колоній), із β -зонами гемолізу (повний гемоліз).

Окрім того, на сироватковому агарі ізоляти *Streptococcus spp.* (*Streptococcus pyogenes* 1,60 %, від загальної кількості ізолятів) росли у вигляді дрібних, сіруватого кольору з блиском, гладеньких колоній із рівними краями.

На середовищі мозково-серцевому бульйоні *Streptococcus pyogenes* росли із утворенням легкої каламутності, утворенням дрібного осаду.

Під час мікроскопії спостерігали круглі клітини, розташовані ланцюжками, подекуди попарно, грампозитивні, із утворенням капсули, але спор та рухливості клітин не виявляли. Виявлено у бактерій *Streptococcus spp.* негативний тест на каталазу, утворення β -зони гемолізу, ферментування вуглеводів, гіалуронідази.

3.2.4 Дослідження ферментативних властивостей ізолятів бактерій

Результати дослідження ферментативних властивостей ізолятів наведено у табл. 3.5.

За аналізом результатів дослідження виявили ознаки росту на м'ясо-пептонному агарі у вигляді великих колоній із синтезом синьо-зеленого пігменту, що є характерною ознакою для даного ізоляту.

На середовищі псевдомонас-агарі ізоляти утворювали великі колонії коричневого забарвлення. Під час мікроскопії виявили грам негативні рухливі палички, прямі з заокругленими кінцями, які розташовувалися парами, подекуди короткими ланцюжками, із утворенням капсули, спор не утворювали.

Таблиця 3.5

Ферментативні властивості поширених ізолятів, виділених із біологічного матеріалу від тварин

Показники	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Значення
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Каталаза	+/ +	+/ +	+/ +	+/ +	+/ +	+/ +	+/ +	– /–	+/ +	– /–	Розщеплює перикис водню до води та кисню
Оксидаза	– /–	– /–	– /–	–/–	–/–	+/ +	+/ +	– /–	– /–	– /–	Результат окислення відрізняється від ентеробактерій
Уреаза	+/ +	+/ +	– /–	+/ +	–/–	–/–	–/–	– /±	– /–	– /–	Не розщеплює сечовину
Індол	+/ +	– /–	+/ +	–/–	–/–	–/–	+/ +	– /–	– /–	– /–	Не утворює індол, не розщеплює триптофон
Фогеса– Проскауера	+/ +	– /–	– /–	–/–	–/–	–/–	–/–	+/ +	+/ +	– /–	Не утворює ацетоїн

Продовження таблиці 3.5

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Гідроліз ескуліна	+/ +	– /–	– /–	+/ +	–/–	–/–	–/–	+/ +	+/ +	– /–	Не розщеплює ескулін
Редукція нітратів	+/ +	– /–	+/ +	+/ +	–/–	–/–	+/ +	– /–	– /–	– /–	Відновлює нітрати до нітритів
Утворення вуглицевого газу	– /–	– /–	– /–	+/ +	–/–	–/–	–/–	– /–	– /–	– /–	Не утворює сірководень
Гідроліз желатину	+/ +	– /–	– /–	+/ +	–/–	–/–	+/ +	– /–	– /–	– /–	Розщеплює желатин
Ферментація глюкози	+/ +	+/ +	+/ ±	+/ +	+/ +	–/–	–/–	+/ +	+/ +	+/ +	Окислює глюкозу, але не ферментує її
Ферментація лактози	– /±	– /–	+/ ±	–/–	–/–	–/–	–/–	– /–	– /–	– /–	Не ферментує лактозу
Ферментація арабінози	– /–	+/ ±	+/ +	–/–	–/–	+/ +	–/–	– /–	+/ +	– /–	Ферментіція арабінози
Ферментація ксолози	– /–	+/ ±	+/ +	–/±	–/–	–/–	–/–	– /–	+/ +	– /–	Ферментіція ксолози
Ферментація сахарози	+/ +	– /–	– /–	–/–	–/–	–/–	–/–	– /–	+/ +	+/ +	Не ферментує сахарозу
Ферментація маніту	+/ ±	– /–	+/ +	+/ +	+/ +	–/–	–/–	+/ +	+/ +	– /–	Не ферментує маніт
Цитратно-окислювальна активність	– /–	– /–	– /–	+/ +	–/–	+/ +	+/ +	– /–	– /–	– /–	Використовує цитрат як джерело вуглецю
Проявлення лецитовієлазної активності	+/ ±	+/ ±	+/ ±	+/ +	+/ +	–/–	+/ +	+/ +	+/ ±	+/ +	Проявлення лецитинази
Гемолітичні властивості	+/ ±	+/ ±	+/ ±	+/ ±	–/–	–/–	+/ +	+/ +	+/ ±	+/ +	Гемоліз еритроцитів крові

Примітка. "+" – позитивна реакція, "–" негативна реакція, 1 – *Staphylococcus aureus*, 2 – *Staphylococcus haemolyticus*, 3 – *E. coli*, 4 – *Proteus mirabilis*, 5 – *Staphylococcus epidermidis*, 6 – *Micrococcus luteus*, 7 – *Pseudomonas aeruginosa*, 8 – *Streptococcus canis*, 9 – *Enterococcus faecalis*, 10 – *Streptococcus pyogenes*.

Таким чином за дослідження ізолятів (n=985) від тварин ідентифіковано: 131 ізолятів *Escherichia coli* (1 один ізолят із яких мав негативну реакцію на синтез аденозину, сповільнене зброджування мальтози у 1,30 % ізолятів, утворювали мікро-капсулу та капсулу 6-х ізолятів від котів, що становить – 0,60 %. Ідентифіковано 413 ізолятів збудників стафілококових інфекцій: *Staphylococcus aureus* 1,89 % (виділенні із гнійної рани, не синтезував аденозин), *Staphylococcus epidermidis* 16,42 %; 96 ізолятів бактерій роду *Proteus*; 155 ізолятів *Streptococcus spp.*; 26 ізолятів *Pseudomonas spp.*

Розроблені нами поживні середовища ГМПА та кров'яний ГМПА для культивування *Escherichia coli* можна використовувати за проведення бактеріологічних досліджень, із метою отримання швидших та достовірних результатів, за визначення наявності мікроорганізмів у досліджуваних пробах, збільшення безпечності та якості досліджуваних продуктів харчування тваринного та рослинного походження, дослідженні забруднення об'єктів навколишнього середовища, вивчення культуральних властивостей мікроорганізмів.

3.3 Дослідження чутливості до антибіотиків у виділених ізолятів бактерій

Визначення чутливості до антибактеріальних препаратів проводили з метою визначення ефективності антибіотиків проти досліджуваних мікроорганізмів. Отримані результати досліджень дозволили лікарям ветеринарної медицини в клініках та господарствах підібрати найбільш ефективний антибактеріальний препарат для лікування інфекції.

За визначення чутливості мікроорганізмів до антибіотиків у виділених від собак ізолятів бактерій встановлено наявність резистентності у *Staphylococcus aureus* (рис. 3.33).

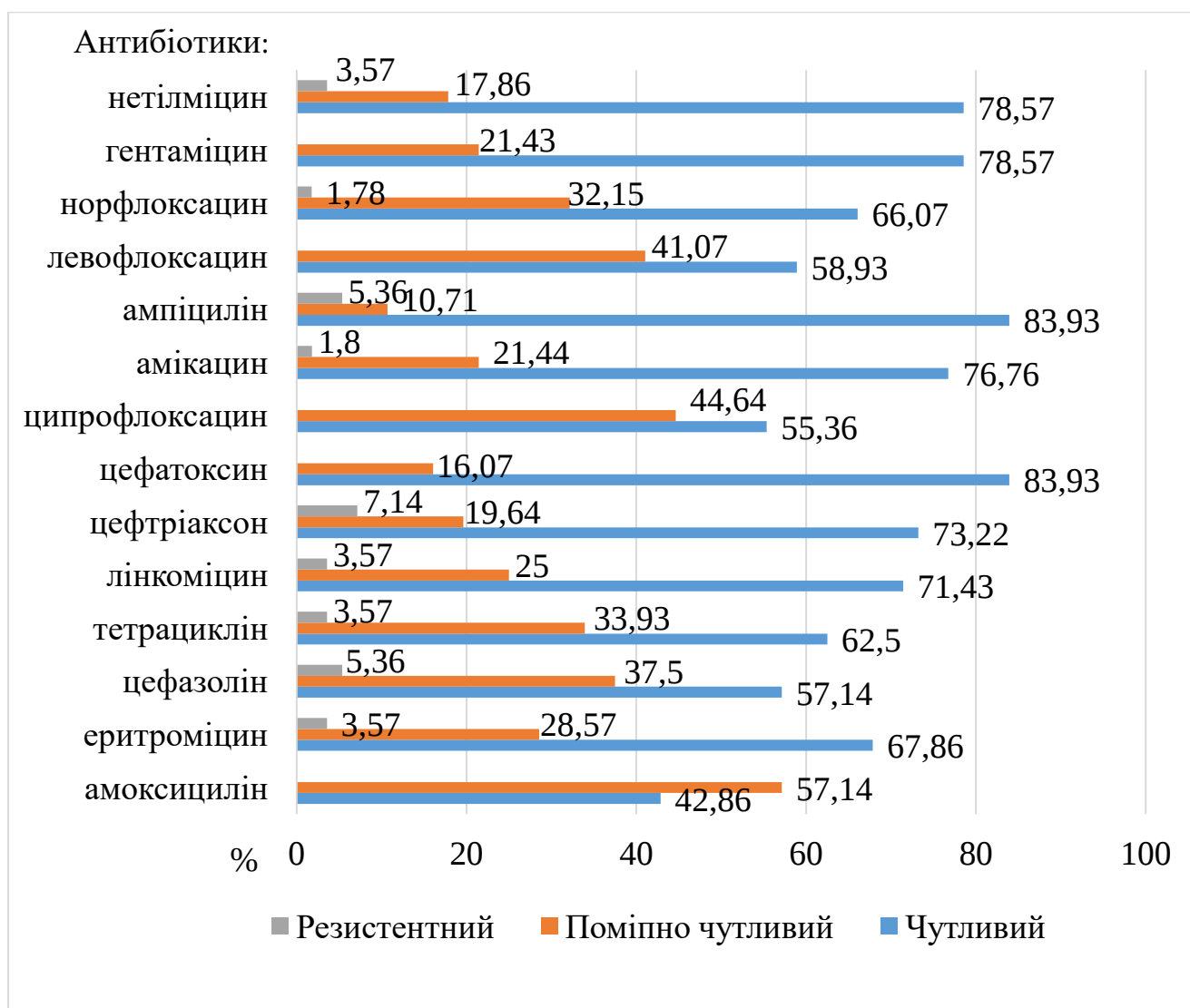


Рис. 3.33. Чутливість *Staphylococcus aureus* до антибіотиків
виділених від собак, %

За результатами досліджень чутливості *Staphylococcus aureus* (n=56) до антибіотиків виявлено резистентність у ізолятів (n=20) до: еритроміцину (15 мкг) 3,57 %, що становить в середньому $12,0 \pm 0,15$ мм; цефазоліну (30 мкг) 5,36 % – $11,0 \pm 0,75$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 7,14 % – $10,0 \pm 0,77$ мм; амікацину (30 мкг) 1,80 % – $11,0 \pm 0,99$ мм; ампіциліну (2 мкг), 5,36 % – $11,0 \pm 0,44$ мм; норфлуксацину (10 мкг) 1,78 % – $11,0 \pm 0,23$ мм; нетілміцину (10 мкг) 3,57 % – $11,0 \pm 0,37$ мм; лінкоміцину (10 мкг) 3,57 % – $12,0 \pm 0,28$ мм (рис. 3.34).



Рис. 3.34. Порівняння чутливості у ізолятів *Staphylococcus aureus* № 99 і № 58 виділених від собак

Найвищу резистентність встановлено у ізолятів до еритроміцину, лінкоміцину, що вірогідно вищим ($p < 0,001$) було, у порівнянні із отриманими показниками резистентності до тетрацикліну, цефтріаксону. Чутливими виділені нами ізоляти були до: амоксициліну (2 мкг), 42,86 % – $31,0 \pm 0,56$ мм; еритроміцину (15 мкг) 67,86 % – $31,0 \pm 0,45$ мм; цефазоліну (30 мкг) 57,14 % – $32,0 \pm 0,42$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 62,50 % – $31,0 \pm 0,51$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 71,43 % – $32,0 \pm 0,56$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 73,22 % – $35,0 \pm 0,54$ мм; цефатоксину (30 мкг) 83,93 % – $32,0 \pm 0,73$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 55,36 % – $32,0 \pm 0,46$ мм; амікацину (30 мкг) 76,76 % – $30,0 \pm 0,81$ мм; ампіциліну (2 мкг) 83,93 % – $32,0 \pm 0,65$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 58,93 % – $33,0 \pm 0,52$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 66,07 % – $30,0 \pm 0,77$ мм; гентаміцину (10 мкг) 78,57 % – $30,0 \pm 0,57$ мм; нетілміцину (10 мкг) 78,57 % – $30 \pm 0,45$ мм.

Нами виявлено резистентність у ізолятів *Staphylococcus aureus* до антибіотиків, зокрема найбільш резистентними виявилися ізоляти до цефтріаксону (7,14 %), цефазоліну (5,36 %) та ампіциліну (5,36 %).

Окрім *Staphylococcus aureus* визначали чутливість до антибіотиків у ізолятів *Escherichia coli*. Результати наших досліджень свідчать про резистентність

Escherichia coli (n=58) до антибактеріальних препаратів (рис. 3.35) таких як: амоксициліну (25 мкг) – 6,90 %, що становить в середньому $11,0 \pm 0,56$ мм; еритроміцину (15 мкг) 3,45 % – $11,0 \pm 0,33$ мм; цефазоліну (30 мкг) 1,72 % – $11,0 \pm 0,33$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 8,62 % – $10,0 \pm 0,29$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 10,34 % – $11,0 \pm 0,55$ мм; цефотаксину (5 мкг) 6,89 % – $8,0 \pm 0,13$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 10,34 % – $9,0 \pm 0,55$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 5,18 % – $11,0 \pm 0,22$ мм; амікацину (30 мкг) 10,34 % – $12,0 \pm 0,96$ мм; ампіциліну (10 мкг), 8,62 % – $10,0 \pm 0,37$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 8,62 % – $8,0 \pm 0,31$ мм; нетілміцину (10 мкг) 6,90 % – $11 \pm 0,21$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 5,17 % – $11,0 \pm 0,19$ мм; гентаміцину (10 мкг) 6,90 % – $9,0 \pm 0,34$ мм.

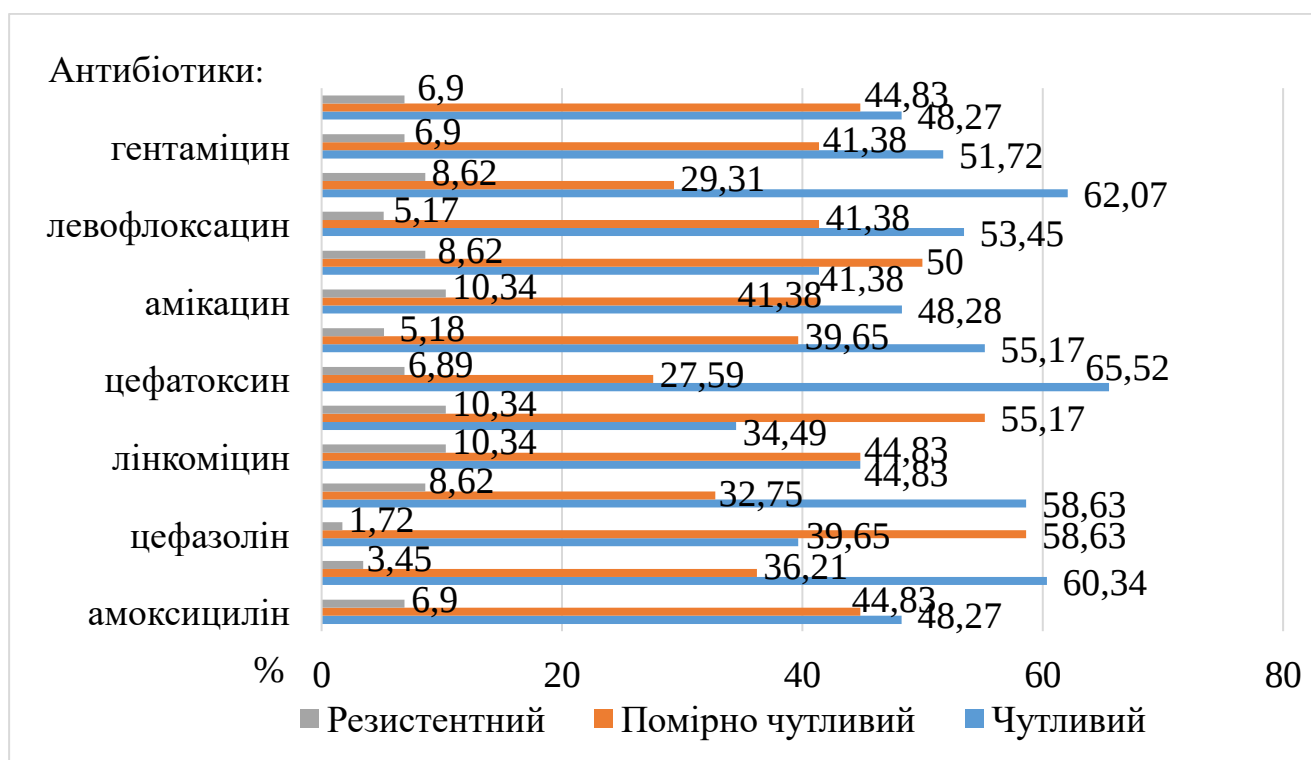


Рис. 3.35. Чутливість ізолятів *Escherichia coli* до антибіотиків, виділених від собак, %

Виділені ізоляти *Escherichia coli* були чутливими (рис. 3.36) до: амоксициліну (25 мкг) 48,27 % – $30,0 \pm 0,41$ мм; еритроміцину (15 мкг) 60,34 % – $33,0 \pm 0,67$ мм; цефазоліну (30 мкг) 39,65 % – $33,0 \pm 0,59$ мм; тетрацикліну (30 мкг)

58,63 % – $30,0 \pm 0,48$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 44,83 % – $32,0 \pm 0,48$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 34,49 % – $30,0 \pm 0,87$ мм; цефатоксину (30 мкг) 65,52 % – $30,0 \pm 0,56$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 55,17 % – $30,0 \pm 0,67$ мм; амікацину (30 мкг) 48,28 % – $30,0 \pm 0,73$ мм; ампіциліну (10 мкг) 41,38 % – $32,0 \pm 0,65$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 53,45 % – $30,0 \pm 0,22$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 62,07 % – $31,0 \pm 0,43$ мм; гентаміцину (10 мкг) 51,72 % – $30,0 \pm 0,55$ мм; нетілміцину (10 мкг) 48,27 % – $31,0 \pm 0,83$ мм.

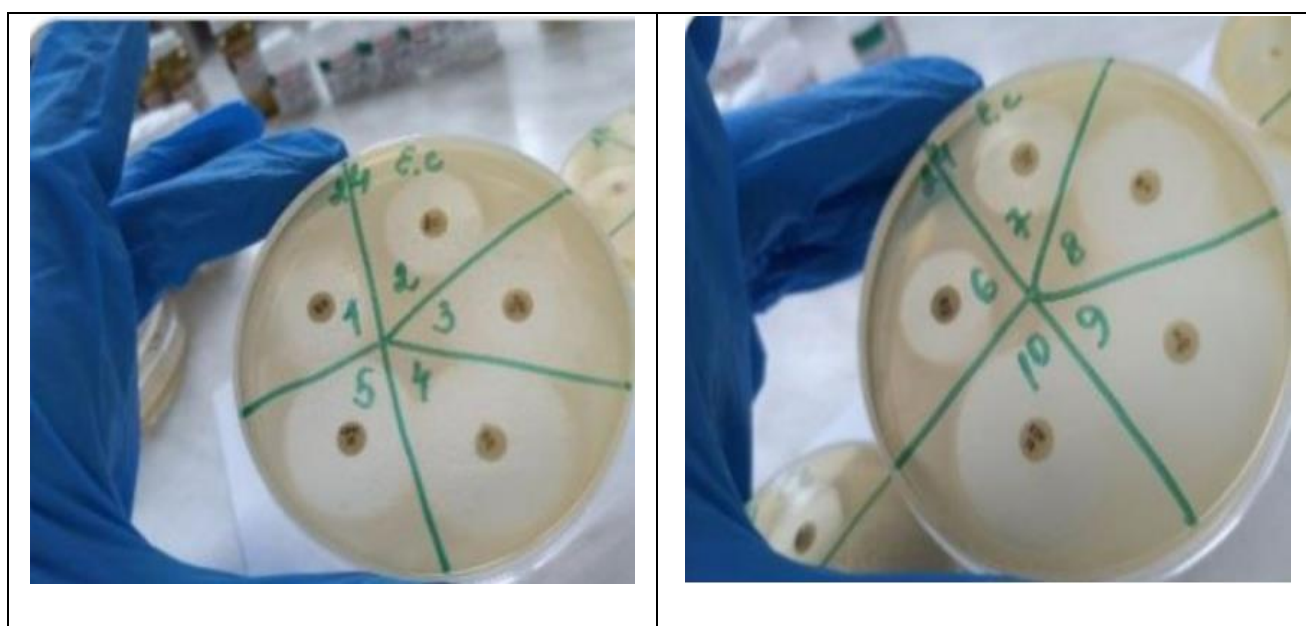


Рис. 3.36. Визначення чутливості ізоляту *Escherichia coli*, виділеного від собаки

Нами встановлено, що найвища резистентність *Escherichia coli* була до амоксициліну (6,90 %), амікацину (5,36 %), еритроміцину (3,57 %), що було вірогідно ($p < 0,001$) вищим, у порівнянні із результатами показників резистентності до цефтріаксону, цефатоксину. Зазначимо, резистентними виявилися ізоляти до лінкоміцину (10,34 %), цефтріаксону (10,34 %), тетрацикліну (8,62 %) та норфлоксацину (8,62 %).

За результатами досліджень, чутливості *Staphylococcus epidermidis* ($n=58$) до антибіотиків (рис. 3.37), нами встановлено резистентність до: амоксициліну (25

мгк) 10,35%, що становить в середньому $11,0 \pm 0,23$ мм; еритроміцину (15 мкг) 6,90 % – $9,0 \pm 0,11$ мм; цефазоліну (30 мкг) 5,17 % – $11,0 \pm 0,62$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 10,35 % – $12,0 \pm 0,42$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 1,72 % – $9,0 \pm 0,11$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 3,45 % – $11,0 \pm 0,99$ мм; цефатоксину (30 мкг) 5,17 % – $9,0 \pm 0,11$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 12,07 % – $10,0 \pm 0,43$ мм; ампіциліну (2 мкг), 6,90 % – $9,0 \pm 0,44$ мм; гентаміцину (10 мкг) 5,17 % – $8,0 \pm 0,34$ мм.

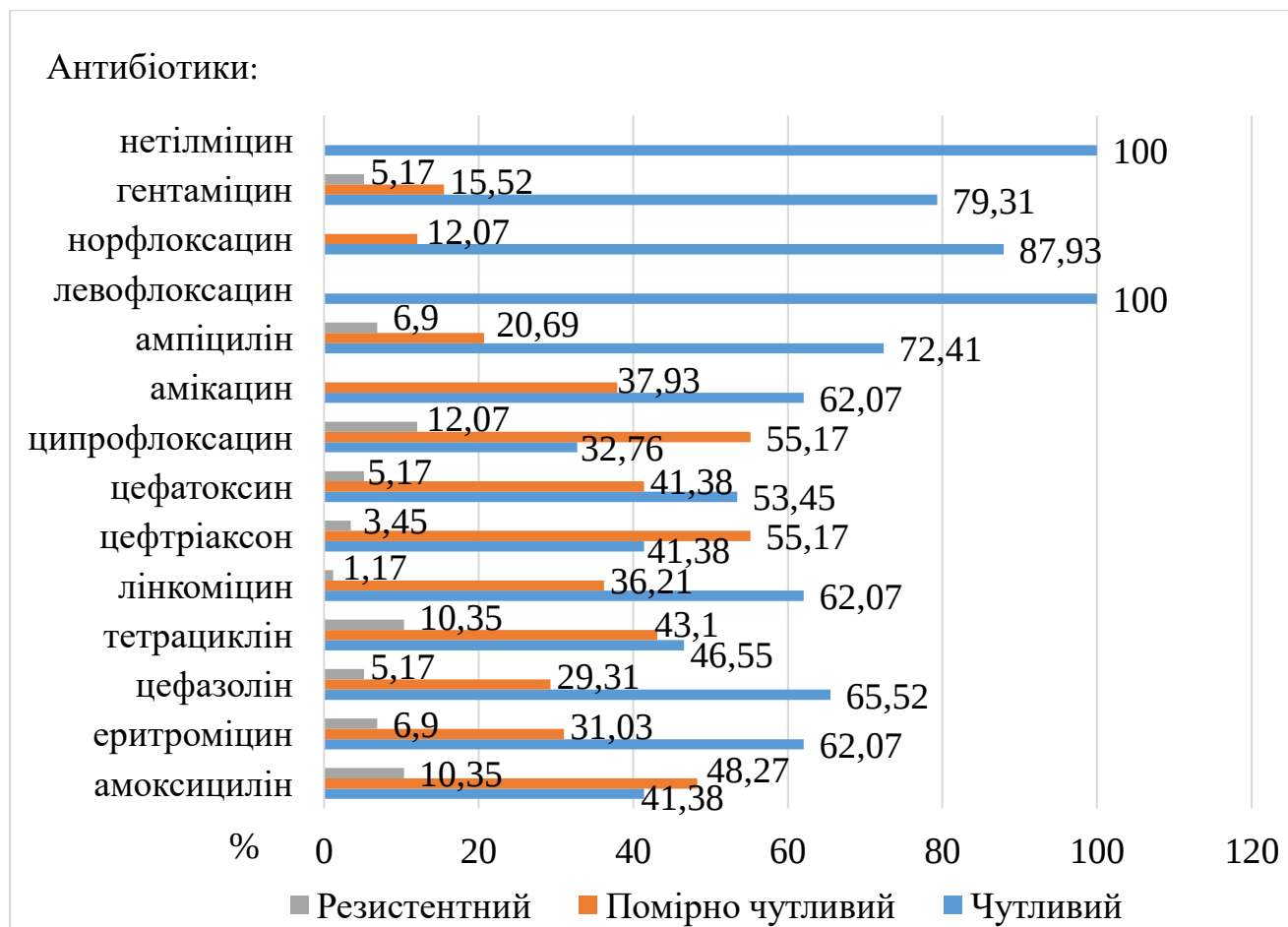


Рис. 3.37. Чутливість ізолятів *Staphylococcus epidermidis* до антибіотиків, виділених від собак, %

Чутливими виділені ізоляти *Staphylococcus epidermidis* були до: амоксициліну (2 мкг) 41,38 % – $30,0 \pm 0,61$ мм; еритроміцину (15 мкг) 62,07 % – $30,0 \pm 0,66$ мм; цефазоліну (30 мкг) 65,52 % – $30,0 \pm 0,26$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 46,55 % – $31,0 \pm 0,74$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 62,07 % – $34,0 \pm 0,59$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 41,38 % – $30,0 \pm 0,68$ мм; цефатоксину (30 мкг) 53,45 % –

33,0±0,79 мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 32,76 % – 30,0±0,43 мм; амікацину (30 мкг) 62,07 % – 30,0±0,57 мм; ампіциліну (2 мкг) 72,41 % – 35,0±0,52 мм; левофлоксацину (5 мкг) 100 % – 30,0±0,37 мм; норфлоксацину (10 мкг) 87,93 % – 30,0±0,95 мм; гентаміцину (10 мкг) 79,31 % – 30,0±0,87 мм; нетіліміцину (10 мкг) 100 % – 30±0,67 мм (рис. 3.38).

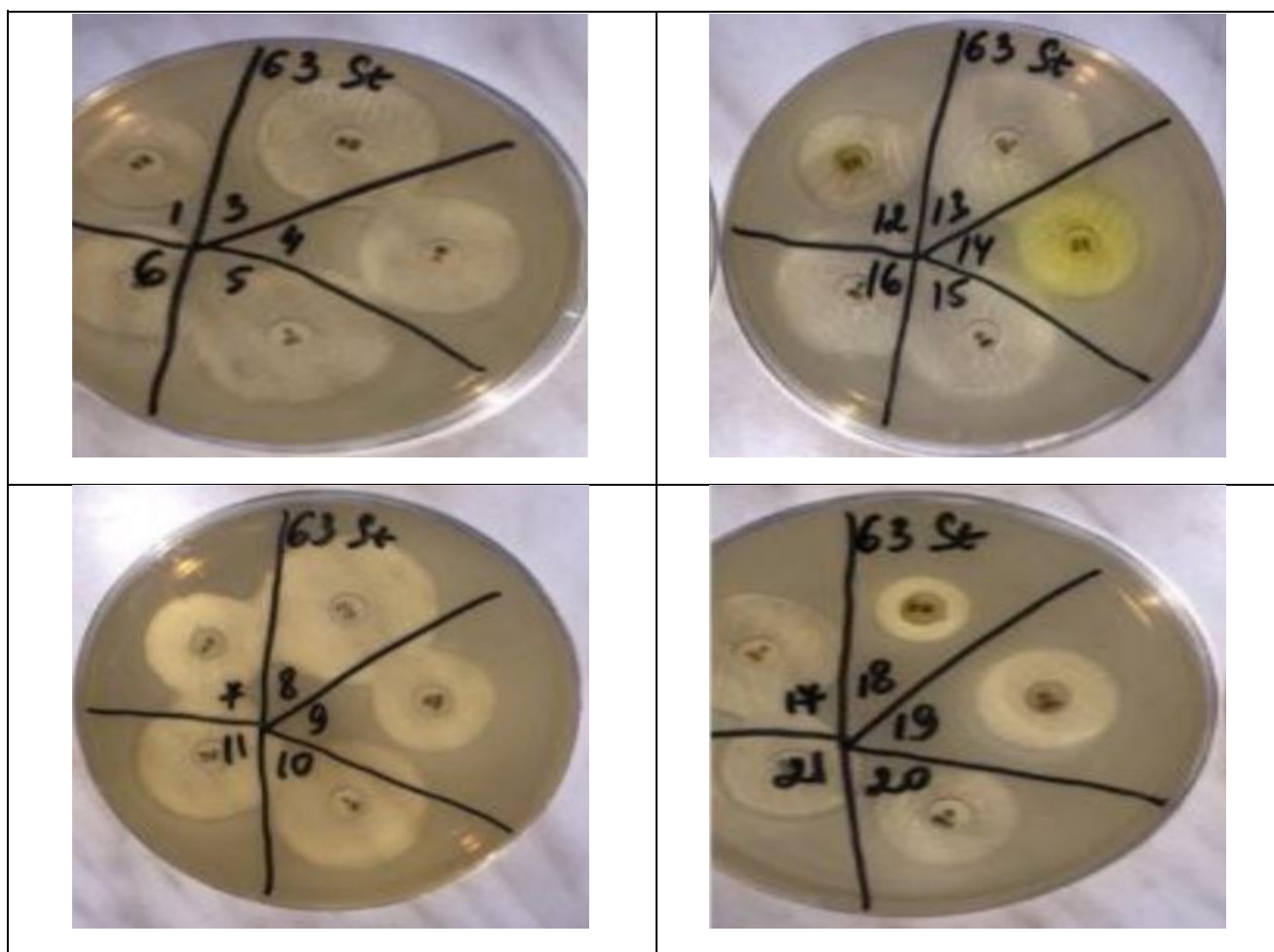


Рис. 3.38. Визначення чутливості ізоляту *Staphylococcus epidermidis*, виділеного від собаки

Результати наших досліджень свідчать, що найвища резистентність *Staphylococcus epidermidis* спостерігалася до амоксициліну (10,35 %), еритроміцину (6,90 %), цефатоксину (5,17 %), що є вірогідно ($p < 0,001$) вищим у порівнянні із отриманими даними резистентності до тетрацикліну, ципрофлоксацину, цефтріаксону. Таким чином нами встановлено резистентність

ізолятів до ципрофлоксацину (12,07 %), амоксициліну (10,35 %) та тетрацикліну (10,35 %).

За результатами досліджень чутливості у *Pseudomonas spp.* (рис. 3.39) (n=26) до антибіотиків встановлено резистентність (n=19) до: амоксициліну (25 мкг), 7,69 % що становить в середньому $10,0 \pm 0,28$ мм; еритроміцину (15 мкг) 15,38 % – $10,0 \pm 0,14$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 15,38 % – $11,0 \pm 0,34$ мм; цефатоксину (5 мкг) 3,85 % – $8,0 \pm 0,22$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 11,54 % – $11,0 \pm 0,59$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 3,85 % – $9,0 \pm 0,82$ мм; ампіциліну (10 мкг) 7,69 % – $11,0 \pm 0,11$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 23,08 % – $9,0 \pm 0,65$ мм; нетілміцину (10 мкг) 6,90 % – $11 \pm 0,21$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 5,17 % – $11,0 \pm 0,19$ мм.

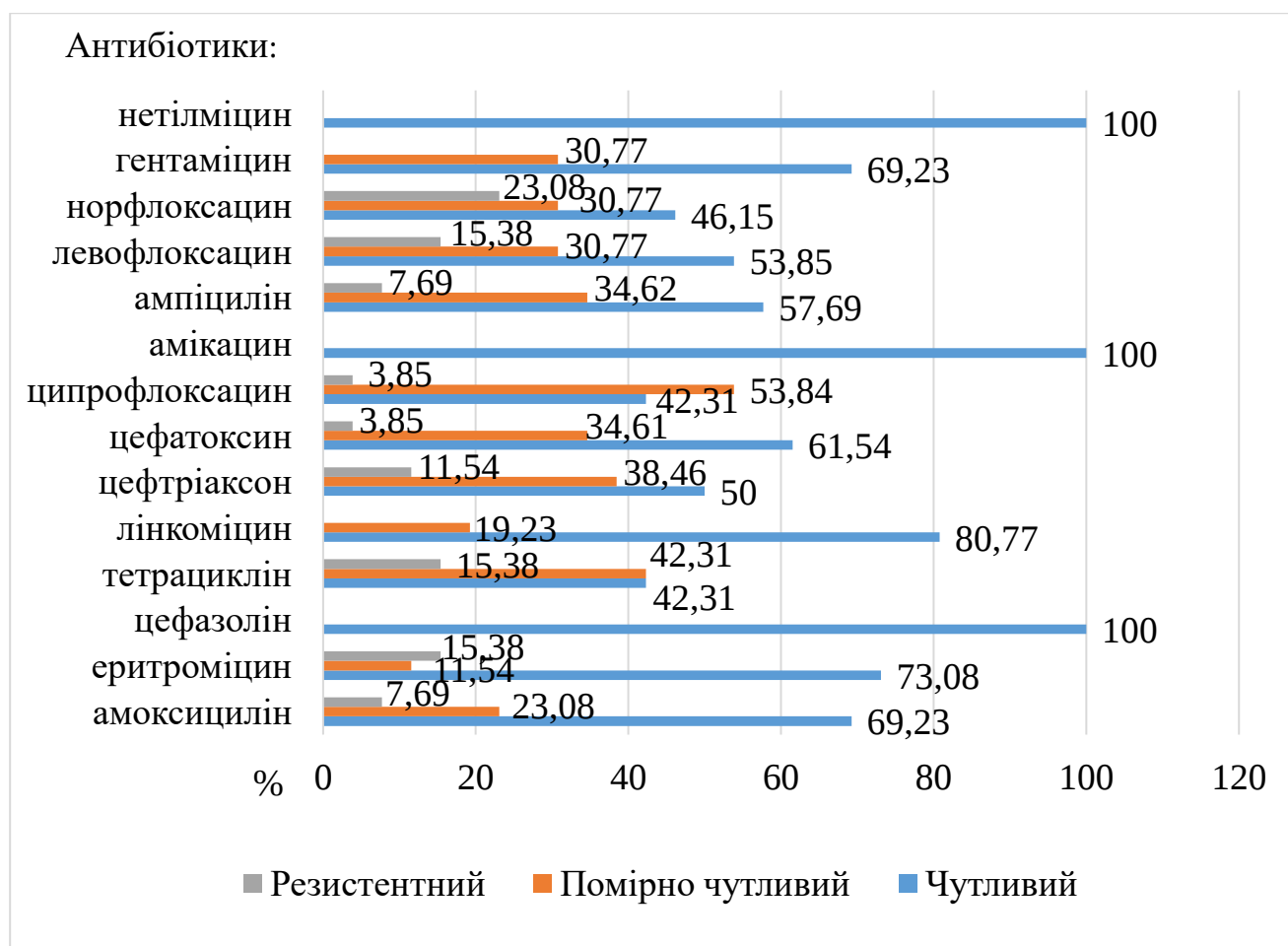


Рис. 3.39. Чутливість до антибіотиків *Pseudomonas spp.*, виділених від собак, %

Отже, чутливими виділені ізоляти були (рис. 3.40) до: амоксициліну (25 мкг) 69,23 % – $31,0 \pm 0,19$ мм; еритроміцину (15 мкг) 73,08 % – $30,0 \pm 0,38$ мм; цефазоліну (30 мкг) 100 % – $30,0 \pm 0,37$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 42,31 % – $30,0 \pm 0,64$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 80,77 % – $36,0 \pm 0,56$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 50,0 % – $30,0 \pm 0,57$ мм; цефатоксину (30 мкг) 61,54 % – $30,0 \pm 0,78$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 42,31 % – $33,0 \pm 0,57$ мм; амікацину (30 мкг) 100 % – $33,0 \pm 0,82$ мм; ампіциліну (10 мкг) 57,69 % – $33,0 \pm 0,78$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 53,85 % – $33,0 \pm 0,57$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 46,15 % – $30,0 \pm 0,48$ мм; гентаміцину (10 мкг) 69,23 % – $30,0 \pm 0,57$ мм; нетілміцину (10 мкг) 100 % – $30,0 \pm 0,41$ мм.

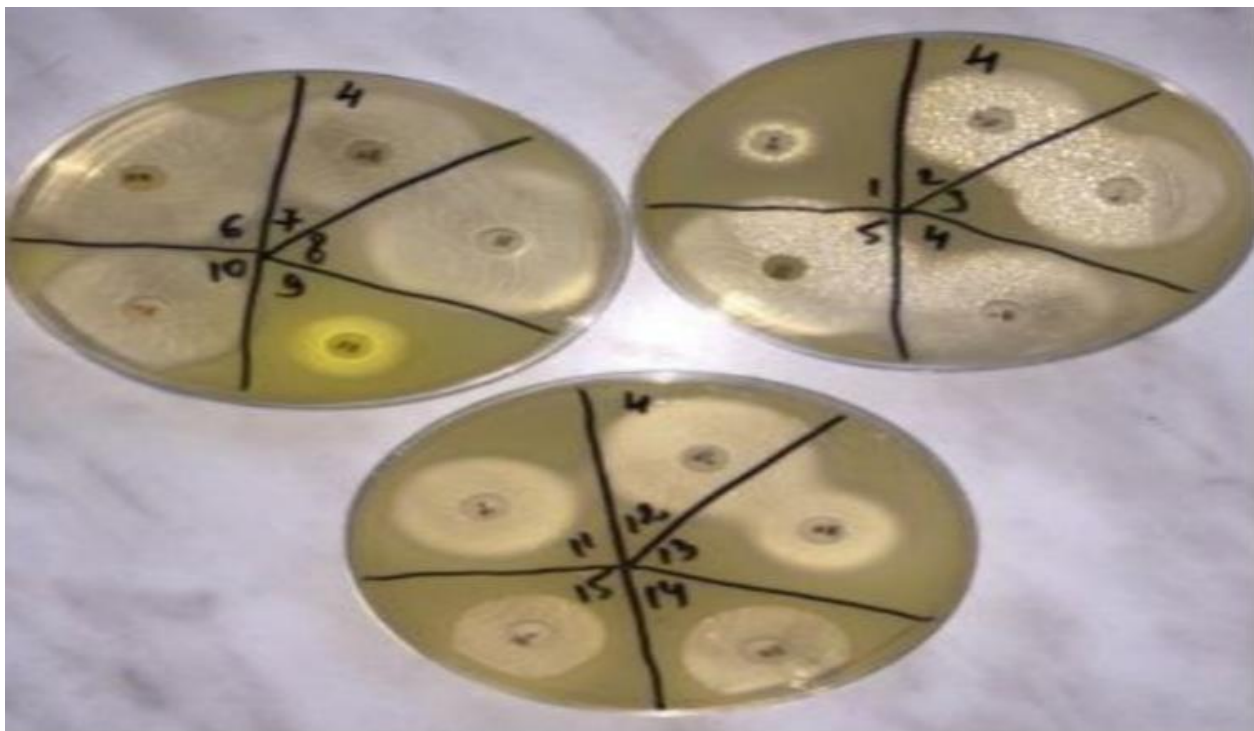


Рис. 3.40. Результати чутливості ізоляту № 4 *Pseudomonas spp.* до антибіотиків, виділеного від собаки

Встановлено, найвищу резистентність виділених ізолятів до норфлоксацину (23,08 %), левофлоксацином (15,38 %), тетрацикліном (15,38 %), що вірогідно вищим ($p < 0,001$) було у порівнянні із цефтріаксоном (11,54 %), ампіциліном (7,69 %), цефатоксину (3,85 %), ципрофлоксацину (3,85 %).

Зокрема, резистентними виявилися ізоляти до норфлуксацину (23,08 %), еритроміцину (15,38 %), тетрацикліну (15,38 %) та левофлуксацину (15,38 %).

Під час досліджень у виділених ізолятів *Staphylococcus aureus* від котів, встановили стійкість до різних антибіотиків (рис. 3.41).

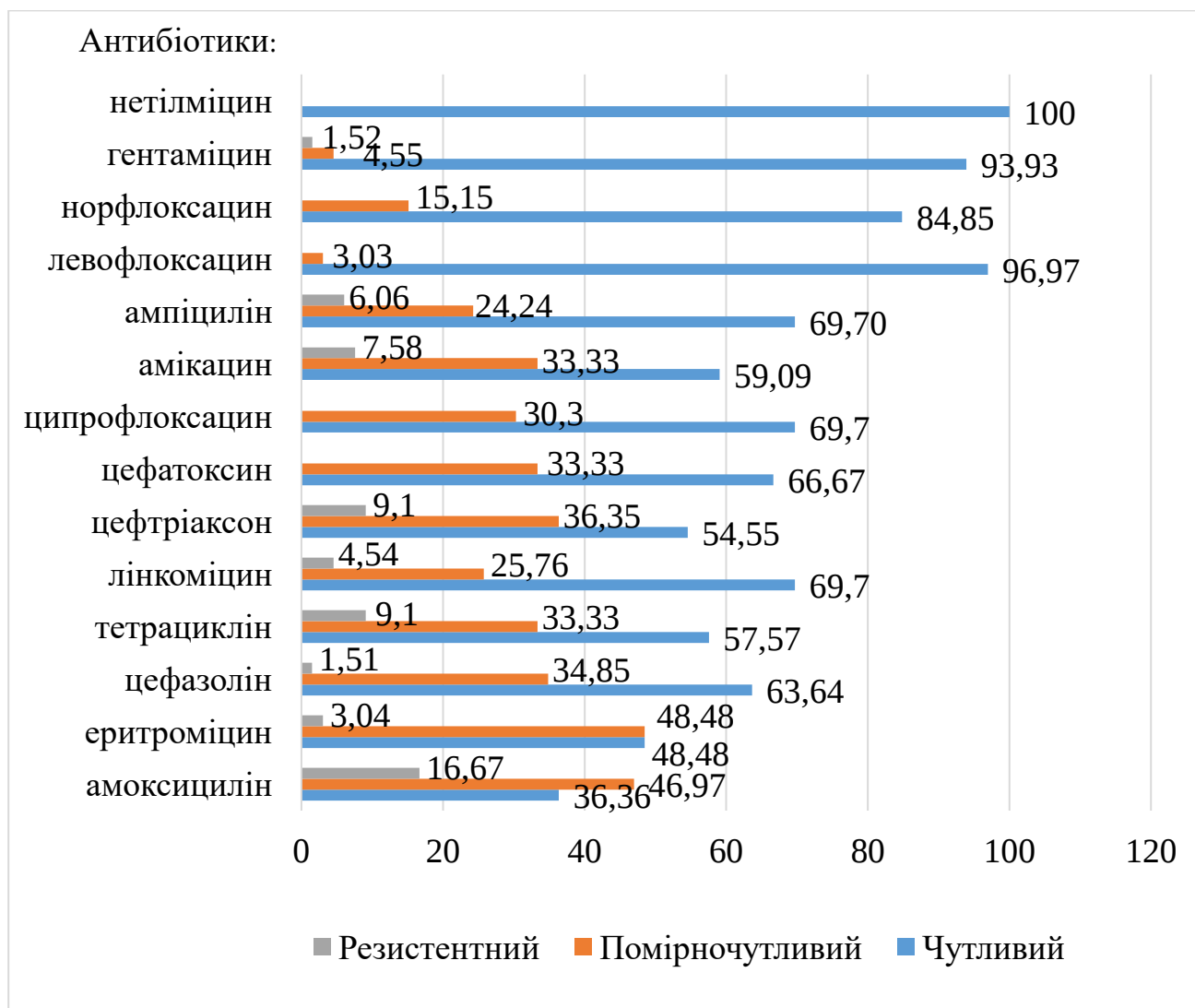


Рис. 3.41. Чутливість ізолятів *Staphylococcus aureus* до антибіотиків, виділених від котів, %

За аналізу результатів досліджень ізолятів *Staphylococcus aureus* (n=66) до антибіотиків встановлено їх резистентність до: амоксициліну (25 мкг) 16,67 %, що становить в середньому $11,0 \pm 0,26$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 9,10 % – $12,0 \pm 0,31$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 4,54 % – $13,0 \pm 0,58$ мм; гентаміцину (10 мкг) 1,52 % –

14,0±0,51 мм; еритроміцину (15 мкг) 3,04 % – 10,0±0,45 мм; цефазоліну (30 мкг) 1,51 % – 10,0±0,11 мм; цефтріаксону (30 мкг) 9,10 % – 12,0±0,56 мм; амікацину (30 мкг) 7,58 % – 12,0±0,17 мм; ампіциліну (2 мкг) 6,06 % – 11,0±0,46 мм (рис. 3.42).



Рис. 3.42. Визначення чутливості у ізолятів *Staphylococcus aureus* (№ 54, 55, 58, 78, 93), до цефокситину (30 мкг), виділених від котів

Виділені нами ізоляти *Staphylococcus aureus* були чутливими до: амоксициліну (2 мкг) 36,36 % – 31,0±0,27 мм; еритроміцину (15 мкг) 48,48 % – 33,0±0,42 мм; цефазоліну (30 мкг) 63,64 % – 33,0±0,23 мм; тетрацикліну (30 мкг) 57,57 % – 34,0±0,56 мм; лінкоміцину (15 мкг) 69,70 % – 30,0±0,67 мм; цефтріаксону (30 мкг) 54,55 % – 34,0±0,54 мм; цефатоксину (30 мкг) 66,67 % – 32,0±0,31 мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 69,70 % – 30,0±0,76 мм; амікацину (30 мкг) 59,09 % – 31,0±0,43 мм; ампіциліну (2 мкг) 69,70 % – 30,0±0,21 мм; левофлоксацину (5 мкг) 96,97 % – 30,0±0,76 мм; норфлоксацину (10 мкг) 84,85 % – 30,0±0,16 мм; гентаміцину (10 мкг) 93,93 % – 30,0±0,67 мм; нетілміцину (10 мкг) 100 % – 30±0,43 мм.

За результатами наших досліджень встановлена резистентність до еритроміцину, цефазоліну та ампіциліну, що було вірогідно ($p < 0,001$) вищим, у порівнянні з отриманими показниками до гентаміцину, лінкоміцину та тетрацикліну.

Отже, у 39 ізолятів *Staphylococcus aureus* встановлено резистентність до різних груп антибіотиків. Зокрема, найбільш резистентними виявилися ізоляти до амоксициліну (16,67 %), тетрацикліну (9,10 %) та цефтріаксону (9,10 %).

За визначення чутливості *Staphylococcus epidermitis* ($n=68$) до антибіотиків встановлено резистентність (рис. 3.43) до: амоксициліну (25 мкг) 20,58 %, що становить в середньому $10,0 \pm 0,21$ мм; еритроміцину (15 мкг) 7,36 % – $8,0 \pm 0,28$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 2,95 % – $10,0 \pm 0,87$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 4,41 % – $12,0 \pm 0,39$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 2,95 % – $12,0 \pm 0,23$ мм; амікацину (30 мкг) 5,88 % – $10,0 \pm 0,32$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 1,47 % – $11,0 \pm 0,16$ мм; нетілміцину (10 мкг) 2,94 % – $10,0 \pm 0,21$ мм.

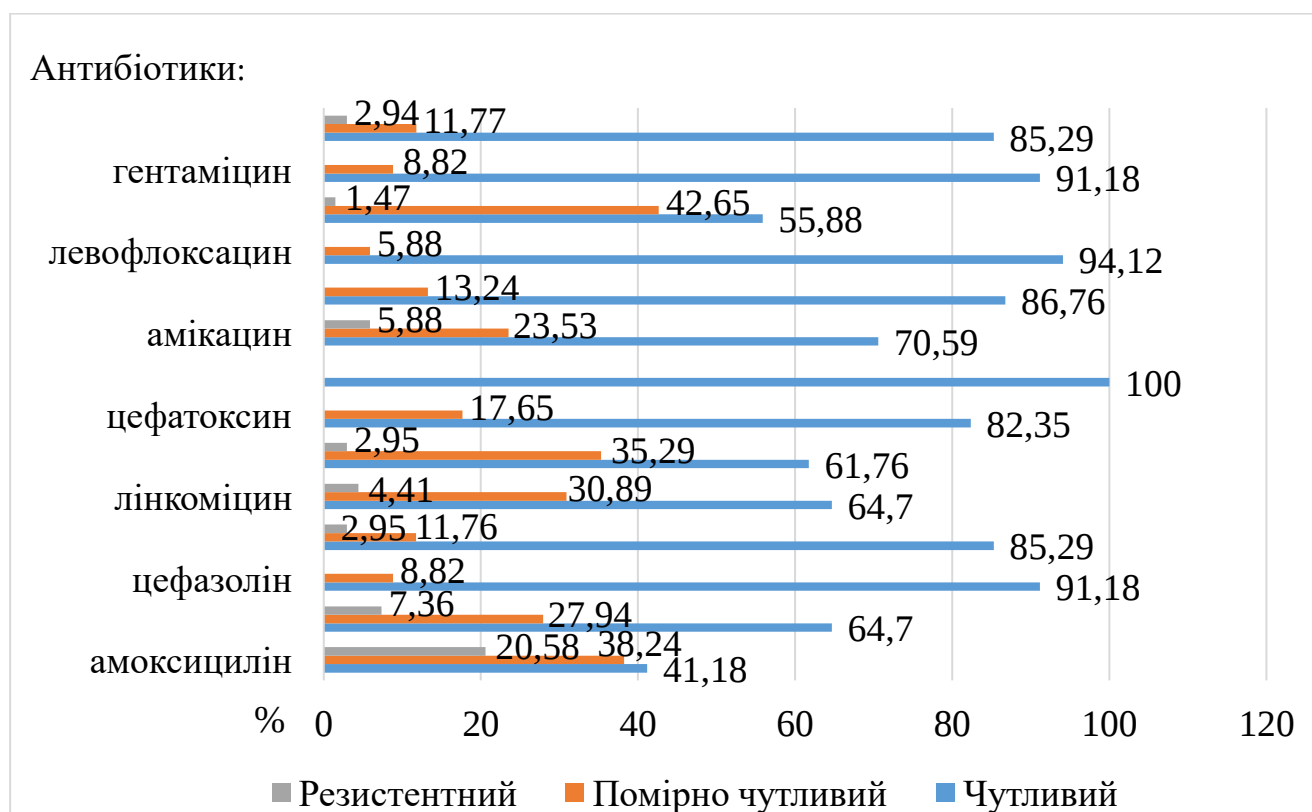


Рис. 3.43. Чутливість до антибіотиків культур *Staphylococcus epidermitis*, виділених від котів, %

Чутливими виділені нами ізоляти *Staphylococcus epidermitis* (рис. 3.44) були до: амоксициліну (25 мкг) 41,18 % – $30,0 \pm 0,12$ мм; еритроміцину (15 мкг) 64,70 % – $34,0 \pm 0,51$ мм; цефазоліну (30 мкг) 91,18 % – $31,0 \pm 0,56$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 85,29 % – $31,0 \pm 0,56$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 64,70 % – $32,0 \pm 0,43$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 61,76 % – $32,0 \pm 0,23$ мм; цефатоксину (30 мкг) 82,35 % – $30,0 \pm 0,71$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 100 % – $33,0 \pm 0,43$ мм; амікацину (30 мкг) 70,59 % – $30 \pm 0,47$ мм; ампіциліну (2 мкг) 86,76 % – $31,0 \pm 0,37$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 94,12 % – $32,0 \pm 0,54$ мм; гентаміцину (10 мкг) 91,18 % – $32,0 \pm 0,32$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 55,88 % – $32,0 \pm 0,32$ мм; нетілміцину (10 мкг) 85,29 % – $32,0 \pm 0,27$ мм.

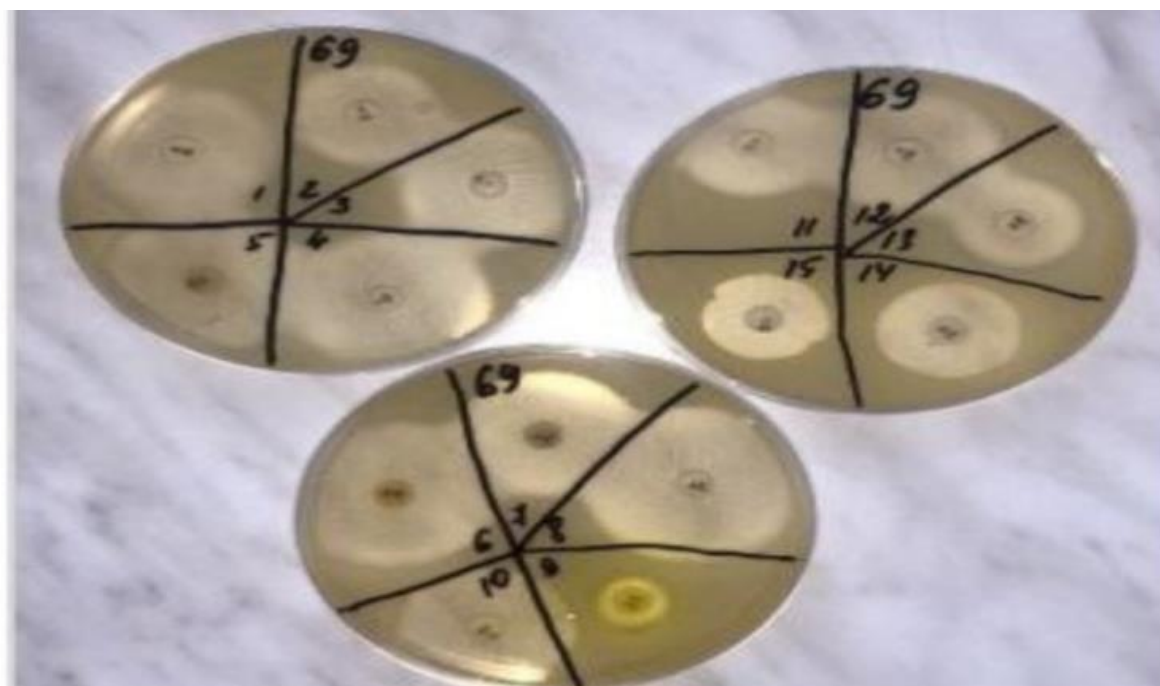


Рис. 3.44. Визначення чутливості до антибіотиків ізоляту *Staphylococcus epidermidis* № 69, виділеного від кота

Найвищу резистентність було встановлено до еритроміцину 7,36 %, амоксициліну 20,58 %, тетрацикліну 2,95 % та амікацину 5,88 %, що було вірогідно ($p < 0,001$) вищим, у порівнянні з отриманими результатами резистентності до лінкоміцину, цефтріаксону та норфлоксацину.

За результатами досліджень чутливості у ізолятів *Escherichia coli* (n=64) до антибіотиків встановлено резистентність до: амоксициліну (25 мкг) 20,58 %, що становить в середньому $11,0 \pm 0,63$ мм; еритроміцину (15 мкг) 6,25 % – $11,0 \pm 0,13$ мм; цефазоліну (30 мкг) 9,37 % – $12,0 \pm 0,32$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 3,12 % – $14,0 \pm 0,39$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 1,56 % – $9,0 \pm 0,17$ мм; цефотаксину (5 мкг) 7,81 % – $11,0 \pm 0,64$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 10,94 % – $11,0 \pm 0,67$ мм; ампіциліну (10 мкг) 12,50 % – $10, \pm 0,12$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 6,25 % – $12,0 \pm 0,56$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 10,94 % – $11,0 \pm 0,62$ мм (рис. 3.45).

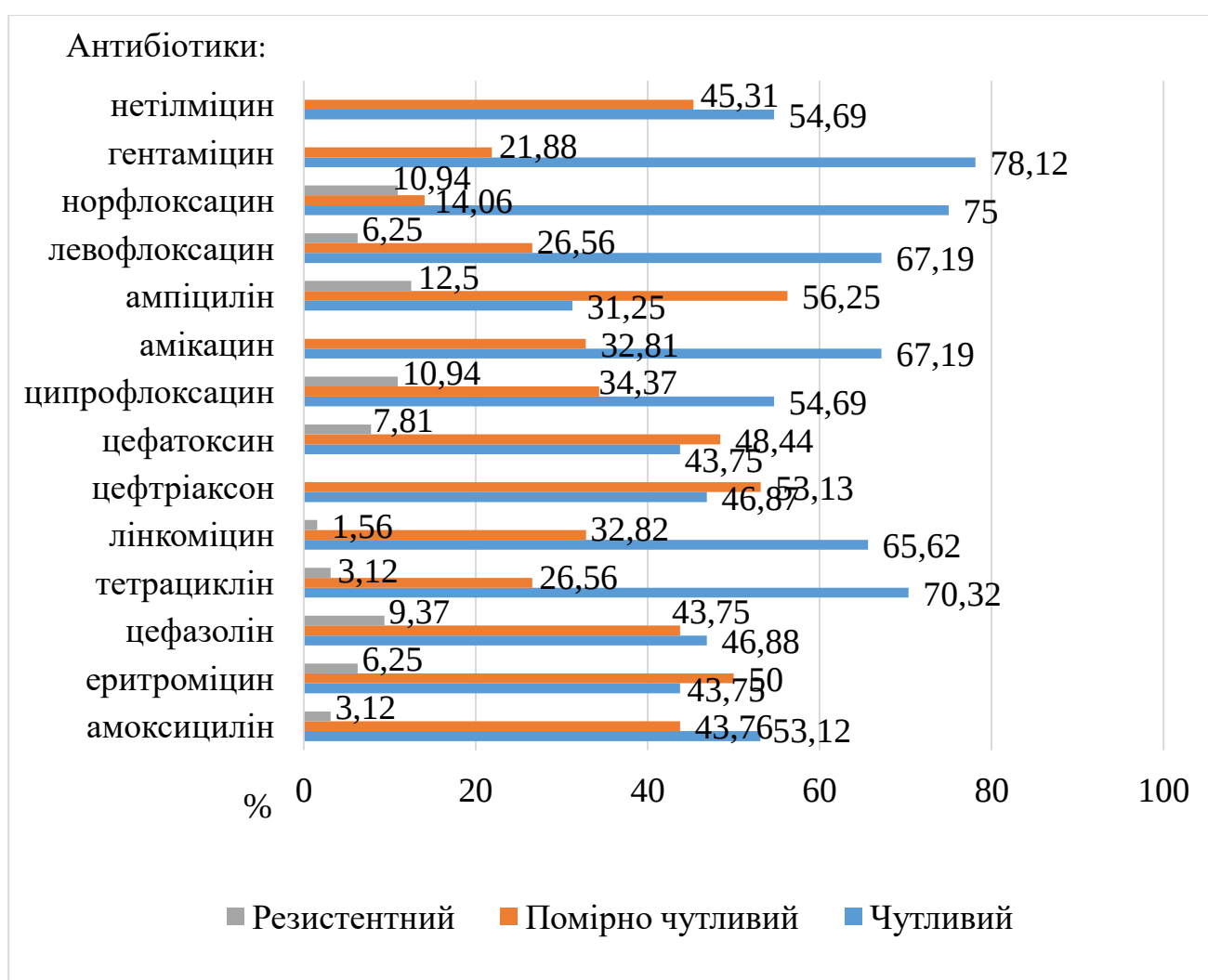


Рис. 3.45. Чутливість ізолятів *Escherichia coli* до антибіотиків, виділених від котів, %

Виділені ізоляти були чутливі до: амоксициліну (25 мкг) 53,12 % – $30,0 \pm 0,67$ мм; еритроміцину (15 мкг) 43,77 % – $31,0 \pm 0,58$ мм; цефазоліну (30 мкг) 46,88 % – $36,0 \pm 0,86$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 70,32 % – $33,0 \pm 0,59$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 65,62 % – $34,0 \pm 0,68$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 46,87 % – $31,0 \pm 0,45$ мм; цефатоксину (30 мкг) 43,75 % – $29,0 \pm 0,85$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 54,69 % – $30,0 \pm 0,18$ мм; амікацину (30 мкг) 67,19 % – $24,0 \pm 0,48$ мм; ампіциліну (10 мкг) 31,25 % – $30,0 \pm 0,45$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 67,19 % – $31,0 \pm 0,65$ мм; норфлоксацину (10 мкг) 54,69 % – $30,0 \pm 0,45$ мм (рис. 3.46).



Рис. 3.46. Визначення чутливості до антибіотиків ізоляту *Escherichia coli* № 58, виділеного від кота

Нами встановлено найвищу резистентність ізолятів *Escherichia coli* до лінкоміцину (1,56 %), амоксициліну (3,12 %), еритроміцину (6,25 %), що було вищим ($p < 0,001$) у порівнянні з отриманими результатами резистентності до тетрацикліну, цефазоліну, та левофлоксацину. Зокрема резистентними були ізоляти до ампіциліну (12,50 %), ципрофлоксацину (10,94 %) та норфлоксацину (10,94 %).

Результати наших досліджень визначення чутливості *Micrococcus luteus* (n=42) до антибіотиків (рис. 3.47–3.48), виділених від котів свідчать, що встановлено резистентність (n=12) до: амоксициліну (25 мкг) 4,77 %, що становить в середньому $9,0 \pm 0,38$ мм; цефазоліну (30 мкг) 9,52 % – $9,0 \pm 0,11$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 2,38 % – $9,0 \pm 0,38$ мм; цефатоксину (30 мкг) 4,77 % – $12,0 \pm 0,29$ мм; ампіциліну (10 мкг) 4,77 % – $8,0 \pm 0,39$ мм; нетілміцину 2,38% – $11,0 \pm 0,28$ мм.

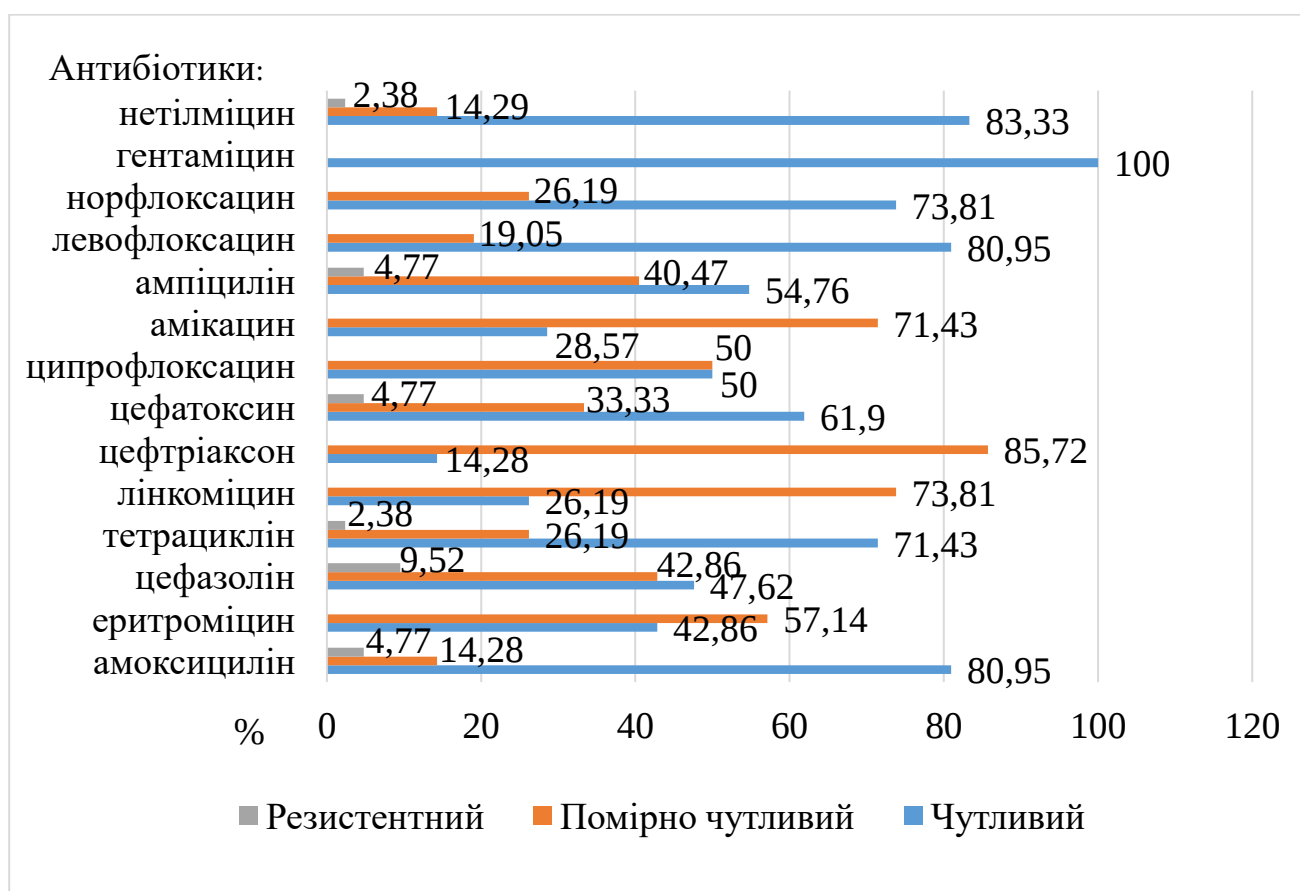


Рис. 3.47. Чутливість ізолятів *Micrococcus luteus* до антибіотиків, виділених від котів, %



Рис. 3.48. Визначення чутливості до антибіотиків ізоляту *Micrococcus luteus* № 30, виділеного від кота

Отже, чутливими виділені ізоляти були до: амоксициліну (25 мкг) 80,95 % – $34,0 \pm 0,67$; еритроміцину (15 мкг) 42,86 % – $30,0 \pm 0,23$ мм; цефазоліну (30 мкг) 47,62 % – $30,0 \pm 0,21$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 71,43 % – $30,0 \pm 0,84$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 26,19 % – $30,0 \pm 0,46$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 14,28 % – $30,0 \pm 0,58$ мм; цефатоксину (30 мкг) 61,90 % – $31,0 \pm 0,74$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 50,0 % – $29,0 \pm 0,51$ мм; амікацину (30 мкг) 28,57 % – $30,0 \pm 0,67$ мм; ампіциліну (10 мкг) 54,76 % – $29,0 \pm 0,58$ мм; левофлоксацину (5 мкг) 80,95 % – $30,0 \pm 0,38$ мм; норфлоксацин (10 мкг) 73,81 % – $30,0 \pm 0,69$ мм; гентаміцину (10 мкг) 100 % – $30 \pm 0,51$ мм; нетілміцину (10 мкг) 83,33 % – $29 \pm 0,49$ мм.

Зауважимо, що нами виявлено резистентність до ампіциліну, амоксициліну, цефазоліну, тетрацикліну, що вірогідно ($p < 0,001$) вищим, у порівнянні з отриманими результатами резистентності до нетілміцину.

Під час досліджень у виділених ізолятів *Staphylococcus aureus* від великої рогатої худоби, встановили стійкість до різних антибіотиків (рис. 3.50).

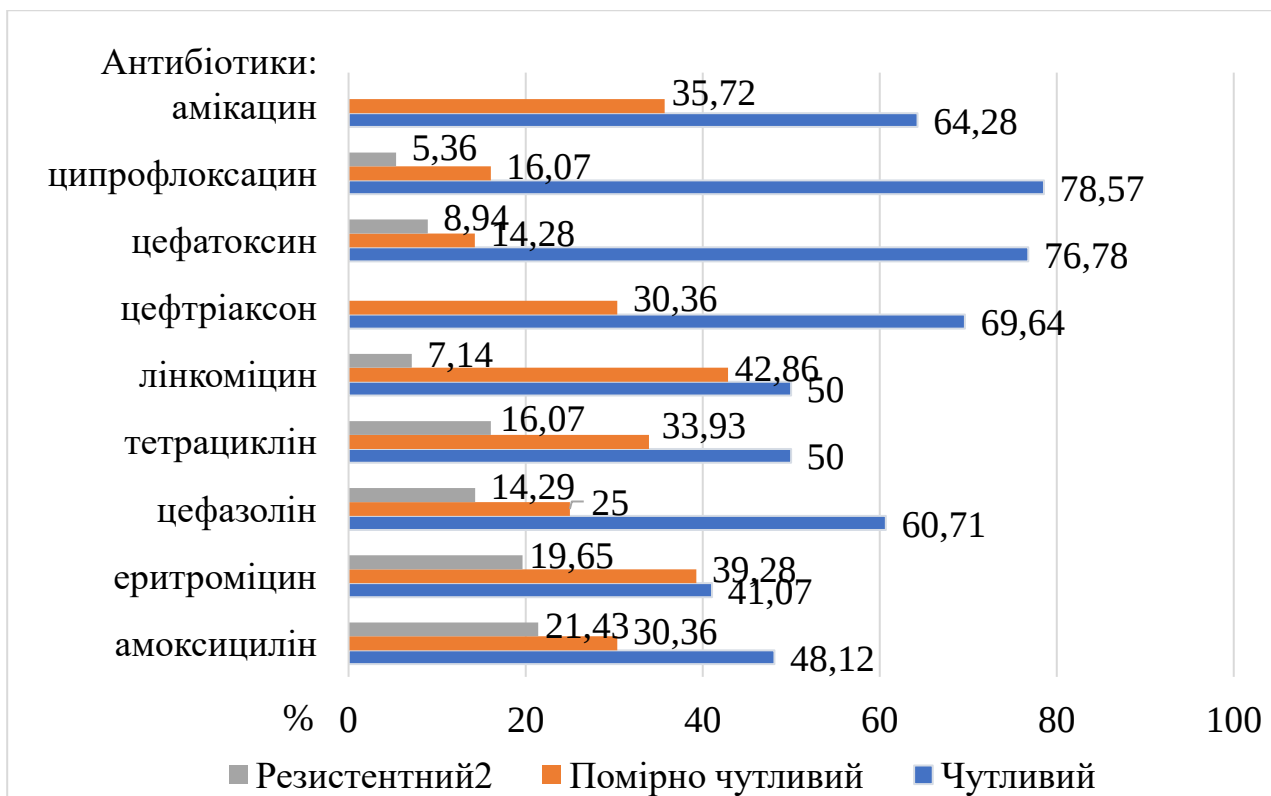


Рис. 3.49. Чутливість ізолятів *Staphylococcus aureus* до антибіотиків, виділених від великої рогатої худоби, %

Аналіз матеріалів досліджень визначення чутливості *Staphylococcus aureus* (n=56) до антибіотиків виділених від великої рогатої худоби свідчать, що резистентних (n=12) до: амоксициліну (25 мкг) 21,43 %, що становить в середньому $13,82 \pm 0,68$ мм; цефазоліну (30 мкг) 14,29 % – $10,0 \pm 0,17$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 16,07 % – $9,0 \pm 0,67$ мм; цефатоксину (30 мкг) 8,94 % – $12,36 \pm 0,57$ мм; ципрофлоксацину (30 мкг) 5,36 % – $13,48 \pm 0,68$ мм.

Чутливими виділені ізоляти були до: амоксициліну (25 мкг) 48,21 % – $34,34 \pm 0,41$; еритроміцину (15 мкг) 41,07 % – $31,28 \pm 0,38$ мм; цефазоліну (30 мкг) 60,71 % – $28,39 \pm 0,57$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 50,0 % – $33,45 \pm 0,41$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 50,0 % – $35,14 \pm 0,38$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 69,64 % – $29,02 \pm 0,41$ мм; цефатоксину (30 мкг) 76,78 % – $33,23 \pm 0,42$ мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 78,57 % – $29,0 \pm 0,41$ мм; амікацину (30 мкг) 64,28 % – $33,87 \pm 0,34$ мм.

Результати досліджень визначення чутливості *Staphylococcus epidermitis* (n=46) до антибіотиків (рис. 3.51), виділених від великої рогатої худоби, представлені на рис. 3.51.

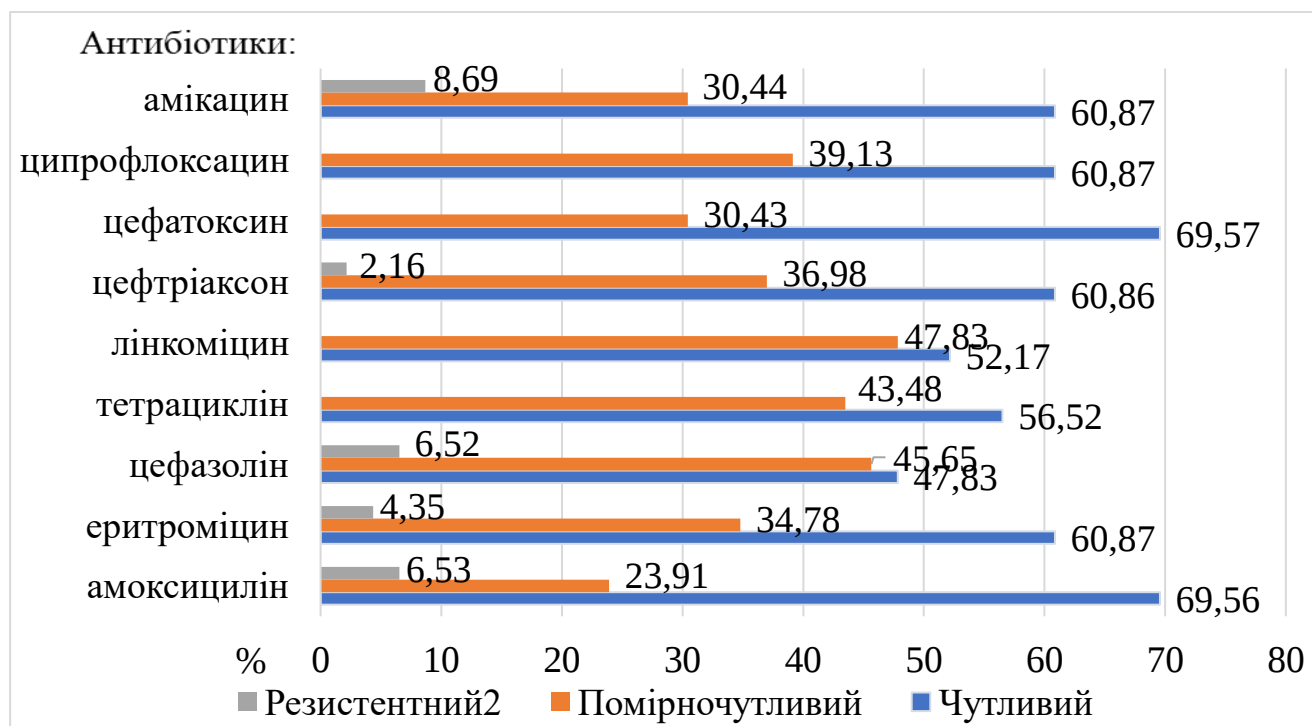


Рис. 3.50. Чутливість ізолятів *Staphylococcus epidermitis* до антибіотиків, виділених від великої рогатої худоби, %

Порівнюючи розміри зон затримки росту – чутливості слід зазначити, що ізоляти *Staphylococcus epidermitis*, виділені від великої рогатої худоби були не чутливими до: амоксициліну (25 мкг) 6,53 %, що становить в середньому $10,27 \pm 0,57$ мм; цефазоліну (30 мкг) 45,65 % – $21,21 \pm 0,39$ мм; амікацину (10 мкг) 8,69 % – $8,49 \pm 0,31$ мм; цефтріаксону (25 мкг) 2,16 % – $9,26 \pm 0,38$ мм; еритроміцину (25 мкг) 4,35 % – $11,43 \pm 0,31$ мм.

Чутливими виділені ізоляти виявилися до: амоксициліну (25 мкг) 69,56 % – $30,32 \pm 0,48$; еритроміцину (15 мкг) 60,87 % – $31,49 \pm 0,38$ мм; цефазоліну (30 мкг) 47,83 % – $29,68 \pm 0,48$ мм; тетрацикліну (30 мкг) 56,52 % – $33,13 \pm 0,46$ мм; лінкоміцину (15 мкг) 52,17 % – $28,48 \pm 0,23$ мм; цефтріаксону (30 мкг) 60,86 % –

28,51 ± 0,42 мм; цефатоксину (30 мкг) 69,57 % – 26,41 ± 0,42 мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 60,87 % – 29,08 ± 0,48 мм; амікацину (30 мкг) 60,87 % – 31,32 ± 0,54 мм.

Результати наших досліджень визначення чутливості *Escherichia coli* (n=24) до антибіотиків (рис. 3.52), виділених від великої рогатої худоби, свідчать про наявність ізолятів нечутливих до антибактеріальних препаратів.

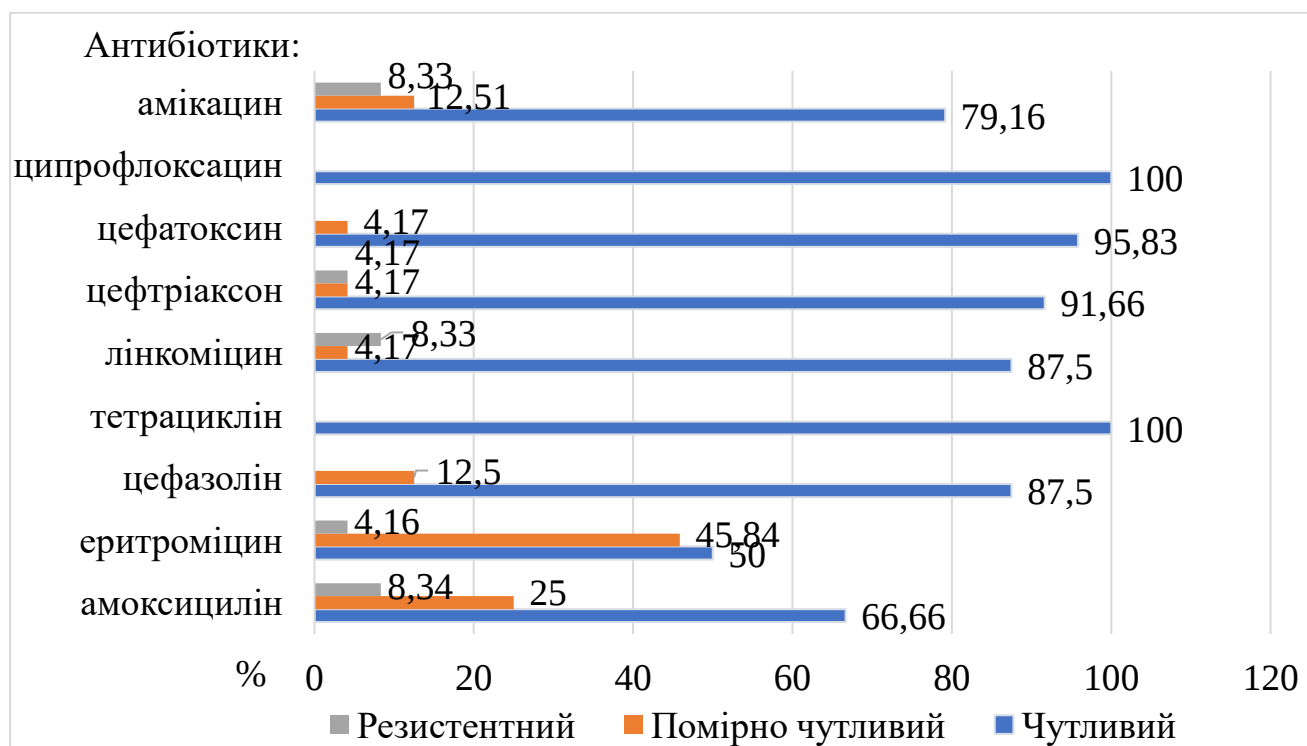


Рис. 3.51. Чутливість ізолятів *Escherichia coli* до антибіотиків, виділених від великої рогатої худоби, %

Ізоляти *Escherichia coli* були резистентні до: амоксициліну (25 мкг) 8,34 %, що становить в середньому 9,05 ± 0,57 мм; еритроміцину (25 мкг) 4,16 % – 7,34 ± 0,39 мм; лінкоміцину (10 мкг) 8,33 % – 11,04 ± 0,38 мм; цефтріаксон (25 мкг) 4,17 % – 12,32 ± 0,31 мм; амікацину (30 мкг) 8,33 % – 11,23 ± 0,47 мм.

Чутливими виділені ізоляти були до: амоксициліну (25 мкг) 66,66 % – 30,38 ± 0,69; еритроміцину (15 мкг) 50,0 % – 29,03 ± 0,41 мм; цефазоліну (30 мкг) 87,50 % – 29,46 ± 0,56 мм; тетрацикліну (30 мкг) 100 % – 33,13 ± 0,57 мм; лінкоміцину (15 мкг) 87,50 % – 31,45 ± 0,43 мм; цефтріаксону (30 мкг) 91,66 % –

34,06 ± 0,38 мм; цефатоксину (30 мкг) 95,83 % – 31,43 ± 0,31 мм; ципрофлоксацину (5 мкг) 100 % – 29,23 ± 0,31 мм; амікацину (30 мкг) 79,16 % – 31,57 ± 0,57 мм.

За порівняння отриманих даних чутливості встановлено, що ізоляти, виділені від великої рогатої худоби, резистентні *Staphylococcus aureus* до цефазоліну, тетрацикліну, цефатоксину та ципрофлоксацину; *Staphylococcus epidermitis* до: еритроміцину та амікацину; *Escherichia coli* до: еритроміцину, лінкоміцину та амікацину. Окрім того, встановлено у цих ізолятів резистентність до амоксициліну.

3.3.1 Поширеність генів β-лактамаз розширеного спектру типу AmpC у клінічних ізолятах *Escherichia coli*, виділених від тварин

Поява ізолятів антибіотикорезистентних, особливо в ветеринарних клініках, є проблемою в концепції “Єдиного здоров’я”.

Тому актуальним є дослідження ферментів β-лактамаз типу AmpC, які кодуються хромосомами, плазмідами проти дії антибіотиків цефтазидиму, цефподоксиму і цефотаксиму у зоонозних ізолятах *Escherichia coli*, виділених від тварин.

Ізоляція *Escherichia coli* та розробка протоколу та дослідження включає кілька важливих етапів, які дозволяють успішно виділити та ідентифікувати цей мікроорганізм для фахівців ветеринарної медицини в умовах лабораторії.

Зразки досліджених ізолятів висівали на споживне середовище МПБ, культивували за температури 37 °C протягом 24 год та досліджували полімеразно-ланцюговою реакцією (дослідження виконано на базі Білоцерківського НАУ м. Біла Церква та Державному науково-контрольному інституті біотехнології і штамів мікроорганізмів, м. Київ).

Схему дослідження ізолятів *Escherichia coli*, згідно застосованого протоколу, наведено у табл. 3.6.

**Результати застосованого генів та праймерів у протоколі дослідження
клінічних ізолятів *Escherichia coli***

№	Таргетний ген	Температура	Кількість %GC	Довжина фрагмента	Послідовність
1	CIT	60	52/57	462	R-TTTCTCCTGAACGTGGCTQQC
					F-TGGCCAGAACTGACAGGCAAA
2	MOX	58	55/58	520	R- CACATTGACATAGGTGTGGTGC
					F - GCTGCTCAAGGAGCACAGGAT
3	DHA	60	50/57	405	R- CCGTACGCATACTGGGCTTTGC
					F-AACTTTCACAGGTGTGCTGGGT
4	ACC	60-62	59/60	346	R-TTCGCCGCAATCATCCCAGC
					F - AACAGCCTCAGCAGCCGGTTA
5	FOX	60	50/55	190	R - CAAAGCCGTAACCGGATTGG
					F-AACATGGGGTATCAGGGAGATG
6	EBC	61	57/61	302	R - CTTCCACTGCGGCTGCCAGTT
					F - TCGGTAAAGCCGATGTTGCGG

В основі методу лежить ампліфікація специфічної ділянки ДНК мікроорганізмів роду *Escherichia coli* за рахунок багатократного повторення циклів денатурації ДНК в досліджуваній пробі, відпалу специфічних олігонуклеотидних праймерів та синтазу комплементарних ланцюгів ДНК за допомогою ферменту Taq-полімерази.

Для виділення ДНК використали набір реагентів “ДНК-сорб”, підготували лізуючий розчин і розчин для відмивання 1 (якщо розчини зберігався за температури 2–8 °C прогрівали за температури 65 °C до повного розчинення кристалів). Потім відбирали необхідну кількість пробірок, відповідно до кількості досліджуваних проб, об'ємом 1,5 мл (включаючи негативний і позитивний контроль виділення). Вносили в кожную пробірку по 300 мкл лізуючого розчину, використовуючи наконечники з аерозольним фільтром. Промаркувавши пробірки маркером, у пробірки з лізуючим розчином вносили по 100 мкл проб,

використовуючи наконечники з аерозольним фільтром. У пробірку негативного контролю виділення вносили 100 мкл НКЗ.

Проби ретельно перемішували на вортексі і прогрівали 5 хв за температури 65 °С. Центрифугували 5 с при 5 тис об/хв на мікроцентрифузі. Потім ретельно ресуспендували сорбент універсальний на вортексі. У кожен пробірочку окремим наконечником додавали по 25 мкл ресуспендованого сорбенту універсального. Перемішували на вортексі, і поміщали в штатив на 2 хвилини, ще раз перемішували і залишаємо в штативі на 5 хвилин.

Осадивши сорбент універсальний у пробірках центрифугуванням при 5 тис. об/хв протягом 30 с, видаляли надосадову рідину, використовуючи вакуумний відсмоктувач і окремий наконечник для кожної проби. Додавали в усі проби по 300 мкл розчину для відмивання 1, перемішували на вортексі до повного ресуспендування сорбенту універсального. Осаджували сорбент універсальний центрифугуванням за 5 тис об/хвилин на мікроцентрифузі протягом 30 с. Видаляли надосадову рідину, використовуючи вакуумний відсмоктувач і окремий наконечник для кожного зразка. Додавали в проби по 500 мкл розчину для відмивання 2, перемішували на вортексі до повного ресуспендування сорбенту універсального, центрифугуванням 30 с за 10 тис об/хв на мікроцентрифузі. Видаляли надосадову рідину, використовуючи вакуумний відсмоктувач і окремий наконечник для кожної проби. Повторювали процедуру відмивання, видаляючи надосадову рідину повністю.

Пробірки поміщали в термостат за температури 65 °С на 5–10 хвилин для підсушування сорбенту універсального. При цьому кришки пробірок відкриті. У пробірки додавали по 50 мкл ТЕ-буфера для елюції ДНК. Перемішували на вортексі. Розміщували в термостат за температури 65 °С на 5 хвилин, періодично струшуючи на вортексі. Центрифугували пробірки за 12 тис об/хвилину протягом 1 хвилини на мікроцентрифузі. Таким чином отримали надосадову рідину, яка містить очищену ДНК – проби готові до постановки ПЛР.

Після приготування комплектів нумерованих пробірок для проведення ампліфікації ємністю 0,5 см³, включаючи пробірки для позитивних і негативних

контролів, виймали комплект реагентів для ампліфікації з морозильника та розморожували вміст (полімераза розморозити в останню чергу перед застосуванням). Пробірки з реагентами обережно струшували на вортексі для перемішування вмісту. Готували реакційну суміш (кількість компонентів реакційної суміші вказано з розрахунку на одну пробу):

“New England BioLab Inc” (Велика Британія)

- 10X ThermoPol Reaction Buffer – 2,5 мкл
- 10 mM dNTP (mix) – 0,5 мкл;
- прямого праймера (10 пкМ/мкл) – 1 мкл;
- зворотного праймера (10 пкМ/мкл) – 1 мкл;
- Taq DNA Polymerase (5 о.о/мкл) – 0,125 мкл;
- Nuclease Free Water – 16,875 мкл;
- ДНК – 3 мкл

Загальний об'єм реакції – 25 мкл.

«ThermoFisher Scientific» (США)

- 10X DreamTaq Buffer – 2,5 мкл
- DreamTaq Green DNA Polymerase (5 U/ μ L) – 0,625 мкл;
- прямого праймера (10 пкМ/мкл) – 2 мкл;
- зворотного праймера (10 пкМ/мкл) – 2 мкл;
- dNTP Mix (2 mM, each) – 2,5 мкл;
- Nuclease Free Water – 10,375 мкл;
- ДНК – 5 мкл, загальний об'єм реакції – 25 мкл.

У пронумеровані пробірки вносили по 22 мкл реакційної суміші, струшуємо, щоб не було бульбашок повітря та додавали в усі пробірки по 1 краплі мінерального масла.

Окремими наконечниками вносили по 5 мкл зразка ДНК у відповідну пробірку з ампліфікаційною сумішшю під шар масла для проведення ампліфікації.

Для негативного контролю під шар масла вносили 5 мкл деіонізованої води. В пробірку для позитивного контрольного зразка – 5 мкл ДНК позитивного контролю. Переносили пробірки в програмний термостат (ампліфікатор) і проводили ампліфікацію за наступною програмою (табл. 3.7.):

Таблиця 3.7.

Термопрофіль полімеразної ланцюгової реакції ДНК *E.coli*

Програма Терцик				
Етап	Процес	Температура, °C	Тривалість, хв	Кількість циклів
1	Поч. денатурація ДНК	95	3 (збільшено на 1 хв)	1
2	Денатурація	95	0,5	35
	Відпал праймерів	60	0,5	
	Елонгація	72	1	
3	Завершальна елонгація	72	5	1
4	Зберігання	10 (не 4 °C)	—	—

Час ампліфікації займав приблизно 1 год 40 хв на ампліфікаторі “Терцик”. Після закінчення реакції збирали пробірки в спеціальний штатив і відправляли в приміщення для детекції продуктів ПЛР. Зразки після ампліфікації зберігали 16 год за кімнатної температури, протягом тижня за температури 2–8 °C, а тривалий час не вище мінус 16 °C. Аналіз продуктів ампліфікації проводили розділенням фрагментів ДНК в агарозному гелі.

Детекція продуктів ампліфікації методом електрофорезу в агарозному гелі: роботу з ампліфікованою ДНК проводив в окремому приміщенні співробітник лабораторії, що не проводив робіт в ЗОНІ 1 і ЗОНІ 2.

У конічну колбу ємністю 250 см³ вносили 1,5 г агарози, додавали 100 см³ робочого розчину буфера ТБЕ (x10) і ставили колбу у мікрохвильову піч. Доводили вміст колби до кипіння і після того, як агароза повністю розплавиться, виймали з

мікрохвильової печі. Отриманий розчин агарози прозорий і не вміщував окремих нерозчинених часток. Розтоплену агарозу охолоджували до 50–60 °С за кімнатної температури. Додавали 5 мкл броміду етидію.

Підготовка електрофоретичної камери до заливання агарозного гелю. Збирали платформу для заливання гелю. Встановляли гребінку на платформу. Охолоджену до температури 50 °С агарозу заливали на платформу. Товщина шару агарози 5–6 мм. Після застигання агарози (приблизно через 25–30 хв) платформу з агарозним гелем переносили у електрофоретичну камеру та заливали необхідну кількість розчину буфера ТБЕ так, щоб він покривав агарозний гель шаром товщиною 4–5 мм. Потім обережно витягували гребінку, так щоб не пошкодити при цьому лунок гелю. Після чого, у першу лунку агарозного гелю, під шар буфера ТБЕ, вносили 7 мкл маркера, а потім у відповідну лунку окремими наконечниками по 12 мкл негативного контролю (К-), позитивного контролю (К+) та ПЛР-суміші з продуктом ампліфікації так, щоб вміст одного кармана (лунки) агарозного гелю не перетікав у інший. Зазначимо, що агарозним гелем працювали в рукавичках, оскільки бромід етидію є сильним мутагеном.

Встановили кришку на камеру та підключали електрофоретичну камеру до джерела живлення, дотримуючись полярності (лунки агарозного гелю повинні бути зі сторони катоду (“-”). Електрофорез проводили у градієнті напруги протягом 50 хв в залежності від барвника. Через 20–30 хв електрофоретичну камеру відключали від джерела живлення і тільки після цього знімали кришку з електрофоретичної камери. Виймали платформу з агарозним гелем із електрофоретичної камери, давали рідині стекти з гелю і обережно поміщали агарозний гель на скло УФ-трансілюмінатора. Встановлювали захисний екран, вмикали трансілюмінатор і аналізували отримані результати. Зазначимо, що фрагменти аналізованої ДНК виявляли у вигляді світлих жовто-гарячих смужок при проходженні УФ-випромінювання з довжиною хвилі 310 нм.

Деактивація буферу та гелів. Відпрацьовані гелі і буфер з камери поміщали у відповідно марковану пластикову ємність на 5 л з кришкою, що щільно загвинчується. Додавали 1 об’єм 0,5 М розчину калію перманганату, потім 1 об’єм

2,5М соляної кислоти. Обережно перемішували і залишали за кімнатної температури на 4–6 год. Додавали 1 об'єм 2,5М натрію гідроксиду, обережно перемішували. Після цього нейтралізовані реактиви скидали зберігати в цій ємності до утилізації.

Реакцією ПЛР використали з метою ідентифікації бета-лактамази AmpC, за використання специфічних праймерів CIT, EBC, ACC, DHAM, FOX та MOX. Зазначимо, що за використання “New England BioLab Inc” праймерів до гену CITM та EBCM у ізолятів *Escherichia coli* реакція ампліфікації не відбулася, оскільки не утворилися смуги на агарозному гелі, що свідчить про негативний результат. Отримані негативні результати наведені на рис. 3.52.

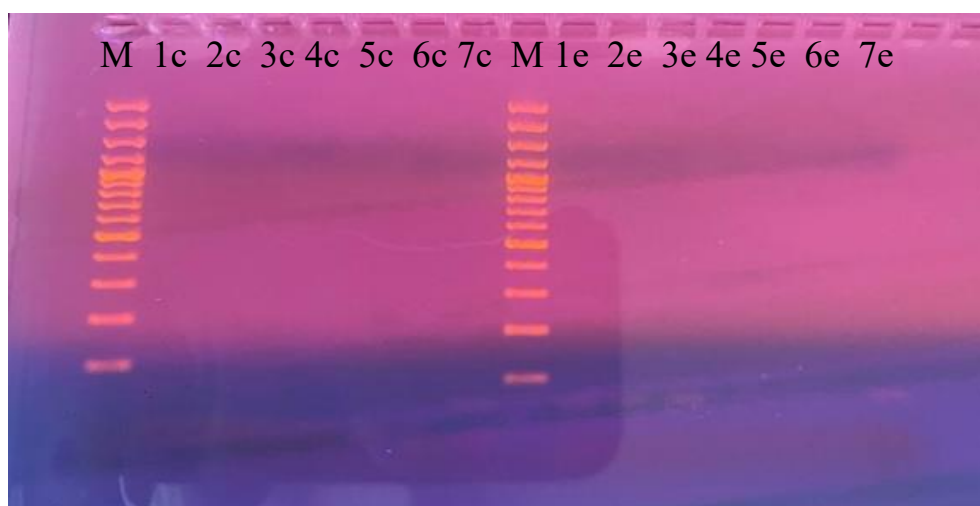


Рис.3.52. Ампліфікація з використанням “New England BioLab Inc” та праймерів до гену CIT та EBC. Реакція ампліфікації негативна

При проведенні ПЛР на виявлення генетичного матеріалу результати показали, що ДНК не була виявлена, оскільки вона відсутня і тому не вдалося виявити її ампліфікацію (розмноження) у пробах досліджених ізолятів. Зауважимо, що проведення ПЛР, із використанням праймеру CIT, націлено на гени CMY-1, CMY-7, BIL-1, LAT-1, LAT-4.

Окрім того, ПЛР, за використання праймерів компанії “ThermoFisher Scientific” до генів ACC та DHA у ізолятів *E. coli*, утворюються смуги 40 пар основ (bp) на агарозному гелі. Проте досліджувані зразки мають негативну реакцію ампліфікації, оскільки мала цільова ДНК. Використаний праймер DHA націлений на виявлення генів DHA-1 та DHA-2.

Отримані негативні результати наведені на рис. 3.53.

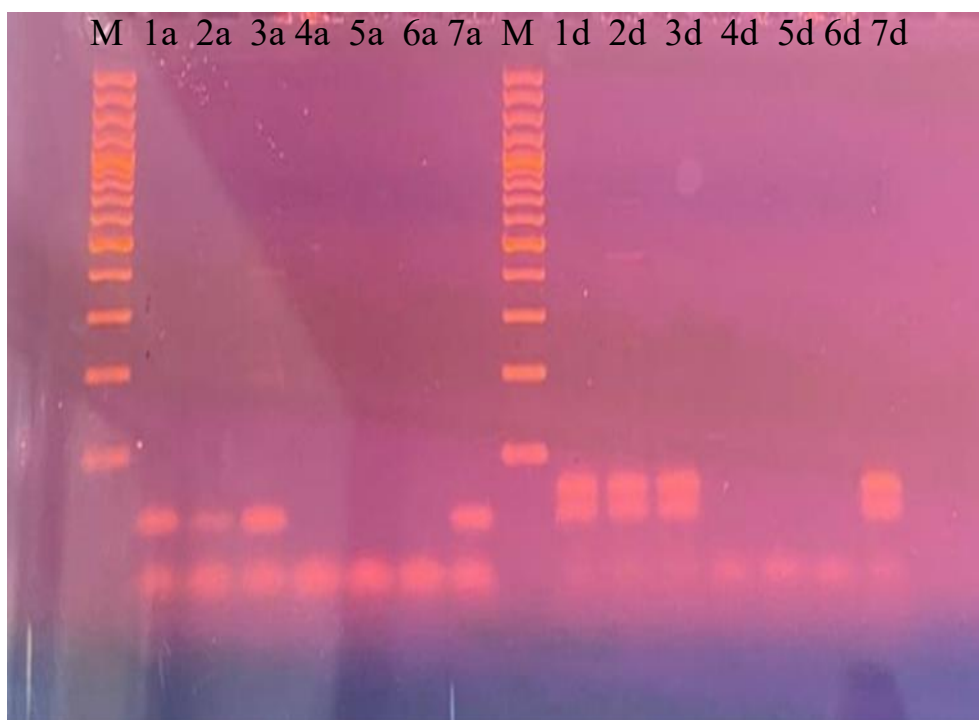


Рис. 3.53. Ампліфікація з використанням “ThermoFisher Scientific” та праймерів до гену ACC та DHA.
Реакція негативна

Слід звернути увагу, що за використання ПЛР “ThermoFisher Scientific” праймерів до гену EBC та CIT у ізолятів *Escherichia coli* реакція ампліфікації виявлено смуги в агарозному гелі, які були направлені на наявність гени MIR-1T і АСТ-1. Реакція позитивна у двох ізолятів, виділених від собак. Отримані результати наведені на рис. 3.54.

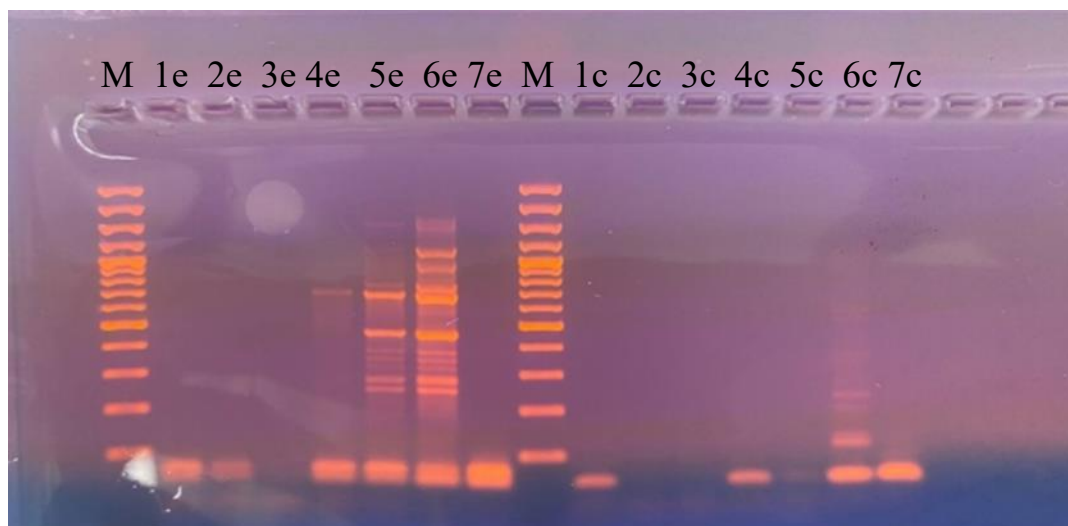


Рис. 3.54. Ампліфікація з використанням “ThermoFisher Scientific” та праймерів до гену EBC та CIT. Зразок 5e та 6e мають позитивну реакцію

Таким чином, цільова ДНК для генів EBC та CIT була успішно ампліфікована і присутня в значній кількості у двох дослідних зразках.

За використання “ThermoFisher Scientific” праймерів до гену FOX та MOX у ізолятів *Escherichia coli* реакція позитивна, але лише у двох досліджених зразків, виділених від собак. Зазначимо, що ПЛР проведена на використання праймерів MOX, націлена на виявлення генів CMY-1, CMY-8 до CMY-11/MOX-1/MOX-2. Отримані результати наведені на рис. 3.55.

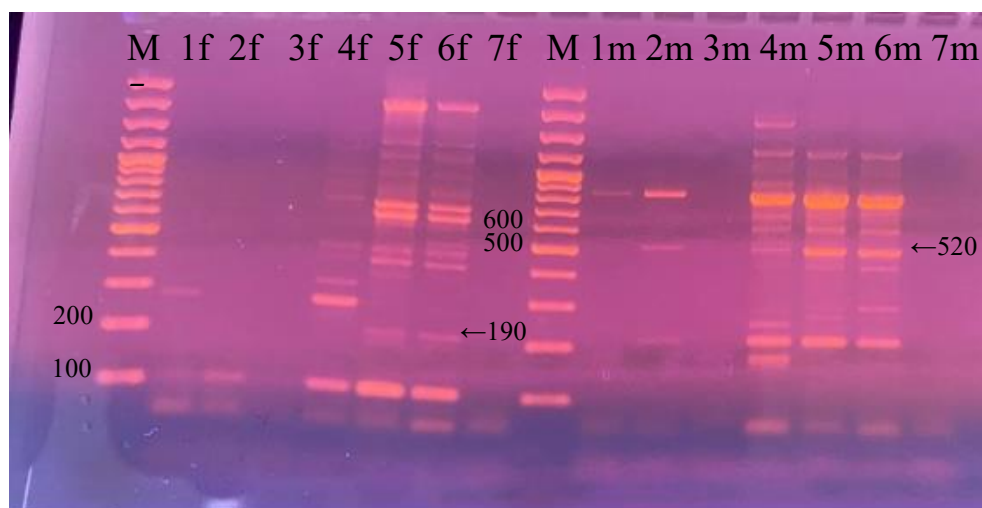


Рис. 3.55. Ампліфікація з використанням “ThermoFisher Scientific” та праймерів до гену FOX та MOX. Зразок 5m та 6m мають позитивну реакцію

Ампліфікація з використанням праймерів від фірми “ThermoFisher Scientific” для генів FOX та MOX за постановки ПЛР, дозволяє розмножити цільові фрагменти ДНК ізолятів. Зразки 5m та 6m мають позитивну реакцію, що означає, що цільова ДНК для генів FOX та MOX успішно ампліфікована і присутня в значній кількості у цих зразках, виділених від собак.

Як і в попередньому випадку, позитивна реакція свідчить про те, що ці гени були успішно виявлені у зразках 5m та 6m. Після проведення ПЛР, продукти реакції аналізувалися на агарозному гелі, де смуги ДНК відповідної довжини підтверджували наявність цих генів у пробах.

Таким чином встановлено, що за дослідження 131 клінічного ізоляту *Escherichia coli* із використанням праймерів до генів CIT та EBC від компанії “New England BioLab Inc” та праймерів до генів ACC та DHA від компанії “ThermoFisher Scientific” отримано негативні реакції ПЛР. Водночас, за використанням праймерів до генів EBC, CIT, FOX та MOX від компанії “ThermoFisher Scientific” у 2 ізолятів *Escherichia coli* отримано позитивні результати на продукування AmpC.

У зв’язку виявлення спільних патогенів між різними видами тварин (за розвитку гнійних процесів) важливим питанням постало поширення їх у продуктах харчування. Оскільки ідентифікація зоонозних мікроорганізмів, які викликають інфекцію, розуміння їх біологічних властивостей, дослідження антибіотикорезистентності (що є важливим для вибору ефективного лікування), вивчення епідеміологічного контролю (що дозволяє відстежити поширення серед тварин і запобігти їхньому передаванню людям) покращує розвиток ветеринарної медицини, для розроблення нових методів лікування та профілактики.

3.4. Порівняльна характеристика досліджених ізолятів бактерій

Дослідження поширення умовно-патогенних та патогенних мікроорганізмів у сировині та продуктах харчування протягом 2020–2024 рр. встановили наявність *Staphylococcus spp.*: у м’ясі тварин – $1,53 \pm 0,28$ %, у напівфабрикатах із м’яса сільськогосподарських тварин – $0,33 \pm 0,08$ %, у молоці – $2,80 \pm 0,8$ %, у молочних продуктів – $1,02 \pm 0,58$ %, що свідчить про невідповідність мікробіологічному

критерію та їх поширеність (зокрема, у воді – $1,73 \pm 0,97$ % та овочах – $1,20 \pm 0,58$ %). Водночас, поширеність *Escherichia coli* виявлено у молоці у 2021 році 3,03 %, у воді $1,73 \pm 0,97$ та овочах $0,50 \pm 0,35$, а бактерії роду *Proteus* – у напівфабрикатах із м'яса тварин $0,13 \pm 0,04$, молоці 3,70 % (2021 р.). Ймовірно, це може бути зумовлено ефективністю контролю за дотриманням норм утримання тварин, впливом зовнішніх факторів, зокрема наявністю спалахів інфекцій серед тварин.

Дослідженнями патогенних мікроорганізмів серед собак свідчить про їх поширення у гнійному ексудаті ран переважно: *Staphylococcus spp.* – 32,70 ($10,65 \pm 2,46$), *Streptococcus spp.* – 24,80 ($12,4 \pm 1,60$), *Escherichia coli* – 12,80, *Proteus spp.* – 3,20 % ($3,5 \pm 0,30$). У випадку гнійної піометри у сук: *Staphylococcus spp.* – 18,0 % ($9,0 \pm 2,20$); *Streptococcus spp.* – 11,20 ($12,35 \pm 1,15$); *Escherichia coli* – 16,80, *Proteus spp.* – 7,80 %. За гнійного отиту: *Staphylococcus spp.* – 37,80 % ($9,45 \pm 0,75$), *Streptococcus spp.* – 24,10 ($12,06 \pm 2,65$), *Escherichia coli* – 7,40, *Proteus spp.* – 15,70 ($7,85 \pm 0,55$); гнійних абсцесів: *Staphylococcus spp.* – 40,3 ($10,07 \pm 2,17$), *Streptococcus spp.* – 17,10 ($8,45 \pm 0,45$), *Escherichia coli* – 11,10, *Proteus spp.* – 12,20 % ($6,10 \pm 1,0$). Запальні процеси сечовивідних шляхів спричинені: *Escherichia coli*, *Streptococcus urinae*, *Pseudomonas aeruginosa* та *Staphylococcus aureus*.

Встановлено, що *Staphylococcus aureus*, виділені від собак, є резистентним до цефтріаксону (7,14 %), цефазоліну (5,36 %) та ампіциліну (5,36 %), а *Escherichia coli* – до амікацину (10,34%), амоксициліну (6,90 %), еритроміцину (3,45 %). За результатами досліджень чутливості у *Pseudomonas spp.* встановлено резистентність до: амоксициліну 7,69 %, еритроміцину 15,38, тетрацикліну 15,38, цефатоксину 3,85, цефтріаксону 11,54, ципрофлоксацину, ампіциліну (10 мкг) 7,69, норфлоксацину 23,08, нетілміцину 6,90, левофлоксацину 5,17 %.

Дослідженнями патогенних мікроорганізмів серед котів свідчить про їх поширення у гнійному ексудаті ран, зокрема: *Staphylococcus spp.* – 28,0 % ($11,97 \pm 3,11$), *Streptococcus spp.* – 6,30, *Escherichia coli* – 16,60, *Proteus spp.* – 6,30 % ($3,15 \pm 1,05$). При гнійній піометрі у кішок: *Staphylococcus spp.* – 47,70 % ($10,7 \pm 2,49$), *Streptococcus spp.* – 6,40, *Escherichia coli* – 17,90, *Proteus spp.* – 9,0 %

(4,50±0,70). У випадку розвитку гнійного отиту: *Staphylococcus spp.* – 45,80 % (15,27±4,47), *Streptococcus spp.* – 6,30, *Escherichia coli* – 23,80, *Proteus spp.* – 8,50 % (4,25±0,85). У випадку гнійних абсцесів: *Staphylococcus spp.* – 23,60 % (7,92±2,29) *Streptococcus spp.* – 3,40, *Escherichia coli* – 13,50, *Proteus spp.* – 18,20 % (9,10±0,30).

Встановлено, що *Staphylococcus aureus*, виділені від котів, є найбільш резистентними до цефатоксину (7,14 %), ципрофлоксацину (5,36 %), норфлоксацину (5,36 %), а *Escherichia coli* - амікацину (100 %), амоксициліну (69,23 %), еритроміцину (73,08 %).

Дослідженнями патогенних мікроорганізмів серед великої рогатої худоби свідчить про їх поширення при гнійному ендометриті, зокрема: *Micrococcus luteus* – 15,39 %, *Enterococcus faecalis* – 13,46, *Staphylococcus spp.* – 37,46 % (6,36±1,08), *Streptococcus spp.* – 3,85 %, *Escherichia coli* – 16,60, *Pseudomonas aeruginosa* (7,69 %), *Proteus spp.* – 6,30 %; при гнійних ранах: *Baccillus megaterium* – 17,65 %, *Acinetobacter spp.* – 17,65, – *Enterococcus faecalis* – 5,88, *Pseudomonas spp.* – 5,88, *Proteus spp.* – 5,88 %; при гнійних абсцесах: *Staphylococcus spp.* – 26,67 % (3,81±0,93), *Micrococcus luteus* – 20,0 %, *Escherichia coli* – 13,33, *Enterococcus faecalis* – 11,11 %. Встановлено, що *Staphylococcus aureus*, виділені від великої рогатої худоби, є резистентні до амоксициліну (21,43 %), еритроміцину (19,65 %), цефазоліну (14,29 %), а *Escherichia coli* - амоксициліну (8,34 %), лінкоміцину (8,33 %), та амікацину (8,33 %).

Дослідження патогенних мікроорганізмів серед оленів у гнійних ранах свідчить про поширення: *Staphylococcus spp.* – 36,85 % *Staphylococcus spp.* – 37,46 % (7,89±2,50), *Streptococcus spp.* – 7,90 %, *Escherichia coli* – 21,05, *Proteus spp.* – 5,26 %. У випадку розвитку абсцесів встановлено: *Staphylococcus spp.* – 40,90 % *Staphylococcus spp.* – 37,46 (11,63±2,54), *Streptococcus spp.* – 9,09, та *Escherichia coli* – 27,27 %.

Водночас дослідження біологічних властивостей у *Escherichia coli* виявили сповільнене зброджування маніту (1,52 %) та мальтози (1,30 %) (від котів та собак), та утворення мікрокапсули та капсули 0,60 % (від котів). У 1,89 %

ізолюваних *Staphylococcus aureus* встановлено відсутність синтезу аденозину, а у 30,0 % – пригнічення росту на поживному середовищі MacConkey.

За результатами досліджень у собак, котів та великої рогатої худоби встановлено резистентність у *Escherichia coli* та *Staphylococcus spp.* до еритроміцину, лінкоміцину, цефазоліну. Зокрема, у собак – до еритроміцину, лінкоміцину, цефазоліну, цефатоксиму, цефазоліну й ампіциліну. У котів – еритроміцину, лінкоміцину, цефазоліну, цефатоксиму і цефазоліну. У великої рогатої худоби – лінкоміцину та цефазоліну.

Таким чином отримано дані щодо поширеності зоонозних мікроорганізмів (спільних патогенів *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*) серед тварин та продуктів харчування, у порівнянні біологічних властивостей і їх резистентності до антибіотиків. Окрім того, обґрунтовано можливість практичного використання поживного середовища ГМПА та кров'яного ГМПА. Проведено дослідження ізолятів Арі-тесту у поєднанні з молекулярно-генетичними методами дослідження клінічних ізолятів бактерій.

Матеріал розділу 3 висвітлено у публікаціях [71, 113, 116, 144, 192–194].

РОЗДІЛ 4

АНАЛІЗ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕННЯ

Здоров'я людей, сільськогосподарських, диких тварин, а також рослин і довкілля взаємопов'язані. Світові антропогенні зміни є основним чинником у виникненні та поширенні збудників, а в подальшому – розвитку інфекційних захворювань. Мікроорганізми постійно еволюціонують, щоб взаємодіяти із макроорганізмами протягом свого існування. Однак, на швидкість розвитку інфекційних патологій впливають мутації, еволюція, антимікробна резистентність, міжвидова передача, забруднення води, ґрунту, низький рівень вакцинації, інтенсивне тваринництво, наявність моніторингу за зоонозними патогенами.

Відповідно до стратегії “Єдине здоров'я”, медичні та ветеринарні фахівці, забезпечують охорону здоров'я населенню, зосереджуючи увагу на вивченні особливостей патогенів, з метою попередження інфекційних захворювань. Поширення появи інфекційних хвороб залежить від багатьох взаємопов'язаних факторів, тому важливо підходити до їхнього контролю комплексно [94].

Одержані результати наших випробувань, вказують на поширення збудників *Escherichia coli*, *Proteus spp.*, *Staphylococcus spp.* серед продуктів харчування, які є небезпечними для людей [71]. Це є однією із основних причин інфекційних захворювань бактеріальної етіології на світовому рівні. Захворювання, пов'язані із харчовими отруєннями, викликані *Escherichia coli*, складають близько 70,0 % серед бактеріальних інфекцій та мають високий рівень смертності серед людей і тварин. [72].

За період дослідження нами були ідентифіковано *Escherichia coli* 2,85 %, та *Staphylococcus spp.* 0,54 % за аналізу солодоців, які полюбляють не лише дорослі а й діти. Наші результати підтверджують інші автори [72–76], які теж проводили подібний аналіз та виявили у солодошах набагато більший відсоток *Escherichia coli* (30,0 %), *Staphylococcus spp.* (47,0 %).

Дослідження м'ясної продукції проведене нами мало на меті оцінити поширеність патогенних бактерій (у свинині, яловичині, баранині, напівфабрикатах з м'яса та фаршу тваринного походження). Загалом 9053 зразків сирого м'яса було досліджено за 2020–2024 рр. Зауважимо, що за дослідження м'яса свинини (806 проб), м'яса яловичини (347), м'яса баранини (132), напівфабрикат із тваринного м'яса (2496), фаршу тваринного походження (398 проб) виявлено небезпечні зоонозні патогени: *Proteus spp.* у напівфабрикатах із м'яса 0,92 %; *Staphylococcus spp.* у м'ясі свинини 7,12 % та напівфабрикатах із м'яса 2,02 % [71].

У дослідженнях, які проводили інші фахівці [77–85] були ідентифіковані та досліджені наступні ізоляти: *Listeria monocytogenes* (9,06 %), бактерії роду *Salmonella spp.* (7,89 %), *Escherichia coli* (17,60 %). Показники виявлення *L. monocytogenes*, *Salmonella* та *Escherichia coli* у сирому м'ясі тварин становили 10,54–6,16 %. Свинина мала найвищий рівень контамінації сальмонелою та *Escherichia coli* з високим показником поширеності. Контамінація *L. monocytogenes* була помітно вищою в охолоджену і заморожену м'ясі, ніж у свіжому. Навпаки, *Salmonella* (12,09 %) і *Escherichia coli* (7,25 %) були більш поширені у свіжому м'ясі, ніж в охолоджених, або заморожених досліджених зразках [86].

Протягом досліджуваного періоду було всього проаналізовано 9785 зразків молока, серед яких у 12 випадках було виділено ізоляти *Staphylococcus spp.*, що складало 0,12 % від досліджених [71].

Результати інших [87] дослідників дещо відрізняються, оскільки вони виявляли, поширеність *Staphylococcus aureus* у молоці та молочних продуктах, що становило 28,4 %, включаючи сире молоко, пастеризоване молоко, йогурт, масло та сир. Небезпека поширення цих мікроорганізмів полягає в тому, що вони виявляються майже на кожному етапі виробничого процесу в молочній промисловості. Слід зазначити, що молочна залоза корови і шкіра дійок, обладнання можуть бути інфікованими *Staphylococcus aureus* [88]. Тим не менш, повідомляється авторами, що *Staphylococcus aureus* може бути інактивований у

пастеризованому молоці, але не ентеротоксинами які зберігають свою біологічну активність [89], викликаючи харчові отруєння і поширення [90]. Крім того, варто зазначити, що найбільшими споживачами молока та молочних продуктів є не лише новонароджені тварини, а й діти, люди похилого віку [91]. Тому слід приділяти більше уваги *Staphylococcus aureus* та виявленню його у молоці та молочних продуктах, продуктах харчування та поширенні серед тварин-компаньйонів [197].

За даними вчених [92, 93] основним резервуаром зоонозної *Escherichia coli* є м'ясо. Проте, як повідомляють науковці, збудник *Escherichia coli* часто виділяється із зразків овочів, що підтверджується нашими дослідженнями. За проведення випробувань зразків овочів на виявлення невідповідності мікробіологічним критеріям щодо *Escherichia coli* за дослідний період було досліджено 587 проб та виявлено 0,85 % позитивних результатів [71].

Це ж засвідчують інші автори [95–97], проаналізовано 874 зразків на кількісну присутність *Escherichia coli*, відібрані проби, з яких 89,50 % зразків визнано позитивними. З них 97,18 % – овочі різних видів, 98,39 % проб – води. Ці ізоляти ідентифіковані за допомогою морфологічних, біохімічних та молекулярних методів досліджень. Спостерігається влітку високий рівень позитивних зразків на наявність *Escherichia coli* 95,52 %, порівняно з 80,87 % позитивними зразками взимку. Влітку поширеність *Escherichia coli* у пробах води становить 97,30 % (n=36/37), у овочах – 97,18 % (n=379/390).

Зауважимо, що наші дослідження щодо вивчення ступеню зараження води *Escherichia coli*, співпадають із вище зазначеними даними, оскільки із випробувань 6475 зразків води ідентифіковано 109 (1,68 % від досліджених) ізолятів *Escherichia coli* [71].

За дослідження води 5935 зразків в 2020 р. було виділено збудників *Staphylococcus spp.* у 19 (0,32 % від досліджених) випадках. За випробувань у 2021 р. серед 4376 дослідних зразків було виділено 10 (0,23 %) ізолятів *Staphylococcus spp.* У 2023 р. із досліджених 1579 зразків води виділено 6 (0,38 % від досліджених) позитивних ізолятів стафілококів, що свідчить про зростання забрудненості [71]. Зокрема, інші автори зазначають, що поширеність

Staphylococcus spp. у воді становить 3,40 %. Концентрації *Staphylococcus spp.* коливається від 1 до 3 КУО [100–104].

Дослідження овочів на невідповідність мікробіологічним критеріям щодо *Staphylococcus spp.* виконували у 2020–2024 рр. Серед 141 дослідного зразка овочів виділено збудника стафілококу в 1 (0,71% серед досліджуваних) випадку; у 2021 р. – серед 101 дослідного зразка виділено *Staphylococcus spp.* у 3 (2,97), але зафіксовано тенденцію до зростання контамінації овочів означеними бактеріями [71]. Це підтверджують й інші автори [98, 99, 104–108], що проводили дослідження овочів. Також дослідники вказують, що ідентифіковано *Staphylococcus spp.* в 37,60 % (129/343) досліджених салатів, із максимальним рівнем виявлення 60,0 % (21/35).

За повідомленнями науковців забруднення харчових продуктів, спричинене патогенними та умовно-патогенними бактеріями, зокрема *Proteus spp.*, були основними причинами харчових токсикоінфекцій, що призвели до смертності людей і тварин та стали серйозною загрозою безпеки людства [109]. Як зазначають науковці, бактерії роду *Proteus* є досить поширеними у природному середовищі та кишечнику людей і тварин. Тому, контамінація *Proteus spp.* сировини та продукції тваринного походження стає важливою проблемою для здоров'я людей та тварин. За результатами досліджень вчених [110] *Proteus spp.* виділяється із зразків м'яса свинини у 14,18 % випадків, курятини – 54,39 % та води – 7,61 % випадків.

За результатами наших досліджень ізоляти *Proteus spp.* виділено лише із напівфабрикатів м'яса свинини, в той час за дослідження зразків м'яса яловичини, баранини, фаршу птиці, фаршу м'ясного названого збудника не виявляли.

На даний час безпечність харчових продуктів має бути обов'язковою вимогою до продукції, яка доступна для споживання людини. Безпечні харчові продукти вважається якщо вони не завдають шкоди здоров'ю споживачів. Хвороби спричинені через неякісні продукти харчування вважаються серйозною проблемою охорони здоров'я у всьому світі через їх захворюваність, смертність і негативні наслідки для економічного та виробничого секторів.

Проте, окрім продуктів харчування високий ризик інфікуватися патогенними бактеріями людина має за контакту з тваринами. За даними літературних джерел, здебільшого інфекційні захворювання тварин нині займають значну частку від усієї кількості захворювань [183]. В Україні, як і в усьому світі, поширена значна кількість резистентних мікроорганізмів до антибіотиків та антибактеріальних препаратів, які викликають інфекційні захворювання бактеріального походження й призводять до значних економічних витрат.

Літературні джерела свідчать [111, 112], що при дослідженні інфекційних патологій у собак виділяється *Malossezia pachydermatis*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*. Але нашими дослідженнями встановлено, що від собак, за дослідження різних форм прояву гнійних інфекцій (піометра, гнійні отити, абсцеси, гнійні рани), найбільш поширені ізоляти: *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus faecalis*, *Streptococcus canis* [113].

За дослідження інфекційних патологій у котів нами ідентифіковано такі ізоляти: *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus uberis* [113].

За даними літературних джерелами [183–185] при розвитку піометри у самок тварин часто виділяється мікроорганізм такий як *Escherichia coli*, що підтверджується результатами наших досліджень. Ймовірно, це пов'язано з значним поширенням цього бактеріального організму в навколишньому середовищі.

Дослідники [114, 115] зазначають, що найпоширеніший ізолят – *Escherichia coli* серед досліджених котів з інфекційними патологіями. Оскільки 165 (41,30 %) котів (n=400) є носіями *Escherichia coli*, у тому числі 59 (28,20 %) здорових і 106 (55,50 %) хворих. Загалом у здорових (35,30 %) і хворих (64,70 %) котів виявлено 170 ізолятів кишкової палички. Не виявлено суттєвих відмінностей у розподілі ізолятів *Escherichia coli* між здоровими та хворими котами ($p>0,33$). Наявність *Escherichia coli* може бути результатом фекального забруднення.

За дослідження біологічного матеріалу відібраного від великої рогатої худоби за розвитку ендометритів, гнійних ран та абсцесів ідентифіковано ізоляти:

Micrococcus luteus та *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus spp.*, та *Micrococcus luteus*, *Bacillus megaterium*, *Acinetobacter spp.* [116, 194]. Автори [117, 118] зазначають, що у великої рогатої худоби, за різних інфекційних патологій, поширений *Staphylococcus aureus*, але при дослідженні маститного молока виділяються *Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus aureus*. Проведені нами мікробіологічні дослідження маститного молока свідчать, що найпоширенішими ізолятами є: *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* та *Staphylococcus epidermitis*.

За проведення мікробіологічних досліджень встановлено, що з біологічного матеріалу відібраного від оленів ізолювано: *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus spp.*, *Micrococcus luteus*, *Streptococcus spp.* [116]. Інші автори [119–124] встановили що потенційно-патогенними бактеріями у оленів є: *Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes* і *Enterococcus faecium*. Ці результати підкреслюють важливість отриманих даних для ефективного управління популяцією оленів і підтверджують поширення зоонозних патогенів, наголошуючи на необхідності застосування підходу “Єдиного здоров’я” постійного спостереження за динамікою популяції цього виду мисливських тварин.

Таким чином, за нашими даними серед тварин-компаньйонів, великої рогатої худоби та оленів є поширені різні зоонозні мікроорганізми, але спільними патогенами для всіх є *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus spp.*, *Micrococcus luteus*, *Streptococcus spp.* Дослідження яких має важливе значення для ідентифікації та відстеженні поширеності патогенних ізолятів, серед тварин, людей, а також для контролю та запобігання поширеності у навколишньому середовищі [125].

Застосування сучасних методів ідентифікації, зокрема системи Арі-тесту, в якості референсного методу ідентифікації, підтверджує [126] застосування у дослідженнях новітніх систем світового рівня. Недоліки даної системи: може не виявляти нові, або нетипові варіанти патогенних мікроорганізмів, можливі хибнопозитивні або хибнонегативні результати через мутації, або відсутність деяких маркерів генів [126]. Таким чином, хоча Арі-тест система є корисним

інструментом у мікробіологічній діагностиці, її варто застосовувати разом з іншими методами для підвищення точності діагнозу, що було використано у нашій роботі.

Виявлення кишкової палички в навколишньому середовищі, або в клінічних зразках є важливим показником дослідження, через велику поширеність цього виду бактерій у навколишньому середовищі. Як загальновідомо, штами цих бактерій можуть бути коменсальними та патогенними, спричиняючи численні інфекції клінічного значення, включаючи інфекції травної системи, сечовивідної, дихальної та навіть мозкових оболонок, особливо небезпечні для новонароджених. Розроблений мультиплексний тест полімеразно-ланцюгової реакції підтверджує наявність кишкової палички в зразках, може використовуватися в лабораторіях. Тест надає нові можливості для швидкого та дешевого аналізу, виявляючи кишкову паличку за допомогою лише трьох пар праймерів (аналіз наявності трьох генів), відповідальних за метаболізм та відрізняючи її від інших патогенів родини *Enterobacteriaceae* [129–131].

Молекулярно-генетичні дослідження ізолятів *Escherichia coli*, включали аналіз генетичних маркерів, що було підтверджено наявністю у двох ізолятів від собак генів резистентності шляхом постановки ПЛР та використання праймерів: CIT, MOX, DNA, ACC, FOX, EBC. Це пояснюється тим, що різні ізоляти можуть змінювати свої ферментативні властивості під час лікування, дії зовнішнього середовища, в т.ч. антибіотиків. Автори [127, 128] зазначають, що заключний діагноз із постановки ПЛР потрібно ще підтвердити мікробіологічним дослідженням, що й було виконано нами.

Антибіотики широко використовуються для лікування бактеріальних захворювань людей і тварин, але надмірне їх використання викликає проблеми забруднення та розвиток антибіотикорезистентності. Глобальне споживання антибіотиків у тваринництві оцінюється у понад 63 тисячі тон у 2010 році та, за прогнозами, зросте до 105 тисяч тон до 2030 року [132]. У 2010-х роках країнами з найбільшою часткою світового споживання протимікробних препаратів у тваринництві були Китай (23,0 %, за вагою), Сполучені Штати Америки (США,

13,0 %), Бразилія (9,0 %), Індія (3,0 %) та Німеччина (3,0 %). Прогнози показують, що до 2030 року основними країнами, які споживають антибіотики, повинні бути Китай (30,0 %), Сполучені Штати (10,0 %), Бразилія (8,0 %), Індія (4,0 %) та Мексика (2,0 %) [133, 191].

За дослідженнями авторів (Alonso L. L., Demetrio P. M., Carneiro R. B., Gonzalez-Gil L. N.) в споживання антибактеріальних препаратів у 2020 році, порівняно з 2019 роком, зросло на 50,50 %. У найбільшому споживанні відмічено антибіотики: β -лактами 66,10 %; фторхінолони 19,20 %; макроліди 14,70 %. Аналіз вказує, що найчастіше вживаними антибіотиками є: азитроміцин (65,40 %), цефоперазон; (47,60 %), цефіпім (42,30 %), піперацилін натрію, тазобактам натрію (27,50 %), меропенем (15,20 %). З'ясовано, що 79,10 % фармацевтів вважають за необхідне посилити контроль за призначенням антибіотиків сімейними лікарями [134–137].

Дослідження чутливості у виділених ізолятів, проведене нами підтверджують на зростання стійкості до антибіотиків різних груп, що підтверджується даними інших науковців [138–143].

Бактеріальні інфекції викликані *Escherichia coli* є найпоширенішими. Стійкість цієї групи бактерій до антибіотиків швидко зростає, що змушує лікарів вагатися при виборі антибіотиків для лікування. Автори [177] зазначають, що до групи антибіотиків фторхінолонів (в Японії та Австралії) сприйнятливі ізоляти *Escherichia coli*, що становлять приблизно 90,0 %, а у США їх кількість коливалася від 70,0 до 88,0 %, у Китаї – до 84,0 %. Країни Середньої та Північної Європи продемонстрували сприйнятливість до фторхінолонів у 80,0 % [178, 179], тоді як інші європейські та деякі середземноморські регіони мають чутливість патогенів в середньому 60,0 %. Виходячи з наших досліджень, *Escherichia coli* проявила стійкість до ципрофлоксацину (10,49 %), норфлоксацину (10,49 %) та левофлоксацину (6,25 %).

Одержані результати за дослідження антибіотикочутливості у ізолятів *Escherichia coli*, виділених від собак із біологічного матеріалу при різних інфекційних патологіях, свідчать про резистентність до амоксициліну,

цефотоксину та цефтріаксону [144]. Що не підтверджується іншими дослідниками, які навпаки стверджують, що *Escherichia coli*, проявляє зниження стійкості до амікацину та марбофлоксацину [145,146].

За дослідження ізолятів *Staphylococcus aureus* виділених від собак, встановлено резистентність до: еритроміцину та лінкоміцину [144]. А дослідженнями інших вчених наводяться дані, що ізоляти *Staphylococcus aureus* стійкі до цефокситину [147–149]. За даними авторів [180, 181] стійкість *Staphylococcus aureus* до метициліну опосередковується геном, який поширюється через горизонтальну передачу генів мобільного генетичного елемента, та набуває поширеності у світі. За результатами наших досліджень ізоляти *Staphylococcus aureus* теж проявляють стійкість до антибіотиків групи пеніцилінів [196].

Показники резистентності до метициліну серед клінічних ізолятів *Staphylococcus aureus* значно відрізняються між країнами: від 9,0 % у скандинавських країнах [150] до понад 50,0 % у таких країнах, як США та Китай [151, 152]. Нозокоміальні інфекції MRSA знижуються в Сполучених Штатах, Європі, Китаї та багатьох інших країнах. Можливо, ці процеси відбуваються через посилення заходів контролю та гігієни, але відмітимо, що вони все ще зростають у менш розвинених країнах [153].

В наших дослідженнях ізоляти *Staphylococcus epidermidis* виділених від собак був стійкий до: ципрофлоксацину, амоксициліну та тетрацикліну [144]. Тоді як автори виявили стійкість ізолятів до: цефокситину, еритроміцину (38,30 %), гентаміцину (16,70 %), рифампіну (16,70 %), кліндаміцину (15,0 %) та ципрофлоксацину (8,30 %) [154–156].

Значне занепокоєння також викликає *Pseudomonas aeruginosa*, так як лікування інфекцій, викликаних даним мікроорганізмом, стало серйозною проблемою через здатність її протистояти багатьом наявним на даний час антибіотикам. Ідентифіковані нами ізоляти *Pseudomonas aeruginosa* були резистентними до ципрофлоксацину, норфлоксацину, цефатоксину [144].

Більшість ізолятів досліджених іншими дослідниками [157–160] резистентні до лінкоміцину (98,0 %), пеніциліну-G (96,0 %), орбіфлоксацину

(90,0 %), триметоприму-сульфаметоксазолу (90,0 %) і доксицикліну (87,0 %). Низька частка ізолятів є стійкою до іміпенему (6,0 %), тобраміцину (12,0 %), амікацину (16,0 %) та гентаміцину (18,0 %). За даними інших авторів [161–163] значна частка ізолятів *P. aeruginosa* стійка до амоксициліну-клавуланової кислоти (99,0 %), тилозину (99,0 %), хлорамфеніколу (97,0 %) і доксицикліну (96,0 %). Кілька ізолятів *Pseudomonas aeruginosa* (6,0 %) є стійкими до іміпенему.

Всесвітня організація охорони здоров'я (ВООЗ) проводить моніторинг чутливості до карбапенему у різних видів бактерій, для яких існує потреба в розробці нових антибіотиків для лікування інфекцій, в тому числі і для *Pseudomonas aeruginosa* [182]. Крім того, надмірне застосування антибіотиків під час лікування прискорює розвиток мультирезистентних штамів *Pseudomonas aeruginosa*, що призводить до неефективності емпіричної антибіотикотерапії проти цього мікроорганізму. Зазначимо, що під час наших досліджень стійких штамів *Pseudomonas aeruginosa* до карбапенему не виявлено [200].

Таким чином, антибіотикорезистентність серед виділених ізолятів від собак зростає і це є серйозною проблемою у ветеринарній медицині і не тільки, так як можлива передача стійких бактерій до людини.

Виділені нами ізоляти *Staphylococcus aureus* від котів проявили стійкість до: амоксициліну, тетрацикліну, лінкоміцину та гентаміцину [144]. Інші вчені виявили абсолютно стійкі ізоляти *Staphylococcus aureus* до амоксициліну, ампіциліну, цефіксиму, еритроміцину та іміпенему [164, 165]. Отримані результати свідчать про мультирезистентність патогенних ізолятів *Staphylococcus aureus* у котів, що вказує на великий ризик для здоров'я як людей, так і інших тварин. Таким чином, для пом'якшення глобального поширення зоонозних штамів, стійких до антибіотиків, необхідний цілісний та інтегрований підхід у концепції “Єдиного здоров'я” між ветеринарними та медичними фахівцями [167].

Виділені нами ізоляти *Staphylococcus epidermidis* від котів проявили стійкість до: еритроміцину, амоксициліну, тетрацикліну та амікацину були резистентні [144]. За результатами інших дослідників [167–169] *Staphylococcus epidermidis* виявився резистентним до ампіциліну, цефалоспоринової кислоти,

енрофлоксацину, гентаміцину, тетрацикліну та триметоприму-сульфонамідів [144].

Ізоляти *Escherichia coli* виділені від котів, за результатами інших дослідників мали найвищий рівень резистентності до цефалексину (68,90 %), за ним йдуть ампіцилін (38,30 %), тетрациклін (23,10 %) і цефазолін (18,70 %) [170–173].

Можливість резистентності до антибіотиків у кишкової палички дозволяє передавати їх від тварин-компаньйонів, таких як собаки та коти, до людей, прямо чи опосередковано, оскільки вони перебувають у тому самому середовищі, що й люди, залишаються в безпосередній близькості, а також піддаються дії антибіотиків у терапевтичних цілях, які зазвичай використовуються для людей. Стійкість *Escherichia coli* до антимікробних препаратів часто демонструється у тварин-компаньйонів у всьому світі [174, 198, 199].

Поява мультирезистентних бактерій у тварин-компаньйонів викликає все більше занепокоєння, оскільки це звужує потенційне використання антимікробних препаратів для лікування інфекцій. Резистентність до антимікробних препаратів постійно змінюється, тому актуальним та необхідним є проведення досліджень, щодо контролю AMR, з метою отримання даних для прийняття терапевтичних рішень і розробки сучасних стратегій контролю. Загалом варіації резистентності ускладнюють емпіричний вибір протимікробних засобів і тому підвищують потребу в культивуванні та тестуванні на чутливість. У зв'язку з цим завжди існує питання генів стійких до антибактеріальних препаратів, їх поширення між різними видами тварин [175, 176]. Формування антибіотикорезистентності зумовлене генетичними властивостями мікроорганізмів, внаслідок набуття ними нової генетичної інформації, або завдяки зміні рівня експресії власних генів бактеріальної клітини. Важливим фактором боротьби з поширенням антибіотикорезистентності є фармакодинамічне обґрунтування застосування антибактеріальних препаратів та використання їх для конкретних мікроорганізмів.

Таким чином, доведено розповсюдження збудників (через тварин, сировину і продукцію тваринного походження), що підвищує можливість інфікування людей

резистентними до антибіотиків мікроорганізмами. Надійний метод виявлення та діагностики бактеріальних патогенів дає змогу їх ідентифікувати та протидіяти поширенню. Контроль зоонозних збудників, які можуть передаватися від тварин до людей і навпаки, є найбільш ефективним та економічним способом захисту людей.

Отже, з метою захисту громадського здоров'я необхідно впроваджувати та дотримуватися глобальних стратегій запобігання та боротьби з патогенними мікроорганізмами. Існують документи, які контролюють та рекомендують щодо визначення чутливості мікроорганізмів до антибіотиків, зокрема – методичні рекомендації європейської організації EUCAST, дані та матеріал яких періодично (щорічно) оновлюється. Ці документи розробляються в основному для використання в клінічних лабораторіях, які не охоплюють технічні процедури ідентифікації механізмів резистентності на молекулярному рівні. Однак, значна частина наведених даних, досліджень по визначенню чутливості мікроорганізмів до антибіотиків, виконується у національних референс-лабораторіях. Існує зміна чутливості мікрофлори до антибіотиків, яку не охоплює скринінг мультирезистентних мікроорганізмів, або прямого виявлення резистентності в клінічних зразках. Тому вивчення проблеми залишається актуальним та доцільним.

З метою зниження резистентності та зменшення поширення антибіотикорезистентних збудників захворювань, людство зобов'язане вживати низку заходів із використанням перевірених, надійних стратегій, передових технологій дослідження [186, 187, 194, 201, 202] та розробляти нові шляхи зниження поширення зоонозних патогенів.

ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі проведено аналіз дослідженого біологічного матеріалу від тварин різних видів (собак, котів, великої рогатої худоби, оленів) за розвитку гнійних процесів різної етіології із порівнянням результатів мікробіологічного контролю (моніторингу) у продуктах харчування, сировині тваринного походження. Отримано дані щодо поширеності патогенних мікроорганізмів (спільних патогенів *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*) серед тварин, у порівнянні їх біологічних властивостей та чутливості до антибіотиків. Обґрунтовано можливість практичного використання поживного середовища ГМПА та кров'яного ГМПА, Арі-тесту у поєднанні з молекулярно-генетичними методами дослідження клінічних ізолятів бактерій.

1. За вивчення поширення мікроорганізмів, за період 2020–2024 рр., встановлено наявність патогенних бактерій *Staphylococcus spp.*, *Escherichia coli* та *Proteus spp.* у сировині та продукції тваринного походження. Зокрема, найбільшу кількість виділених проб виявлено на наявність *Staphylococcus spp.* (із м'яса свинини у 2020, 2022 і 2023 рр.), *Escherichia coli* (із води у 2023 і 2020 рр.), *Proteus spp.* (напівфабрикатів із м'яса у 2021 і 2023 рр.).

2. Моніторинг показав широкий спектр збудників ранової інфекції у собак, що включає: *Staphylococcus spp.* – 15,20 %, *Staphylococcus pseudintermedius* – 14,0 %, *Streptococcus spp.* – 14,0 %, *Escherichia coli* – 12,80 %, *Streptococcus canis* – 10,80 %, *Staphylococcus intermedius* – 8,90 %, *Enterobacter spp.* – 5,10 %, *Pseudomonas spp.* – 4,50 %, *Proteus mirabilis* – 3,80 %, *Proteus spp.* – 3,20 % та *Klebsiella spp.* – 3,20 %.

3. Протягом дослідного періоду, найпоширенішими запальними захворюваннями у собак є піометра (20,20 %), абсцеси (22,50 %) та гнійні отити (21,60 %). Зокрема, піометру спричиняють збудники: *Escherichia coli* (16,8 %), *Streptococcus spp.* (13,50 %), *Staphylococcus spp.* (11,20 %), *Streptococcus canis* (11,20 %) та *Pseudomonas spp.* (10,10 %); абсцес: *Staphylococcus epidermidis* (16,10 %), *Escherichia coli* (11,10 %) та *Staphylococcus spp.* (10,10 %); гнійні отити:

Streptococcus spp. – (14,70 %); *Staphylococcus spp.* – (11,60 %); *Klebsiella spp.* – (9,40 %); *Staphylococcus intermedius* – (9,40 %); *Streptococcus canis* – (9,40 %); *Proteus spp.* – (8,40 %); *Staphylococcus pseudintermedius* – (8,40 %); *Staphylococcus epidermidis* – (8,40 %); *Escherichia coli* – (7,40 %); *Proteus mirabilis* – (7,30 %); *Enterobacter spp.* – (5,20 %).

4. Вивчення виділених ізолятів від котів встановило, що найпоширенішими збудниками піометри, абсцесів, гнійних ран та отиту є: *Escherichia coli* (13,50–23,80 %), *Staphylococcus epidermidis* (12,80–20,50 %) та *Staphylococcus aureus* (10,80–20,50 %).

5. За результатами досліджень гнійного ексудату від корів з ендометритом, виділено ізоляти: *Micrococcus luteus* – 15,39 % та *Enterococcus faecalis* – 13,46 %, дещо менший відсоток становлять *Staphylococcus aureus* та *Staphylococcus chromogenes* – по 9,61 %, *Pseudomonas aeruginosa* – 7,69 %, *Staphylococcus haemolyticus* – 5,77 %, та *Staphylococcus gallinarum* – 5,77 %, *Staphylococcus simulans*, *Staphylococcus equorum*, *Streptococcus spp.* та *Pseudomonas spp.* – по 3,85 %.

6. Під час мікробіологічних досліджень гнійного ексудату з ран та абсцесів у великої рогатої худоби встановлено поширеність збудників: *Staphylococcus spp.*, *Micrococcus luteus*, *Bac. megaterium* та *Acinetobacter spp.* За розвитку абсцесів у великої рогатої худоби найбільш поширені збудники: *Micrococcus luteus* – 20,0 %, *Escherichia coli* – 13,33 %, *Enterococcus faecalis* – 11,11 % та *Staphylococcus epidermidis*, *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus intermedius*, *Staphylococcus aureus* і *Streptococcus spp.* – по 8,89 %, за гнійних ран: *Micrococcus luteus* – 15,79 %, *Streptococcus spp.* та *Staphylococcus epidermidis* – по 15,79 %, *Staphylococcus spp.* – 10,53 %, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus subtilis* і *Proteus spp.* – по 7,89 %.

7. За розвитку гнійних ран у оленів встановлено поширення мікроорганізмів: *Staphylococcus spp.* – 36,85 % *Staphylococcus spp.* – 37,46 % (7,89±2,50), *Streptococcus spp.* – 7,90 %, *Escherichia coli* – 21,05, *Proteus spp.* – 5,26 %; абсцесів: *Staphylococcus spp.* – 40,90 % *Staphylococcus spp.* – 37,46 (11,63±2,54), *Streptococcus spp.* – 9,09 та *Escherichia coli* – 27,27 %. за абсцесів у оленів, найбільше виділено

Staphylococcus epidermidis 33,33 %, *Staphylococcus spp.* 16,67, *Micrococcus luteus* – 16,67, *Streptococcus spp.* – 16,67 %.

8. За результатами досліджень чутливості ізолятів *Staphylococcus aureus* до антибіотиків, виділених від собак, встановлено резистентність до цефтріаксону (7,14 %), цефазоліну (5,36 %) та ампіциліну (5,36 %). У *E. coli* виявлено резистентність до антибіотиків: лінкоміцину (10,34 %), цефтріаксону (10,34 %), амікацину (10,34 %), амоксициліну (6,90 %), цефазоліну (1,72 %) та тетрацикліну (8,62 %), зокрема найвища стійкість встановлена до амікацину, амоксициліну та еритроміцину ($p < 0,001$), порівняно з цефтріаксоном та цефатоксином.

9. Дослідження чутливості ізолятів *Staphylococcus aureus* до антибіотиків, виділених від котів, виявили резистентність до амоксициліну (16,67 %), тетрацикліну (9,10 %) та цефтріаксону (9,10 %). Виділені ізоляти чутливі до амоксициліну (36,36 %), еритроміцину (48,48 %), цефазоліну (63,64 %), тетрацикліну (57,57 %), лінкоміцину (69,70 %), цефтріаксону (54,55 %), цефатоксину (66,67 %), ципрофлоксацину (69,70 %), амікацину (59,09 %), ампіциліну (69,70 %), левофлоксацину (96,97 %), норфлоксацину (84,85 %), гентаміцину (93,93 %). Зокрема, резистентність до еритроміцину, цефазоліну та ампіциліну вірогідно ($p < 0,001$) вища, у порівнянні з гентаміцином, лінкоміцином та тетрацикліном.

10. За дослідження ізолятів *Escherichia coli* виділених від собак, із використанням праймерів до генів EBC, CIT, FOX та MOX, встановлено позитивні результати, що підтверджує наявність у 2 представників бета-лактамази AmpC і свідчить про актуальність проблеми поширеності резистентних збудників серед пацієнтів ветеринарної медицини та необхідність проведених досліджень.

11. Аналіз проведених досліджень дає підстави стверджувати про поширеність зоонозних антибіотикорезистентних бактерій (зокрема *Escherichia coli* та бактерій роду *Staphylococcus*) у продуктах харчування, сировині тваринного походження та серед тварин (собак, котів, великої рогатої худоби) і сприяє зменшенню їх поширенню, що є метою досягнення оптимальних результатів у межах концепції “Єдиного здоров’я”.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. З метою діагностики зоонозних патогенів серед тварин різних видів рекомендуємо використовувати навчальні, науково-практичні рекомендації для студентів, практикуючих лікарів ветеринарної медицини, науково-педагогічним працівників, слухачів післядипломної освіти та аспірантів вищих навчальних закладів:

1.1 Рубленко І.О., **Чемеровська І.О.**, Рубленко С.В. Мікробіологічний пейзаж ексудату різних видів тварин за гнійно-запальних процесів. Науково-практичні рекомендації для студентів, практикуючих лікарів ветеринарної медицини, науково-педагогічним працівників, слухачів післядипломної освіти та аспірантів вищих навчальних закладів зі спеціальності 211 – “Ветеринарна медицина”. Біла Церква, 2025. 22 с. *(Десертантка брала участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні розділів).*

1.2 Рубленко І.О., Зоценко В.М., Тарануха С.І., Островський Д.М., **Чемеровська І.О.** Загальна мікробіологія. Методичні рекомендації для студентів факультету ветеринарної медицини. Біла Церква, 2023, 70 с. *(Десертантка брала участь у підготовці та написанні розділу “Живильні середовища для культивування мікроорганізмів”).*

2. Результати експериментальних досліджень доцільно використовувати в навчальних програмах під час вивчення дисциплін: “Ветеринарна мікробіологія та імунологія”, “Харчова мікробіологія”, “Клінічна мікробіологія”, “Зоонози та концепція Єдиного здоров’я”, “Водна мікробіологія” на факультетах ветеринарної медицини та екологічному вищих навчальних закладів.

3. З метою вдосконалення лабораторної діагностики інфекційних захворювань у тварин різних видів з біологічного матеріалу, їх ідентифікації та поширення, пропонуємо використовувати навчальний підручник:

3.1. Ветеринарна мікробіологія. Підручник із спеціальної мікробіології. Рубленко І.О., Зоценко В.М., Островський Д.М., Тарануха С.І., **Чемеровська І.О.**, Болібрух М.О., Мусієць В.В., Чечет О.М., Горбатюк О.І. Біла Церква 2024. Біла

Церква, 2024, с. 200. https://rep.btsau.edu.ua/bitstream/BNAU/11923/1/spec_micr.pdf
(Десертантка брала участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні розділів).

4. За результатами досліджень рекомендуємо зменшити призначення антибіотиків для собак, котів та великої рогатої худоби: еритроміцин, лінкоміцин, цефазолін (оскільки найпоширеніші бактерії – *Escherichia coli*, *Staphylococcus spp.* не чутливі до цих антибіотиків). Для собак - еритроміцин, лінкоміцин, цефазолін, цефатоксим, цефазолін, ампіцилін. Для котів – еритроміцин, лінкоміцин, цефазолін, цефатоксим, цефазолін. Для великої рогатої худоби – лінкоміцин, цефазолін.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Сахнюк В. В., Тирсін Р. В., Рубленко М. В., Рубленко І. О. Стандартні операційні процедури (СОП) із біобезпеки. Протокол із засідання вченої ради ФВМ БНАУ від 28 серпня 2019. С. 122. https://btsau.edu.ua/sites/default/files/news/pdf/norm_doc_pechat/sop_iz_biobezpeki.pdf.
3. Roy S. B., Ahmed M. U., Uddin B. M., Ratan Z. A., Rajawat M. J., Mehta V. V., Zaman S. B. Evaluation of antibiotic susceptibility in wound infections: A pilot study from Bangladesh. *F1000Research*. 2017. Vol. 6, № 21. P. 32–41. [DOI:10.12688/f1000research.12887.1](https://doi.org/10.12688/f1000research.12887.1).
4. Боровик І. В. Аналіз антибіотикорезистентності збудників бактеріальних захворювань тварин у Дніпропетровській області. Науково-технічний бюлетень НДЦ біобезпеки та екологічного контролю ресурсів АПК 2016. № 3. С. 49–53. www.irbis-nbuv.gov.ua/cgi-bin/irbis_nbuv/cgiirbis_64.exe?I21DBN=LINK&P21DBN=UJRN&Z21ID=&S21REF=10&S21CNR=20&S21ST0.
5. Салманов А. О. Боротьба з антимікробною резистентністю: план дій України. Інфекційний контроль. 2019. № 11. e.med-info.net.ua/praktika-upravlinnya-medichnim-zakladom-2019-11/borotba-z-antimikrobnuyu rezistentnistyu-plan-diy.
6. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union One Health 2021 Zoonoses Report. *EFSA J*. 2022. Vol. 20, № 12. P. 175–177. [DOI:10.2903/j.efsa.2023.8442](https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442).
7. Rola J. G., Czubkowska A., T., Osek J. D. Occurrence of *Staphylococcus aureus* on farms with small scale production of raw milk cheeses in poland. *Toxins*. 2016. Vol. 8, № 3. P. 62. [DOI:10.3390/toxins8030062](https://doi.org/10.3390/toxins8030062).
8. Jørgensen H. L., Mørk T. S., Caugant D. V. Genetic variation among *Staphylococcus aureus* strains from Norwegian bulk milk. *Appl. Environ. Microbiol.* 2017. Vol. 71, № 12. P. 8352–8361. DOI:10.1128/AEM.71.12.8352-8361.

9. Vasileiou N. H., Natalia G. C., Vasileiou D., C., Angeliki I. K., Vasia S. M., Efthimia P. C. Role of *staphylococci* in mastitis in sheep. *The Journal of dairy research*. 2019. Vol. 86, № 3, P. 254–266. DOI:[10.1017/S0022029919000591](https://doi.org/10.1017/S0022029919000591).

10. Vasileiou N. K. Slime-producing staphylococci as causal agents of subclinical mastitis in sheep. *Veterinary microbiology*. 2018. Vol. 88, № 224, P. 93–99. DOI:[10.1016/j.vetmic.2018.08.022](https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.08.022).

11. Srednik M. O., Crespi E. F., Testorelli M. R., Puigdevall T. D., Pereyra A. A., Rumi M. N., Caggiano N. L., Gulone L. T., Mollerach M. V., Gentilini E. K. First isolation of a methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from bovine mastitis in Argentina. *Veterinary and Animal Science*. 2017 Vol. 7. № 25, P. 45–48. DOI:[10.4142/jvs.21062](https://doi.org/10.4142/jvs.21062).

12. Pumipuntu, N. P., Witawat T. G., Narisa C. H., Pornphan D. K. *Staphylococcus spp.* associated with subclinical bovine mastitis in central and northeast provinces of Thailand. *PeerJ*. 2019. Vol. 7, № 32, P. 67–82. DOI:[10.7717/peerj.6587](https://doi.org/10.7717/peerj.6587).

13. Gabli Z. O., Djerrou Z. U., Gabli A. D., Bensalem M. H. Prevalence of mastitis in dairy goat farms in Eastern Algeria. *Veterinary world*. 2019. Vol. 12, № 10, P. 1563–1572. DOI:[10.14202/vetworld.2019.1563-1572](https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.1563-1572).

14. Abed A. H., Menshawy A. O., Zeinhom M. F., Hossain D. R., Khalifa E. S., Wareth G. N., Awad M. F. Subclinical Mastitis in Selected Bovine Dairy Herds in North Upper Egypt: Assessment of Prevalence, Causative Bacterial Pathogens, Antimicrobial Resistance and Virulence-Associated Genes. *Microorganisms*. 2021. Vol. 9, № 6, P. 1175. DOI:[10.3390/microorganisms9061175](https://doi.org/10.3390/microorganisms9061175)

15. Findik A. J., Çiftçi A. U., Önyay T. H., Sezener M. G., Koçak Y. U., Gülhan T. E. Determination of methicillin resistance and some genotypic characteristics of *staphylococci* isolated from dogs and their owners. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*. 2018. Vol. 42, № 6, P. 214. DOI:[10.3906/vet-1611-50](https://doi.org/10.3906/vet-1611-50).

16. Gómez-Sanz E. T., Ceballos S. D., Ruiz-Ripa L. L., Zarazaga M. C., Torres C. K. Clonally Diverse Methicillin and Multidrug Resistant Coagulase Negative *Staphylococci* Are Ubiquitous and Pose Transfer Ability Between Pets and Their Owners. *Front. Microbiol.* 2019. Vol. 26, № 9, P. 568. DOI:[10.3389/fmicb.2019.00485](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00485).

17. Kmen V. U., Čuvalová A. P., Stanko M. B. Small mammals as sentinels of antimicrobial-resistant staphylococci. *Folia microbiologica*. 2018. Vol. 63, № 5, P. 665–668. [DOI:10.1007/s12223-018-0594-3](https://doi.org/10.1007/s12223-018-0594-3).
18. Lee G. Y., Lee H. H., Hwang S. Y., Hong J. Y., Lyoo K. S., Yang S. J. Carriage of *Staphylococcus schleiferi* from canine otitis externa: antimicrobial resistance profiles and virulence factors associated with skin infection. *Journal of veterinary science*. 2019. Vol. 29, № 20, P. 2. [DOI:10.4142/jvs.2019.20.e6](https://doi.org/10.4142/jvs.2019.20.e6).
19. Ferri M. K., Ranucci E. R., Romagnoli P. K., Giaccone V. L. Antimicrobial resistance: A global emerging threat to public health systems. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 2017. Vol. 57, № 43, P. 2857–2876. DOI:10.1080/10408398.2015.1077192.
20. Turner N. A., Sharma-Kuinkel B. K., Maskarinec S. A. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: an overview of basic and clinical research. *Nat Rev Microbiol.* 2019. Vol. 17, № 4, P. 203–218. [DOI:10.1038/s41579-018-0147-4](https://doi.org/10.1038/s41579-018-0147-4).
21. Kourtis A. P., Hatfield K. G., Baggs J H. Mag H. D., Capers C. E., Coffin N., Jernigan J. O., Cardo D. L. Epidemiology and Recent Trends in Methicillin-Resistant and in Methicillin-Susceptible *Staphylococcus aureus* Bloodstream Infections - United States. 2019. Vol. 68, № 9, P. 214–219. [DOI:10.15585/mmwr.mm6809e1](https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6809e1).
22. Bonesso M. F., Yeh A. J., Villaruz A. E. Key Role of alpha-Toxin in Fatal Pneumonia Caused by *Staphylococcus aureus* Sequence Type. *Am J Respir Crit Care Med*. 2016. Vol. 193, № 2, P. 217–220. [DOI:10.1164/rccm.201506-1225le](https://doi.org/10.1164/rccm.201506-1225le).
- 23 .Bouiller K. J., Bertrand X. H., Hocquet D. S. Human Infection of Methicillin-Susceptible *Staphylococcus aureus*. *Microorganisms*. 2020. Vol. 8, № 11, P. 271. [DOI:10.3390/microorganisms8111737](https://doi.org/10.3390/microorganisms8111737).
24. Kavanagh K. T. Control of MSSA and MRSA in the United States: protocols, policies, risk adjustment and excuses. *Antimicrob Resist Infect Control*. 2019. Vol. 8, № 29, P. 103. [DOI:10.1186/s13756-019-0550-2](https://doi.org/10.1186/s13756-019-0550-2).
25. McGuinness W. A., Malachowa N. U., DeLeo F. R. Resistance of *Staphylococcus aureus* to vancomycin. *Yale J Biol Med*. 2017. Vol. 90, № 2, P. 269–281. DOI:[10.1016/j.jgar.2018.01.017](https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.01.017).

26. Michael O., N. Staphylococcal Biofilms. *Microbiol Spectr.* 2018. Vol. 6, № 4, P. 22–29. [DOI:10.1128/microbiolspec.gpp3-0023-2018](https://doi.org/10.1128/microbiolspec.gpp3-0023-2018).
27. CDC. Antibiotic Resistance Threats in the United States. Atlanta, GA: U.S. Department of Health and Human Services, CDC; 2019 https://rabinmartin.com/insights/unpacking-the-relationship-between-antimicrobial-resistance-climate-change/?gad_source=1&gclid=_wcB.
28. Boswihi S. S., Udo E. E. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: an update on the epidemiology, treatment options and infection control. *Curr Med Res Pract.* 2018. Vol. 8, № 5, P. 18–24. [DOI:10.1016/j.cmrp.2018.01.001](https://doi.org/10.1016/j.cmrp.2018.01.001).
29. Atyabi N. P., Vojdani M. J., Gharagozloo F. S., Bahonar A. V. Prevalence of bacterial mastitis in cattle from the farms around Tehran. *Iran. J. Vet. Res.* 2006. Vol. 7, № 6, P. 76–79. [DOI:10.22099/ijvr.2006.2654](https://doi.org/10.22099/ijvr.2006.2654).
30. Nithinprabhu K. G. Isolation, characterization and genetic diversity of *Streptococcus species* in subclinical bovine mastitis. *Karnataka Veterinary, Animal and Fisheries Sciences University, Bidar, India.* 2010. Vol. 7, № 6, P. 76–79.
31. Shrestha S. I., Bindari Y. R. Prevalence of subclinical mastitis among dairy cattle in Bhaktapur District, Nepal. *Int. J. Agric. Biosci.* 2012. Vol. 1, № 1, P. 16–19.
32. Kia G. K., Mehdi G. Y., Keyvan R. U. Prevalence and antibiotic susceptibility of *Streptococcus spp* in cows with mastitis in Germi, Iran. *Anim. Vet. Sci.* 2014. Vol. 2, № 3, P. 31–35.
33. Elkenany R. J. CylE and mig as virulence genes of *streptococci* isolated from mastitis in cows and buffaloes in Egypt. *Mansoura Vet. Med. J.* 2020. Vol. 21, № 7, P. 149–154. [DOI:10.21608/mvmj.2020.45721.1000](https://doi.org/10.21608/mvmj.2020.45721.1000).
34. Timoney J. T., Velineni S. V., Ulrich B. J., Blanchard P. X. Biotypes and scm types of isolates of *Streptococcus canis* from diseased and healthy cats. *Vet. Rec.* 2017. Vol. 180, № 37, P. 358. [DOI:10.1136/vr.103868](https://doi.org/10.1136/vr.103868).
35. Lederman Z. K., Leskes H. Y., Brosh-Nissimov T. L. One Health and *Streptococcus canis* in the Emergency Department: A Case of Cellulitis and Bacteremia in an Immunocompromised Patient Treated with Etanercept. *J. Emerg. Med.* 2020. Vol. 58, № 23, P. 129–132. [DOI:10.1016/j.jemermed.2019.10.019](https://doi.org/10.1016/j.jemermed.2019.10.019).

36. Mobegi F. M., Cremers A. J., Jonge M. I., Bentley S. D., Hijum S. A., Zomer A. F. Deciphering the distance to antibiotic resistance for the pneumococcus using genome sequencing data. *Sci Rep.* 2017. Vol. 7, № 41, P. 167–171. [DOI://doi.org/10.1038/srep42808](https://doi.org/10.1038/srep42808).
37. Delphino M. K., Barone V. C., Leal C. A., Figueiredo H. C., Gardner I. A., Gonçalves V. S. Economic appraisal of vaccination against *Streptococcus agalactiae* in Nile tilapia farms in Brazil. *Prev. Vet. Med.* 2019. Vol. 162, № 1, P. 131–135. [DOI:10.1016/j.prevetmed.2018.12.003](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.12.003).
38. Basri L. D., Nor R. M., Salleh A. M., Yasin I. S., Saad M. Z., Rahaman N. Y., Barkham T. M. Co-infections of tilapia lake virus, *Aeromonas hydrophila* and *Streptococcus agalactiae* in farmed red hybrid tilapia. *Animals (Basel)*. 2020. Vol. 10, № 11, P. 2141. [DOI:10.3390/ani10112141](https://doi.org/10.3390/ani10112141).
39. Calzas C. K., Taillardet M. C., Fourati I. S., Roy D. V., Gottschalk M. S., Soudeyns H. M., Defrance T. B. Evaluation of the Immunomodulatory Properties of *Streptococcus suis* and Group B *Streptococcus* Capsular Polysaccharides on the Humoral Response. *Pathogens*. 2017. Vol. 6, № 2, P. 16. [DOI:10.3390/pathogens6020016](https://doi.org/10.3390/pathogens6020016).
40. Dechêne-Tempier M. D., Marois-Créhan C. O., Libante V. H., Jouy E. X., Leblond Bourget N. A., Payot S. B. Update on the mechanisms of antibiotic resistance and the mobile resistome in the emerging zoonotic Pathogen *Streptococcus suis*. *Microorganisms*. 2021. Vol. 9, № 8, P. 1765. [DOI:10.3390/microorganisms9081765](https://doi.org/10.3390/microorganisms9081765).
41. Farooq M. L., Smoglica C. V., Ruffini F. D., Soldati L. S., Marsilio F. Y., Francesco C. E. Antibiotic Resistance Genes Occurrence in Conventional and Antibiotic-Free Poultry Farming, Italy. *Animals : an open access journal from MDPI*. 2022. Vol. 12, № 18, P. 2310. [DOI:10.3390/ani12182310](https://doi.org/10.3390/ani12182310).
42. Hosain M. Z., Kabir S. M. L., Kamal, M. M. Antimicrobial uses for livestock production in developing countries. *Veterinary world*. 2021. Vol. 14, № 1, P. 210– 221. [DOI:10.14202/vetworld.2021.210-221](https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.210-221).

43. Valentini, M. K., Gonzalez D. S., Mavridou D. A.; Filloux A. H. Lifestyle transitions and adaptive pathogenesis of *Pseudomonas aeruginosa*. *Curr. Opin. Microbiol.* 2018. Vol. 41, № 21, P. 15–20. [DOI:10.1016/j.mib.2017.11.006](https://doi.org/10.1016/j.mib.2017.11.006).
44. Botelho J. G., Grosso F. L., Peixe L. D. Antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa*—Mechanisms, epidemiology and evolution. *Drug Resist. Updat.* 2019. Vol. 44, № 30, P. 67–75. [DOI:10.1016/j.drug.2019.07.002](https://doi.org/10.1016/j.drug.2019.07.002).
45. Winstanley C. Y., O'Brien S. L., Brockhurst M. A. *Pseudomonas aeruginosa* Evolutionary Adaptation and Diversification in Cystic Fibrosis Chronic Lung Infections. *Trends Microbiol.* 2016. Vol. 24, № 19, P. 327–337. [DOI:10.1016/j.tim.2016.01.008](https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.01.008).
46. Sarowska J. L., Futoma-Koloch B. Y., Jama-Kmiecik A. H., Frej-Madrzak M. V., Ksiazczyk M. R., Bugla-Ploskonska G. A., Choroszy-Krol I. C. Virulence factors, prevalence and potential transmission of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* isolated from different sources: Recent reports. *Gut Pathog.* 2019. Vol. 21, № 11, P. 247–255. [DOI:10.1186/s13099-019-0290-0](https://doi.org/10.1186/s13099-019-0290-0).
47. Mazzariol A. C., Bazaj A. B., Cornaglia G. G. Multi-drug-resistant Gram-negative bacteria causing urinary tract infections: A review. *J. Chemother.* 2017. Vol. 29, № 8, P. 2–9. [DOI:10.1080/1120009x.2017.1380395](https://doi.org/10.1080/1120009x.2017.1380395).
48. Zhen X. V., Lundborg C. S.; Sun X. Y., Hu X. W., Dong H. F. Economic burden of antibiotic resistance in ESKAPE organisms: A systematic review. *Antimicrob. Resist. Infect. Control.* 2019. Vol. 8, № 12, P. 1–23. [DOI:10.1186/s13756-019-0590-7](https://doi.org/10.1186/s13756-019-0590-7).
49. Manges A. R., Geum H. M., Guo A. F., Edens T. J., Fibke C. D., Pitout J.D. Global Extraintestinal Pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) Lineages. *Clin. Microbiol. Rev.* 2019. Vol. 32, № 17, P. 69–81. [DOI:10.1128/cmr.00135-18](https://doi.org/10.1128/cmr.00135-18).
50. Adriana M.G., Jingwen L. C., Priyanka M. K., Sandra S. H., Elizabeth H. M., Anne-Lise C. X. One Health implementation: A systematic scoping review using the Quadripartite One Health Joint Plan of Action. *One Heart.* 2025. Vol. 20, № 4, P. 63–78. [DOI://10.1016/j.onehlt.2025.101008](https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2025.101008).
51. Helen L. B., Isabela G. P., Daniel L. H., Roberto M. L. One health: a structured review and commentary on trends and themes. *One Heart Outlook.* 2024. Vol. 6, № 17, P. 43–51. DOI://10.1186/s42522-024-00111-x

52. Cigana C. F., Bernardini M. K., Facchini B. O., Alcala-Franco C. R. Efficacy of the Novel Antibiotic POL7001 in Preclinical Models of *Pseudomonas aeruginosa* Pneumonia. *Antimicrob Agents Chemother.* 2016. Vol. 60, № 21, P. 4991–5000. [DOI:10.1128/aac.00390-16](https://doi.org/10.1128/aac.00390-16).

53. Chatterjee C. P., Anju L. U., Biswas V. P., Anil Kumar C. F., Gopi Mohan R. E. Biswas Antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa* and alternative therapeutic options. *Int J Med Microbiol.* 2016. Vol. 24, № 17, P. 48–58. [DOI:10.1016/j.ijmm.2015.11.004](https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2015.11.004).

54. AccessScience Editors. U. S. bans antibiotics use for enhancing growth in livestock. McGraw-Hill Education; Accessed May 2018. https://onehealthtrust.org/publications/peer-reviewed-articles/the-lancet-series-on-antimicrobial-resistance-the-need-for-sustainable-access-to-effective-antibiotics/?gad_source=1&gclidTwozOIaAn2GEALw_wcB

55. Bakthavatchalam Y. D., Pragasam A. K., Biswas I., Veeraraghavan B. Polymyxin susceptibility testing, interpretative breakpoints and resistance mechanisms. *An update. J. Gobal Antimicrob.* 2018. Vol. 12, № 21, P. 124–136. [DOI:10.1016/j.jgar.2017.09.011](https://doi.org/10.1016/j.jgar.2017.09.011).

56. Bezerra W. G. A., Silva I. I. N., Vasconcelos R. H., Machado D. N., Lopes E. S. P., Lima S. V. G., Teixeira R. S. C., Lima J. B., Oliveira F. B., Maciel W. C. Isolation and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica* subsp in broiler chickens. *Acta. Sci. Vet.* 2016. Vol. 44, № 13, P. 1–7. [DOI:10.22456/1679-9216.80957](https://doi.org/10.22456/1679-9216.80957).

57. European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union Summary Report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2014. *EFSA J.* 2018. [DOI:10.2903/j.efsa.2024.8583](https://doi.org/10.2903/j.efsa.2024.8583).

58. Lu L. F., Dai L. G., Wang Y. R., Wu C. W., Chen X. A., Li L. M., Qi Y. H., Xia L. T., Shen J. M.. 2017. Characterization of antimicrobial resistance and integrons among *Escherichia coli* isolated from animal farms in Eastern China. *Acta Trop.* Vol. 113, № 42, P. 20–25. [DOI:10.1016/j.actatropica.2009.08.028](https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.08.028).

59. Silva A. C., Rodrigues M. X., Silva N. C. C. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food and the prevalence in Brazil: a review. *Brazilian. Journal of Microbiology*. 2020. Vol. 51, № 1, P. 347–356. [DOI:10.1007/s42770-019-00168-1](https://doi.org/10.1007/s42770-019-00168-1).
60. FAO. Agribusiness handbook. Poultry meat and eggs. Accessed July 2018. https://agriculture.basf.com/global/en/aboutus/biggest-job-on-earth/the-sciencebehindyoursalad?atcampaign=Pilot&atterm=Search_GoogleSearchPPC&atplatform=google&at_variant=PPC&gad_sourcewcB.
61. French Agency for Food Environmental and Occupational Health & Safety and French Agency for Veterinary Medicinal Products. 2017. Sales survey of Veterinary Medicinal Products containing Antimicrobials in France – 2016. Accessed June 2018. https://www.metabolic.nl/publication/global-food-syanalysis/?gad_source=1&gclid=C-zia0xnIXBhvDHMi8aAlhWEALw_wcB.
62. Lei T. K., Tian W. T., He L. U., Huang X.-H., Sun Y.-X., Deng Y.-T., Sun Y., Lv D.-H., Wu C.-M., Huang L.-Z., Shen J.-Z., Liu J.-H.. 2010. Antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolates from food animals, animal food products and companion animals in China. *Vet. Microbiol.* Vol. 96, № 4, P. 120–128. [DOI:10.1186/1471-2105-8-S3-S6](https://doi.org/10.1186/1471-2105-8-S3-S6).
63. Вимоги до некомерційного переміщення тварин. Офіційний сайт Держпродспоживслужби України. <https://dpss.gov.ua/mizhnarodnespivrobitnictvbezpechnist/-nekomercijnogoperemishchennya-tvarin>.
64. World Health Organization. Zoonoses. 2020. Available online: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/zoonoses>.
65. Mohammadpour R. O., Champour M. T., Tuteja F. D., Mostafavi E. S. Zoonotic implications of camel diseases in Iran. *Vet. Med. Sci.* 2020, Vol. 6, № 7, P. 359–381. [DOI:10.1002/vms3.239](https://doi.org/10.1002/vms3.239).
66. Li J. I., Fan Q. F., Jin M. R., Mao C. S., Zhang H. L., Zhang X. W., Sun L. H., Grenier D. R., Yi L. A., Hou X. Q., Wang Y. L. Paeoniflorin reduce luxS/AI–2 system–controlled 147 biofilm formation and virulence in *Streptococcus suis*. *Virulence*. 2021. Vol. 12, № 5, P. 3062–3073. [DOI:10.1080/21505594.2021.2010398](https://doi.org/10.1080/21505594.2021.2010398).

67. Wang Y. D., Wang Y. K., Sun L. W., Grenier D. K., Yi L. J. *Streptococcus suis* biofilm: regulation, drug-resistance mechanisms, and disinfection strategies. *Applied microbiology and biotechnology*. 2018. Vol. 102, № 21, P. 9121–9129. [DOI:10.1007/s00253-018-9356-z](https://doi.org/10.1007/s00253-018-9356-z).
68. Sweeney M. T., Lindeman C. E., Mullins L. S., Murray R. S., Watts J. L. Antimicrobial susceptibility of *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Pasteurella multocida*, *Streptococcus suis*, and *Bordetella bronchiseptica* isolated from pigs in the United States and Canada, 2011 to 2015. *Journal of Swine Health and Production*. 2017. Vol. 25, № 9, P. 106–120. [DOI:10.54846/jshap/1002](https://doi.org/10.54846/jshap/1002).
69. Корнієнко Л. Є., Царенко Т. М., Білик С. А., Савченко М. О. Антибіотикорезистентність збудників стрептококозу поросят і телят. *Вет. біотехнологія*. 2018. № 32, С. 377–386. [DOI:10.31073/vet_biotech32\(1\)-50](https://doi.org/10.31073/vet_biotech32(1)-50).
70. Wollmuth E. M. A Survey of β -lactam Antibiotic Resistance Genes and Culturable Ampicillin Resistant Bacteria in Minnesota Soils. *Departmental Honors Projects*. 2017. Vol. 53, № 21, P. 6–28. [DOI://digitalcommons.hamline.edu/dhp/53](https://digitalcommons.hamline.edu/dhp/53).
71. Чемеровська І. О., Рубленко І. О., Мусієць І. В., Горбатюк О. І. Поширення патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів у сировині та продукції тваринного походження. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького*. 2024. № 116. С. 54-63. [DOI:10.32718/nvlvet11608](https://doi.org/10.32718/nvlvet11608).
72. Faour-Klingbeil D. T., Todd E. D. Prevention and control of foodborne diseases in Middle-East North African countries: Review of national control systems. *Int. J. Env. Res. Public Health*. 2020. Vol. 17, № 1, P. 70–73. [DOI:10.3390/ijerph17010070](https://doi.org/10.3390/ijerph17010070).
73. Pires S. M., Desta B. N., Mughini-Gras L. G., Mmbaga B. T., Fayemi O. E., Salvador E. M., Gobena T. K., Majowicz S. E., Hald T. D., Høejskov P. S. Burden of foodborne diseases: Think global, act local. *Curr. Opin. Food Sci.* 2021. Vol. 39, № 4, P. 152–159. [DOI:10.1016/j.cofs.2021.01.006](https://doi.org/10.1016/j.cofs.2021.01.006).
74. Bintsis T. D. Foodborne pathogens. *AIMS Microbiol.* 2017. Vol. 3, № 3, P. 529. [DOI:10.3934/microbiol.2017.3.529](https://doi.org/10.3934/microbiol.2017.3.529).

75. Foddai, A.C., Grant I. R. Methods for detection of viable foodborne pathogens: Current state-of-art and future prospects. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2020. Vol. 104, № 10, P. 4281–4288. [DOI: /10.1007/s00253-020-10542-x](https://doi.org/10.1007/s00253-020-10542-x).
76. Arabestani M. R., Kamarehei F. S., Dini M. A., Jalilian F. A., Moradi A. H., Shokoohizadeh L. C. Characterization of *Staphylococcus aureus* isolates from pastry samples by rep-PCR and phage typing. *Iran. J. Microbiol.* 2022. Vol. 14, № 1, P. 76. [DOI:10.18502/ijm.v14i1.8806](https://doi.org/10.18502/ijm.v14i1.8806).
77. He S. D., Shi X. U. Microbial Food Safety in China: Past, Present, and Future. *Foodborne Pathog. Dis.* 2021. Vol. 18, № 8, P. 510–518. [DOI:10.1089/fpd.2021.0009](https://doi.org/10.1089/fpd.2021.0009).
78. Warmate D. L., Onarinde B. A. Food safety incidents in the red meat industry: A review of foodborne disease outbreaks linked to the consumption of red meat and its products, 1991 to 2021. *Int. J. Food Microbiol.* 2023. Vol. 398, № 23, P. 110–240. [DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110240](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110240).
79. Omer M. K., Álvarez-Ordoñez A. T., Prieto M. J., Skjerve E. R., Asehun T. O., Alvseike O. A. A Systematic Review of Bacterial Foodborne Outbreaks Related to Red Meat and Meat Products. *Foodborne Pathog. Dis.* 2018. Vol. 15, № 10, P. 598–611. [DOI:10.1089/fpd.2017.2393](https://doi.org/10.1089/fpd.2017.2393).
80. Fotopoulou E. T., Jenkins C. D., Painset A. E., Amar C. C. *Listeria monocytogenes*: The silent assassin. *J. Med. Microbiol.* 2024. Vol. 73, № 3, P. 35–41. [DOI:10.1099/jmm.0.001800](https://doi.org/10.1099/jmm.0.001800).
81. Félix B. F., Feurer C. D., Maillet A. W., Guillier L. P., Boscher E. E., Kerouanton A. Y., Denis M. D., Roussel S. S. Population Genetic Structure of *Listeria monocytogenes* Strains Isolated from the Pig and Pork Production Chain in France. *Front. Microbiol.* 2018. Vol. 9, № 6, P. 684. [DOI:10.3389/fmicb.2018.00684](https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00684).
82. Zhang Y. N., Butler F. J. Risk assessment of pork products produced in China. *Biosyst. Food Eng. Res. Rev.* 2018. Vol. 48, № 1, P. 48–51. [DOI:10.15302/J-FASE-2020377](https://doi.org/10.15302/J-FASE-2020377).
83. Zhang S. R., Yang G. T., Huang Y. R., Zhang J. L., Cui L. Y., Wu Q. D. Prevalence and Characterization of Atypical Enteropathogenic *Escherichia coli* Isolated

from Retail Foods in China. *J. Food Prot.* 2018. Vol. 81, № 11, P. 1761–1767. [DOI:10.4315/0362-028x.jfp-18-188](https://doi.org/10.4315/0362-028x.jfp-18-188).

84. Li W. F., Pires S. M., Liu Z. Q., Ma X. A., Liang J. O., Jiang Y. H., Chen J. S., Liang J. S., Wang S. K., Wang L. H. Surveillance of foodborne disease outbreaks in China, 2003–2017. *Food Control* 2020. Vol. 118, № 8, P. 241–243. [DOI:10.1016/j.foodcont.2020.107359](https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107359).

85. Aijuka M. D., Buys E. M. Persistence of foodborne diarrheagenic *Escherichia coli* in the agricultural and food production environment: Implications for food safety and public health. *Food Microbiol.* 2019. Vol. 82, № 10, P. 363–370. [DOI:10.1016/j.fm.2019.03.018](https://doi.org/10.1016/j.fm.2019.03.018).

86. Liu H. E., Dong L. U., Zhao Y. S., Meng L. U., Wang J. Q., Wang C. J. Antimicrobial susceptibility, and molecular characterization of *staphylococcus aureus* isolated from different raw milk samples in China. *Front Microbiol.* 2022. Vol. 6, № 10, P. 64–72. [DOI:10.3389/fmicb.2022.840670](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.840670).

87. Qian W. R., Shen L. F., Li X. Q., Wang T. K., Liu M, L., Wang W. C. Epidemiological characteristics of *Staphylococcus aureus* in raw goat milk in Shaanxi Province China. *Antibiotics*. 2019. Vol. 8, № 3, P. 141. [DOI:10.3390/antibiotics8030141](https://doi.org/10.3390/antibiotics8030141).

88. Dudley E.G. Food microbiology: fundamentals and frontiers. *Emerg Infect Dis.* 2022. Vol. 28, № 1, P. 267. [DOI:10.1016/S0924-2244\(03\)00047-5](https://doi.org/10.1016/S0924-2244(03)00047-5).

89. Bastam M.M., Jalili M. G., Pakzad I. L., Maleki A. Y., Ghafourian S. V. Pathogenic bacteria in cheese, raw and pasteurised milk. *Vet Med Sci.* 2021. Vol. 7, № 6, P. 2445–2447. [DOI:10.1002/vms3.604](https://doi.org/10.1002/vms3.604).

90. Schmidt T. J., Kock M. M., Ehlers M. M. Molecular characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from bovine mastitis and close human contacts in South African dairy herds: genetic diversity and inter-species host transmission. *Front Microbiol.* 2017. Vol. 8, № 4, P. 511. [DOI:10.3389/fmicb.2017.00511](https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00511).

91. Ibrahim A. S., Hafiz N. M., Saad M. H. Prevalence of *Bacillus cereus* in dairy powders focusing on its toxigenic genes and antimicrobial resistance. *Arch Microbiol.* 2022. Vol. 204, № 6, P. 1–10. [DOI:10.1007/s00203-022-02945-3](https://doi.org/10.1007/s00203-022-02945-3).

92. Riley L. W. Extraintestinal foodborne pathogens. *Annu. Rev. Food Sci. Technol.* 2020. Vol. 2, № 11, P. 275–294. [DOI:10.1146/annurev-food-032519-051618](https://doi.org/10.1146/annurev-food-032519-051618).
93. Haramain S., E., Yagoub S. O. The antimicrobial susceptibility and detection of virulence genes of *Escherichia coli* O157: H7 isolated from leafy green vegetables. *Eur. J. Biol. Biotechnol.* 2021. Vol. 2, № 3, P. 70–74. [DOI:10.24018/ejbio.2021.2.3.206](https://doi.org/10.24018/ejbio.2021.2.3.206).
94. About Food Safety. 2024. Centers for Disease Control and Prevention. https://www.cdc.gov/foodsafety/about/?CDC_AAref_Val=https://www.cdc.gov/foodsafety/foodborne-germs.html.
95. Afzalur R. M., Flora M. D., Rahman M. R., Billah M. V. “Food-Borne Illness Surveillance and Etiology of Diarrhea in Bangladesh.” *Iproceedings*. 2018. Vol. 4, № 1, P. 47–54. [DOI:10.2196/10605](https://doi.org/10.2196/10605).
96. Balali G. I., Yar D. D., Afua Dela V. G., Adjei-Kusi P. H. “Microbial Contamination, an Increasing Threat to the Consumption of Fresh Fruits and Vegetables in Today's World.” *International Journal of Microbiology*. 2020. Vol. 5, № 1, P. 1–13. [DOI:10.1155/2020/3029295](https://doi.org/10.1155/2020/3029295).
97. Council of the European Union. “Commission Notice on Guidance Document on Addressing Microbiological Risks in Fresh Fruits and Vegetables at Primary Production Through Good Hygiene.” *Official Journal of the European Union* 48. P. 171–197. https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=oj:JOC_2017_163_R_0001.
98. McCormic Z. D., Patel K. J. Bi-national outbreak of *Salmonella* Newport infections linked to onions: the United States experience. *Epidemiol Infect.* 2022. Vol. 16, № 6, P. 76–83. [DOI:10.1017/s0950268822001571](https://doi.org/10.1017/s0950268822001571).
99. Співробітники з антимікробної стійкості Глобальний тягар стійкості бактерій до антимікробних препаратів у 2019 році: систематичний аналіз. 2022. С. 629–655. [DOI:10.32471/umj.1680-3051.153.239951](https://doi.org/10.32471/umj.1680-3051.153.239951).
100. EPA, Drinking Water Quality. 2018. <https://www.epa.gov/report-environment/drinking-water>
101. World Health Organization (WHO), 2020, Water and Health. Available online: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/drinking-water>.

102. Wibuloutai J. G., Thanomsangad P. N., Benjawanit K. X., Mahaweerawat U. B. Microbial risk assessment of drinking water filtration dispenser toll machines (DFTMs) in Mahasarakham province of Thailand. *Water Supply*. 2019. Vol. 19, № 5, P. 1438–1445. [DOI:10.2166/ws.2019.016](https://doi.org/10.2166/ws.2019.016).
103. Pratum C. B., Khananthai N. C. Assessment of Factors Affecting Drinking water quality from Free Water. *Int. J. Environ. Sci. Ed.* 2017. Vol. 12, № 4, P. 787–797. [DOI:10.2166/ws.2017.096](https://doi.org/10.2166/ws.2017.096).
104. Olaimat A. N., Abu Ghoush M. F., Al-Holy M. O., Abu Hilal H. X., Al-Nabulsi A. A., Osaili T. M., Ayyash M. T., Holley R. A. Survival and Growth of *Listeria monocytogenes* and *Staphylococcus aureus* in Ready-to-Eat Mediterranean Vegetable Salads: Impact of Storage Temperature and Food Matrix. *Int. J. Food Microbiol.* 2021. Vol. 16, № 9, P. 142–149. [DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109149](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109149).
105. Belhout C. N., Elgroud R. L., Butaye P. J. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) and Other Methicillin-Resistant *Staphylococci* and *Mammaliicoccus* (MRNaS) Associated with Animals and Food Products in Arab Countries: A Review. *Vet. Sci.* 2022. Vol. 9, № 2, P. 317. [DOI:10.3390/vetsci9070317](https://doi.org/10.3390/vetsci9070317).
106. Zhang W. V., Wang X. R., Zhao L. X., Gu Y. X., Chen Y. S., Liu N. Q., An L. L., Bai L. V., Chen Y. R., Cui S. C. Genome-Based Surveillance Reveals Cross-Transmission of MRSA ST59 between Humans and Retail Livestock Products in Hanzhong, China. *Front. Microbiol.* 2024. Vol. 29, № 15, P. 227–239. [DOI:10.3389/fmicb.2024.1392134](https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1392134).
107. Asante J. F., Amoako D. G., Abia A. L., Somboro A. M., Govinden U. L., Bester L. A., Essack S. Y. Review of Clinically and Epidemiologically Relevant Coagulase-Negative *Staphylococci* in Africa. *Microb. Drug Resist.* 2020. Vol. 26, № 8, P. 951–970. [DOI:10.1089/mdr.2019.0381](https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0381).
108. Jia K. W., Qin X. S., Bu X. U., Zhu H. I., Liu Y. S., Wang X. L., Li Z. N. Prevalence, Antibiotic Resistance and Molecular Characterization of *Staphylococcus aureus* in Ready-to-Eat Fruits and Vegetables in Shanghai, China. *Curr. Res. Food Sci.* 2024. Vol. 8, № 2, P. 97–102. [DOI:10.1016/j.crfs.2023.100669](https://doi.org/10.1016/j.crfs.2023.100669).

109. Tropea A. S. Microbial contamination and public health: an overview. *Environ. Res. Public Health*. 2022. Vol. 19, № 12, P. 160–168. [DOI:1660-4601/19/12/7441#](https://doi.org/10.3390/19127441).
110. Van T. M., Khan R. G., Lin C. P., Ven P. I., Lin F. S., Xu R. N., Qin V. Z. Contamination of *Proteus mirabilis* harbouring various clinically important antimicrobial resistance genes in retail meat and aquatic products from food markets in China. *Front. Microbiol.* 2022. Vol. 13, № 17, P. 14–18. [DOI:10.3389/fmicb.2022.1086800](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1086800).
111. Holovko V. O., Kassich O. V., Kassich V. Yu., Holovko V. A., Kassych A. V. Kassych V. Yu. Suchasni problemy infektsiinoi patolohii v Ukraini, Visnyk Sumskoho natsionalnoho ahrarnoho universytetu. Seriia. *Veterynarna medytsyna*. 2016. Vol. 6, № 2, P. 119–123. [DOI:10.32718/nvlvet11201](https://doi.org/10.32718/nvlvet11201).
112. Kolk H. R., Endimiani A. H., Graubner C. K., Gerber V. F., Perreten, V. T. Affiliations expand *Acinetobacter* in veterinary medicine, with an emphasis. *Acinetobacter baumannii*. 2019. Vol. 16, № 4, P. 5971. DOI:[10.1016/j.jgar.2018.08.011](https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.08.011).
113. Chemerovska I. O., Rublenko I. O. Monitoring of microflora in case of infectious pathology in dogs and cats. *Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 2023. Vol. 25, № 112. P. 3–15. [DOI.org/10.32718/nvlvet11201](https://doi.org/10.32718/nvlvet11201).
114. Pomba C. T., Rantala M. F., Greko C. E., Baptiste K. E., Catry B. W., Van Duijkeren E. A., Mateus A. B., Moreno M. A., Pyörälä S. Q., Ružauskas M. C. Public health risk of antimicrobial resistance transfer from companion animals. *J. Antimicrob. Chemother.* 2017. Vol. 72, № 4, P. 957–968. [DOI:10.1093/jac/dkw481](https://doi.org/10.1093/jac/dkw481).
115. Ewers C.K., Bethe A. G., Semmler T. T., Guenther S. D., Wieler L. F. Extended-spectrum β -lactamase-producing and AmpC-producing *Escherichia coli* from livestock and companion animals, and their putative impact on public health: A global perspective. *Clin. Microbiol. Infect.* 2018. Vol. 18, № 7, P. 646–655. [DOI:10.1111/j.1469-0691.2012.03850.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2012.03850.x)

116 **Чемеровська І. О.** Дослідження мікрофлори великої рогатої худоби та оленів за розвитку ран, абсцесів та ендометритів. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького*. 2025. №. 117 С. 158–165. DOI:10.32718/nvlvet11722.

117 С. 158–165. DOI:10.32718/nvlvet11722. 117. Abd El-Razik K. A., Arafa A. A., Fouad E. A., Younes A. M., Almuzaini A. M., Abdou Isolation A. M. Identification and virulence determinants of *Streptococcus agalactiae* from bovine subclinical mastitis in Egypt. *J. Infect. Dev. Ctries.* 2021. Vol. 15, № 8, P. 1133–1138. DOI:10.3855/jidc.12668.

118. Aghamohammadi M. D., Haine D. F., Kelton H. W., Barkema H. F., Hogeveen G. P., Keefe S. S. Dufour Herd-level mastitis-associated costs on Canadian dairy farms *Front. Vet. Sci.* 2018. Vol. 5, № 1, P. 48–55 DOI:10.3389/fvets.2018.00100 29868620.

119. Bijl H. R., Csányi S. C. Fallow Deer (*Dama dama*) Population and Harvest Changes in Europe since the Early 1980s. *Sustainability*. 2022. Vol. 14, № 19, P. 98–139. DOI:10.3390/su141912198.

120. Belsare C. M. Stewart OvCWD: an agent-based modeling framework for informing chronic wasting disease management in white-tailed deer populations. *Ecol. Solut. Evid.* 2020. Vol. 1, № 1, P. 87–92. DOI:10.1002/2688-8319.12017.

121. Dias D. G., Costa S. N., Fonseca C. M., Baraúna R. R., Caetano T. L. Pathogenicity of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) from wildlife: Should we care. *Sci. Total Environ.* 2022. Vol. 15, № 4, P. 86–122. DOI:10.1016/j.scitotenv.2021.152324.

122. Qin T. K., Ruan X. Y., Duan Z. R., Cao J. Q., Liang J. V., Yang J. X., Jiang Y. M., Shi M. P., Xu J. V. Wildlife-borne microorganisms and strategies to prevent and control emerging infectious diseases. *J. Biosaf. Biosecu.* 2021. Vol. 3, № 2, P. 67–71. DOI:10.1016/j.jobbb.2021.06.005.

123. Schmeller D. S., Courchamp F.; Killeen, G. Biodiversity loss, emerging pathogens and human health risks. *Biodivers. Conserv.* 2020. Vol. 29, № 1, P. 3095–3102. DOI:10.1073/pnas.2001655117.

124. Gnat S. V., Troscianczyk A. M., Nowakiewicz A. T., Majer-Dziedzic B. L., Ziolkowska G. D., Dziedzic R. C., Zieba P. C., Teodorowski O. K. Experimental studies of microbial populations and incidence of zoonotic pathogens in the faeces of red deer (*Cervus elaphus*). *Lett. Appl. Microbiol.* 2017. Vol. 61, № 5, P. 446–452. [DOI:10.1111/lam.12471](https://doi.org/10.1111/lam.12471).

125. Рубленко І. О., Зоценко В. М., Тарануха С. І., Островський Д. М. Загальна мікробіологія. Методичні вказівки для практичної та самостійної роботи студентів факультету ветеринарної медицини з мікробіологічних методів досліджень. Біла Церква. 2019. С. 67. https://rep.btsau.edu.ua/bitstream/BNAU/8555/3/zagal%27na_mikrobiologija.pdf

126. API Всесвітньо визнана ефективність. 2024. <https://www.biomerieux.com/corp/en/our-offer/clinical-products/api-id-strip-range-apiweb.html>.

127. Bonten M. H., Johnson J. R., Biggelaar A. H., Georgalis L. U., Geurtsen J. W., Palacios P. I., Gravenstein S. N., Verstraeten T. Q., Hermans P. T., Poolman J. T. Epidemiology of *Escherichia coli* bacteremia: a systematic literature review. *Clin Infect Dis.* 2021. Vol. 72, № 7, P. 1211–1219. [DOI:10.1093/cid/ciaa210](https://doi.org/10.1093/cid/ciaa210).

128. Denamur E. U., Clermont O. R., Bonacorsi S. C., Gordon D. V. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. *Nat Rev Microbiol.* 2021. Vol. 19, № 3, P. 37–54. DOI: 10.1038/s41579-020-0416.

129. Proença J. T., Barral D. C., Gordo I. J. Commensal-to-pathogen transition: one-single transposon insertion results in two pathoadaptive traits in *Escherichia coli*-macrophage interaction. *Sci Rep.* 2017. Vol. 19, № 3, P. 37–54. DOI: 10.1038/s41598-017-04081-1.

130. Molina F. V., López-Acedo E. H., Tabla R. S., Roa I. M., Gómez A. C., Rebollo J. E. Improved detection of *Escherichia coli* and coliform bacteria by multiplex PCR. *BMC Biotechnol.* 2017. Vol. 15, № 1, P. 256–263. [DOI:10.1186/s12896-015-0168-2](https://doi.org/10.1186/s12896-015-0168-2).

131. Walker D. I., McQuillan J. D., Taiwo M. C., Parks R. B., Stenton C. A., Morgan H. V., Mowlem M. C., Lees D. N. A highly specific *Escherichia coli* qPCR and

its comparison with existing methods for environmental waters. *Water Res.* 2017. Vol. 126, № 1, P. 101–110. [DOI:10.1016/j.watres.2017.08.032](https://doi.org/10.1016/j.watres.2017.08.032).

132. Yadav V. B., Kumar T. S. Present scenario of antibiotic use in veterinary practice: importance of wastewater microbiology. *Curr. Dev. Biotechnol. Bioeng.* 2020. Vol. 9, № 4, P. 279–325. [DOI:10.1016/B978-0-12-819722-6.00009-2](https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819722-6.00009-2).

133. Van Boeckel T. P., Brower C. F., Gilbert M. A., Grenfell B. T., Levin S. A., Robinson T. P. Global trends in antimicrobial use in food animals. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2015. Vol. 112, № 18, P. 5649–5654. [DOI:10.1073/pnas.1503141112](https://doi.org/10.1073/pnas.1503141112).

134. Alonso L. L., Demetrio P. M., Capparelli A. L., Marino J. G. Behavior of ionophore antibiotics in aquatic environments in Argentina: the distribution on different scales in water courses and the role of wetlands in depuration. *Environ. Int.* 2019. Vol. 133, № 8, P. 105–144. [DOI:10.1016/j.envint.2019.105144](https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.105144).

135. Alamo A. C., Gonzalez C., Pariente M. I., Molina R. C., Martinez F. C. Fenton-like catalyst based on a reticulated porous perovskite material: activity and stability for the on-site removal of pharmaceutical micropollutants in a hospital wastewater. *Chem. Eng. J.* 2020. Vol. 401, № 8, P. 113–126. [DOI:10.1016/j.cej.2020.126113](https://doi.org/10.1016/j.cej.2020.126113).

136. Carneiro R. B., Gonzalez-Gil L. N., Londono Y. A., Zaiat M. Q., Carballa M. V., Lema J. M. Acidogenesis is a key step in the anaerobic biotransformation of organic micropollutants. *J. Hazard. Mater.* 2020. Vol. 389, № 5, P. 121–188. [DOI:10.1016/j.jhazmat.2019.121888](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2019.121888).

137. Chen H. B., Zeng X. N., Zhou Y. Y., Yang X. S., Lam S. S., Wang D. B. Influence of roxithromycin as antibiotic residue on volatile fatty acids recovery in anaerobic fermentation of waste activated sludge. *J. Hazard. Mater.* 2020. Vol. 394, № 7, P. 122–570. [DOI:10.1016/j.jhazmat.2020.122570](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.122570).

138. CDC How Antimicrobial Resistance Happens. [(accessed on 2 June 2023)]; Available online: [https:// drugresistance/about/how-resistance-happens.html](https://drugresistance/about/how-resistance-happens.html).

139. George A. Antimicrobial resistance, trade, food safety and security. *One Health.* 2018. Vol. 5, № 2, P. 6–8. [DOI:10.1016/j.onehlt.2017.11.004](https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2017.11.004).

140. Samreen A. I., Malak H. A., Abulreesh H. H. Environmental antimicrobial resistance and its drivers: A potential threat to public health. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2021. Vol. 27, № 9, P. 101–111. [DOI:10.1016/j.jgar.2021.08.001](https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.08.001).

141. ARC Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *Lancet.* 2022. Vol. 399, № 12, P. 629–655. [DOI:10.1016/s0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(21)02724-0).

142. WHO Antimicrobial Resistance. [(accessed on 2 November 2022)]. Available online: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>.

143. Ghimpețeanu O. M., Pogurschi E. N., Popa D. C., Dragomir N. V., Drăgoțoiu T. S., Mihai O. D., Petcu C. D. Antibiotic Use in Livestock and Residues in Food-A Public Health Threat. *A Review. Foods.* 2022. Vol. 11, № 10, P. 1430. [DOI:10.3390/foods11101430](https://doi.org/10.3390/foods11101430).

144. Чемеровська І. О., Рубленко І. О. Визначення чутливості у ізолятів, виділених від собак та котів. *Науковий вісник ветеринарної медицини.* 2024. № 2, С. 56–74. DOI:10.33245/2310-4902-2024-2.

145. Santaniello A. D., Sansone M. N., Fioretti A. E., Menna L. F. Systematic review and meta-analysis of the occurrence of ESKAPE bacteria group in dogs, and the related zoonotic risk in animal-assisted therapy, and in animal-assisted activity in the health context. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2020. Vol. 17, № 9, P. 3278. [DOI:10.3390/ijerph17093278](https://doi.org/10.3390/ijerph17093278).

146. Marchetti L. B., Buldain D. W., Gortari Castillo L. X., Buchamer A. Z., Chirino-Trejo M. H., Mestorino N. J. Pet and stray dogs as reservoirs of antimicrobial-resistant *Escherichia coli*. *Int. J. Microbiol.* 2021. Vol. 7, № 2, P. 234–243. [DOI:10.1155/2021/6664557](https://doi.org/10.1155/2021/6664557).

147. Abdullahi I. N., Zarazaga M. X., Campaña-Burguet A. K., Eguizábal P. R., Lozano C. N., Torres C. R. Nasal *Staphylococcus aureus* and *S. pseudintermedius* carriage in healthy dogs and cats: A systematic review of their antibiotic resistance, virulence and genetic lineages of zoonotic relevance. *J. Appl. Microbiol.* 2022. Vol. 133, № 6, P. 3368–3390. [DOI:10.1111/jam.15803](https://doi.org/10.1111/jam.15803).

148. Youn J. H., Park Y. H., Hang'ombe B. B., Sugimoto C. J., Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus pseudintermedius* isolated from companion animals and environment in the veterinary teaching hospital in Zambia, Africa. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 2017. Vol. 37, № 2, P. 123–130. [DOI:10.1016/j.cimid.2014.01.003](https://doi.org/10.1016/j.cimid.2014.01.003).
149. Turner N. A., Sharma-Kuinkel B. K., Maskarinec S. A., Eichenberger E. M., Shah P. P., Holland T. L., Fowler V. G. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: An overview of basic and clinical research. *Nat. Rev. Microbiol.* 2019. Vol. 17, № 4, P. 203–218. [DOI:10.1038/s41579-018-0147-4](https://doi.org/10.1038/s41579-018-0147-4).
150. Petersen A. V., Larssen K. V., Gran F. V., Enger H. M., Haggman S. B., Makitalo B. C., Haraldsson G. G., Genius A. E. Increasing incidence and clonal diversity of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Scandinavian countries – results from the Scandinavian MRSA surveillance. *Front. Microbiol.* 2021. Vol. 12, № 6, P. 668–900. [DOI:10.3389/fmicb.2021.668900](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.668900).
151. Kourtis A. P., Hatfield K. D., Baggs J. B., Mu Y. Q., See I. Z., Epton E. L., Nadle J. N., Kainer M. A., Dumyati G. J., Petit S. D. Vital signs: epidemiology and recent trends in methicillin-resistant and methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* bloodstream infections—United States. *MMWR. Morb. Mortal. Wkly. Rep.* 2019. Vol. 68, № 9, P. 214–219. [DOI:10.15585/mmwr.mm6809e1](https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6809e1).
152. Wu M. B., Tong X. B., Liu S. A., Wang D. X., Wang L. K., Fan H. M. Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a healthy Chinese population: a systematic review and meta-analysis. *PLoS ONE.* 2019. Vol. 14, № 4, P. 432–441. [DOI:10.1371/journal.pone.0223599](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223599).
153. Cheung G. Y., Bae J. S., Otto M. H. Pathogenicity and virulence of *Staphylococcus aureus*. *Virulence.* 2021. Vol. 12, № 1, P. 547–569. [DOI:10.1080/21505594.2021.1878688](https://doi.org/10.1080/21505594.2021.1878688).
154. Khan H. A., Baig F. K., Mehboob R. L. Nosocomial infections: Epidemiology, prevention, control and surveillance. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine.* 2017. Vol. 7, № 5, P. 478–482. [DOI:10.1016/j.apjtb.2017.01.019](https://doi.org/10.1016/j.apjtb.2017.01.019).

155. Chabi R. N., Momtaz H. K. Virulence factors and antibiotic resistance properties of the *Staphylococcus epidermidis* strains isolated from hospital infections in Ahvaz, Iran. *Tropical Medicine and Health*. 2019. Vol. 47, № 1, P. 56. DOI:10.1186/s41182-019-0180-7.

156. Michalik M. L., Samet A. B., Podbielska-Kubera A. M., Savini V. G., Międzobrodzki J. I., Kosecka-Strojek M. H. Coagulase-negative staphylococci (CoNS) as a significant etiological factor of laryngological infections: a review. *Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials*. 2020. Vol. 19, № 1, P. 1–10 [DOI:10.1186/s12941-020-00367-x](https://doi.org/10.1186/s12941-020-00367-x).

157. Boyd M. V., Santoro D. F., Gram D. F. In vitro antimicrobial activity of topical otological antimicrobials and Tris-EDTA against resistant *Staphylococcus pseudintermedius* and *Pseudomonas aeruginosa* isolates from dogs, *Veterinary Dermatology*. 2019. Vol. 30, № 2, P. 139–140. [DOI:10.1111/vde.12717](https://doi.org/10.1111/vde.12717).

158. Cabassi C. S., Sala A. F., Santospirito D. N., Alborali G. L., Carretto E. M., Ghibaudo G. Z. Activity of AMP2041 against human and animal multidrug resistant *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates. *Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials*. 2017. Vol. 16, № 1, P. 334–356. [DOI:10.1186/s12941-017-0193-1](https://doi.org/10.1186/s12941-017-0193-1).

159. Pang Z. C., Raudonis R. G., Glick B. R., Lin T. J., Cheng Z. A. Antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa*: Mechanisms and alternative therapeutic strategies. *Biotechnology Advances*. 2019. Vol. 37, № 1, P. 177–192. [DOI:10.1016/j.biotechadv.2018.11.013](https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2018.11.013).

160. Pintarić S. K., Matanović K. L., Martinec B. Š. Fluoroquinolone susceptibility in *Pseudomonas aeruginosa* isolates from dogs: Comparing disk diffusion and microdilution methods. *Veterinarski Arhiv*. 2017. Vol. 87, № 3, P. 291–300. [DOI:10.24099/vet.arhiv.160120](https://doi.org/10.24099/vet.arhiv.160120).

161. Vingopoulou E. I., Delis G. A., Batzias G. C., Kaltsogianni F. B., Koutinas A. Y., Kristo I. T. Prevalence and mechanisms of resistance to fluoroquinolones in *Pseudomonas aeruginosa* and *Escherichia coli* isolates recovered from dogs suffering from otitis in Greece. *Veterinary Microbiology*. 2018. Vol. 43, № 13, P. 102–107. [DOI:10.1016/j.vetmic.2017.11.024](https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.11.024).

162. Weese J. S., Blondeau J. X., Boothe D. U., Guardabassi L. G., Gumley N. K., Papich M. L. International society for companion animal infectious diseases (ISCAID) guidelines for the diagnosis and management of bacterial urinary tract infections in dogs and cats. *Veterinary Journal* 2019. Vol. 247, № 9, P. 8–25. [DOI:10.1016/j.tvjl.2019.02.008](https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2019.02.008).
163. Yukawa S. N., Tsuyuki Y. Y., Sato T. A., Fukuda A. I., Usui M. G., Tamura Y. X. Antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from dogs and cats in primary veterinary hospitals in Japan. *Japanese Journal of Infectious Diseases*. 2017. Vol. 70, № 4, P. 461–463. [DOI:10.7883/yoken.jjid.2016.536](https://doi.org/10.7883/yoken.jjid.2016.536).
164. Elshabrawy M. A., Abouelhag H. A., Khairy E. A., Marie H. S., Hakim A. S. Molecular divergence of *Staphylococcus aureus* isolated from dogs and cats. *Jordan J Biol Sci*. 2020. Vol. 13, № 2, P. 139–44. DOI: 10.12691/ajmr-12-1-1.
165. Rahman M. M., Amin K. B., Rahman S. M. M., Khair A. F., Rahman M. C., Hossain A. D. Investigation of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among clinical isolates from humans and animals by culture methods and multiplex PCR. *BMC Vet Res*. 2018. Vol. 14, № 1, P. 300. [DOI:10.1186/s12917-018-1611-0](https://doi.org/10.1186/s12917-018-1611-0).
166. Bhat A. H. Bacterial zoonoses transmitted by household pets and as reservoirs of antimicrobial resistant bacteria. *Microbial Pathogenesis*. 2021. Vol. 155, № 32, P. 256–299. [DOI:10.1016/j.micpath.2021.104891](https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.104891).
167. Awosile B. B., McClure J. T., Saab M. E., Heider L. C. Antimicrobial resistance in bacteria isolated from cats and dogs from the Atlantic Provinces, Canada from 1994–2013. *Can. Vet. J.* 2018. Vol. 59, № 8, P. 885–893. [DOI:pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30104781/](https://doi.org/10.1186/1745-6215-59-8).
168. Conner J. G., Smith J. X., Erol E. H., Locke S. Y., Phillips E. H., Carter C. N. Temporal trends and predictors of antimicrobial resistance among *Staphylococcus spp.* isolated from canine specimens submitted to a diagnostic laboratory. *PLoS ONE*. 2018. Vol. 13, № 8, P. 224–321. [DOI:10.1371/journal.pone.0200719](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0200719).
169. Weese J. S.; Blondeau J. V., Boothe D. T., Guardabassi L. G.; Gumley N. O., Papich M. F., Jessen L. R., Lappin M. E., Rankin S. J., Westropp J. L. International Society for Companion Animal Infectious Diseases (ISCAID) guidelines for the

diagnosis and management of bacterial urinary tract infections in dogs and cats. *Vet. J.* 2019. Vol. 247, № 2, P. 8–25. [DOI:10.1016/j.tvjl.2019.02.008](https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2019.02.008).

170. Mukerji S. H., O'Dea M. O., Barton M. Z., Kirkwood R. F., Lee T. A., Abraham S. B. Development and Transmission of Antimicrobial Resistance among Gram-Negative Bacteria in Animals and Their Public Health Impact. *Essays Biochem.* 2017. Vol. 61, № 1, P. 23–35. [DOI:10.1042/ebc20160055](https://doi.org/10.1042/ebc20160055).

171. Bourne J. A., Chong W. L., Gordon D. M. Genetic Structure, Antimicrobial Resistance and Frequency of Human Associated *Escherichia coli* Sequence Types among Faecal Isolates from Healthy Dogs and Cats Living in Canberra, Australia. *PLoS ONE*. 2019. Vol. 14, № 4, P. 115–135. [DOI:10.1371/journal.pone.0212867](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212867).

172. Puvača N. X., Llanos Frutos R. G. Antimicrobial Resistance in *Escherichia coli* Strains Isolated from Humans and Pet Animals. *Antibiotics*. 2021. Vol. 10, № 1, P. 69. [DOI:10.3390/antibiotics10010069](https://doi.org/10.3390/antibiotics10010069).

173. Belas A. B., Menezes J. T., Gama L. T., Pomba C. G., Consortium P. R. Sharing of Clinically Important Antimicrobial Resistance Genes by Companion Animals and Their Human Household Members. *Microb. Drug Resist.* 2020. Vol. 26, № 6, P. 1174–1185. [DOI:10.1089/mdr.2019.0380](https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0380).

174. Aslam B. S., Wang W. Z., Arshad M. I., Khurshid M. J., Muzammil S. Q., Rasool M. H., Nisar M. A., Alvi R. F., Aslam M. A., Qamar M. U., Salamat M. K., Baloch Z. S. Antibiotic resistance: a rundown of a global crisis. *Infect Drug Resist.* 2018. Vol. 11, № 10, P. 1645–1658. [DOI:10.2147/idr.s173867](https://doi.org/10.2147/idr.s173867).

175. Centers for Disease Control and Prevention. Antibiotic/Antimicrobial Resistance (AR/AMR). 2020. Retrieved from <https://www.cdc.gov/drugresistance/index.html>

176. Annunziato G. A. Strategies to Overcome Antimicrobial Resistance (AMR) Making Use of Non-Essential Target Inhibitors: A Review. *Int J Mol Sci.* 2019. Vol. 20, № 23 P. 5844. [DOI:10.3390/ijms20235844](https://doi.org/10.3390/ijms20235844).

177. Yang B. K., Yang F. L., Wang S. G., Wang Q. J., Liu Z. H., Feng W. V., Sun F. N., Xia P. M. Analysis of the spectrum and antibiotic resistance of uropathogens in

outpatients at a tertiary hospital. *Journal of Chemotherapy*. 2018. Vol. 30, № 3. P. 145–149. DOI:[10.1080/1120009X.2017.1418646](https://doi.org/10.1080/1120009X.2017.1418646).

178. Chervet D. M., Lortholary O. V., Zahar J. R., Dufougeray A. D., Pilmis B. S., Partouche H. H. Antimicrobial resistance in community-acquired urinary tract infections in Paris in 2015. *Médecine et Maladies Infectieuses*. 2017. Vol. 48, № 3. P. 188–192. DOI:[org/10.1016/j.medmal.2017.09.013](https://doi.org/10.1016/j.medmal.2017.09.013).

179. Seitz M. K., Stief C. Y., Waidelich R. H. Local epidemiology and resistance profiles in acute uncomplicated cystitis (AUC) in women: A prospective cohort study in an urban urological ambulatory setting. *BMC Infectious Diseases*. 2017. Vol. 17, № 7. P. 361. DOI:[10.1186/s12879-017-2789-7](https://doi.org/10.1186/s12879-017-2789-7).

180. ECDC Surveillance of antimicrobial resistance in Europe 2018, Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control. 2019. DOI [10.2900/22212](https://doi.org/10.2900/22212). <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/surveillance-antimicrobial-resistance-Europe-2018.pdf>

181. Carmo L. P. Swiss Antibiotic Resistance Report. Usage of Antibiotics and Occurrence of antibiotic resistance in bacteria from humans and animals in Switzerland. 2018. P. 1–197. https://www.academia.edu/87287533/Swiss_antibiotic_resistance_report_2018_Usage_of_antibiotics_and_occurrence_of_antibiotic_resistance_in_bacteria_from_humans_and_animals_in_Switzerland

182. Tacconelli N. K., Magrini Y. D., Carmeli S. I., Harbarth G. V., Kahlmeter J. F., Kluytmans M. X., Mendelson C. E., Pulcini N. A., Singh U. M. Theuretzbacher Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics. World Health Organization 2017. Vol. 4, P. 1–7 № 8. DOI:[org/10.1016/s1473-3099\(17\)30753-3](https://doi.org/10.1016/s1473-3099(17)30753-3).

183. Демченко С. І. Інституція можливості захисту від інфекційних захворювань в Україні Часопис Київського університету права. 2020. № 1, С. 196–202. DOI:[10.36695/2219-5521.1.2020.40](https://doi.org/10.36695/2219-5521.1.2020.40).

184. 19. Hagman R. D. Pyometra in Small Animals 2.0. *Vet. Clin. N. Am. Small Anim. Pract.* 2022. Vol. 52, № 3, P. 631–657. DOI:[org/10.3390/microorganisms10122465](https://doi.org/10.3390/microorganisms10122465).

185. Lopes C. E., De Carli S., Riboldi C. I., De Lorenzo C., Panziera W., Driemeier D., Siqueira F. M. Pet pyometra: Correlating bacteria pathogenicity to endometrial histological changes. *Pathogens*. 2021. Vol. 10, № 5, P. 833. DOI:[10.3390/pathogens10070833](https://doi.org/10.3390/pathogens10070833)

186. Ferri M. F., Ranucci E. B., Romagnoli P. S., Giaccone V. E. Antimicrobial resistance: A global emerging threat to public health systems. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 2017. Vol. 57, № 13, P. 2857–2876. DOI:[10.1080/10408398.2015.1077192](https://doi.org/10.1080/10408398.2015.1077192).

187. Ruzante J. M., Harris B. S., Plummer P. S. Surveillance of antimicrobial resistance in veterinary medicine in the United States: Current efforts, challenges, and opportunities. *Sec. Veterinary Infectious Diseases*. 2022. Vol. 20, № 9, P. 67–74. DOI:[10.3389/fvets.2022](https://doi.org/10.3389/fvets.2022).

188. Таблиці граничних значень для інтерпретації МІК та зон затримки росту EUCAST (Версія 14.0, діє з 2024-01-01). Режим доступу: <http://surl.li/kcatpw>

189. Закон України “Про захист тварин від жорстокого поводження” <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/3447-15#Text>

190. Про захист тварин від жорстокого поводження: Закон України від 21.02.2006 р. № 3447-IV: станом на 6 листоп. 2023 р. URL: <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/3447-15#Text>.

191. Farrokhazar E. J., Soheila M. B., Karimiz S. K. Prevalence of extended beta-lactamase genes of the AmpC type in ciinical samples *E. coli* isolated from birds and humans. *International Jornal of Medical Researh Healt Sciences*. 2016. Vol. 5, № 7, P. 83–93. DOI:[10.5812/ircmj.96842](https://doi.org/10.5812/ircmj.96842).

192. FAO. *One Health training manual*. Cairo 2024. P. 1–68. Doi:[10.4060/cc9282en](https://doi.org/10.4060/cc9282en). <https://openknowledge.fao.org/items/beed1dd2-88b2-434d-8ff0-a805f5d7dd5d>.

193. **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О. Проблема антимікробної резистентності в Україні та світі. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 2. С. 33–42. DOI: [10.33245/2310-4902-2022-176-2-33-41](https://doi.org/10.33245/2310-4902-2022-176-2-33-41).

194. Яремчук А. В., Чемеровський В. О., Рубленко М. В., **Чемеровська І. О.**, Рубленко І. О. Лікування ранової анаеробної інфекції у великої рогатої худоби:

клінічний приклад у корови. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2023. № 2. С. 202–209. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-184-2-202-209.

195. Закон України про схвалення Державної стратегії боротьби із стійкістю до протимікробних препаратів на період до 2030 року та затвердження операційного плану заходів з її реалізації у 2024-2026 роках. С. 1–250. <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/1265-2024-%D1%80#Text>.

196. Ушкалов В. О., Салманов А. Г., Виговська Л. М., Мачуський О. В., Кассіч В. Ю., Романько М. Є., Січкач Б. В. Стимування антибіотикорезистентності та перспективи використання аутогенних вакцин у ветеринарній медицині. *One Health Journal*. 2023. № 1, С. 16–23. URL: DOI:10.31073/onehealthjournal2023-I-02.

197. Kukhtyn M. D, Horiuk Y. H., Salata V. R., Klymyk V. L., Vorozhbit N. S., Rushchinskaya T. O. *Staphylococcus aureus* of raw cow's milk. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Veterinary Sciences*. 2021. № 23, С. 53-59. DOI:10.32718/nvlvet10208.

198. Кісера Я. В., Божик Л. Я., Гриневич Н. Є. Мартинів Ю. В. Видовий склад циркулюючої мікрофлори та її стійкість до антибактеріальних препаратів в умовах ветеринарної клініки “Імпульс” міста Львів *Науковий вісник ветеринарної медицини*. Біла Церква: БНАУ, 2021. № 2. С. 65–71. DOI: 10.33245/2310-4902-2021-168-2-65-71.

199. Кривенко Н. М., Рубленко І. О., Рубленко С. В., Козій В. І., Шаганенко, Р. В. Антибіотикорезистентність мікрофлори до препаратів за кон'юнктивітів котів бактеріального походження. *Науковий вісник ЛНУ ветеринарної медицини та біотехнологій*. 2023. № 25, С. 20–25. DOI://doi.org/10.32718/nvlvet11004.

200. Кісера Я. В., Божик Л. Я., Гриневич Н. Є., Сторчак Ю. Г. Видовий склад циркулюючої мікрофлори та її стійкість до антибактеріальних препаратів в умовах ТОВ “Квант Систем”. *Наук. вісник вет. медицини: зб. наук. Праць*. 2020. № 1, С. 12–20. DOI:10.332452310-4902-2020-154-1-12-20.

201. Савченко М. О., Корнієнко Л. Є., Тарасов, О. А., Довгаль О. В., Білик С. А., Довгенко В. В, Царенко Т. М. Мікробіологічна характеристика та

антибіотикорезистентність польових ізолятів *Streptococcus*. *Наук. вісник вет. медицини: зб. наук. праць*. 2022. № 1, С. 72–80. DOI:10.33245/2310-4902-2022-173-1-72-80.

202. Rublenko I. O., **Chemerovska I. O.**, Bolibrukh M. O., Taranuha S. I., Nasarenko M. S., Rublenko S. V. Examination of urine microflora and resistance of isolated pathogens during inflammatory processes of the urinary tract in dogs. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2023. № 1. С. 70–80. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-180-1-70-80

ДОДАТКИ

Результати біоетичної експертизи

Висновок 1/20

Етичного комітету у БНАУ з питань поводження з тваринами
у наукових дослідженнях та освітньому процесі

Заявка №1/20 від 14 березня 2025 р. щодо експертизи завершеної науково-дослідної роботи на тему: «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних процесів», яка була виконана в рамках виконання дисертаційної роботи.

Заявка, подана на розгляд аспірантом кафедри мікробіології та вірусології І.О. Чемеровською (науковий керівник доктор ветеринарних наук, професор І.О. Рубленко), розглянута Біоетичним комітетом на засіданні 18 березня 2025 р., Протокол № 20.

Рішення Етичного комітету:
Схвалити проведені дослідження

Голова:
доктор економічних наук,
професор



Варченко О.М.

Секретар



Пахомова А.О.

18 березня 2025 р.

Додаток Б

Акти впровадження матеріалів дисертаційної роботи у ветеринарну практику клінік дрібних домашніх тварин України

Додаток Б 1



КДТ «Ветеринарна допомога» (ФОП
Тихоненко С.С.)

м. Біла Церква, вул. Шолом-
Алейхем, 44

« 28 » лютого 2025 р.

АКТ

впровадження результатів дисертаційної роботи у ветеринарну практику

Матеріали дисертаційної роботи «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій» аспірантки кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету Чемеровської Ірини Олегівни використовуються під час проведення лікування дрібних домашніх тварин (піометра, отит, гнійні рани, абсцеси, флегмони, піодермії), а також для ідентифікації збудника з біологічного матеріалу та визначення його чутливості до антибактеріальних препаратів.

Директор клініки дрібних тварин
«Ветеринарна допомога»



Тихоненко С.С.

Аспірантка кафедри мікробіології та
вірусології БНАУ

Чемеровська І.О.

Головний лікар

Приватної клініки ветеринарної

Медицини «Ветплюс»

м. Біла Церква



Є.М. Круглов

« 16 » 10 2020 2025 р.

АКТ

впровадження результатів

дисертаційної роботи

у ветеринарну практику

Через значне розповсюдження патогенних бактерій, набуває актуальності проблема лікування гнійних інфекцій у тварин.

Матеріали дисертаційної роботи аспірантки кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету Чемеровської Ірини Олегівни на тему «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій» використовується в практичній роботі лікарів ветеринарної клініки «Ветплюс» м. Біла Церква.

Головний лікар приватної клініки
Ветеринарної медицини «Ветплюс»

 Круглов Є.М.

Аспірантка кафедри мікробіології та
вірусології БНАУ

 Чемеровська І.О.

Додаток В

Акти та картки зворотного зв'язку про впровадження матеріалів дисертаційної роботи у навчальний процес і наукові дослідження

Додаток В 1

ЗАТВЕРДЖЕНО:
проректор з наукової роботи
Львівського національного університету
ветеринарної медицини та
біотехнологій імені С. З. Гжицького
доцент О. М. Федот
«26» березня 2025 р.



АКТ

Про впровадження/використання результатів дисертаційної роботи у навчальний процес

Цим актом стверджується, що результати дисертаційної роботи аспірантки кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету Чемеровської Ірини Олегівни на тему: «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій» впроваджені у навчальний процес при вивченні таких дисциплін, як «Ветеринарна мікробіологія та імунологія», «Клінічна мікробіологія», та використовуються в наукових дослідженнях на кафедрі мікробіології та вірусології Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені С. З. Гжицького

Розглянуто і схвалено на засіданні кафедри мікробіології та вірусології, протокол засідання кафедри № 6 від 26 лютого 2025 року.

В.о. завідувача кафедри
мікробіології та вірусології
к. вет. н., доцент

В. о. декана факультету
ветеринарної медицини
к. вет. н., доцент


КАЛІНІНА О. С.


ПУНДЯК Т. О.

«Затверджую»

Заступник директора, керівник
випробувального центру ДНДІЛДВСЕ,



Наталія КУРЯТА

2025 р.

КАРТКА ЗВОРОТНЬОГО ЗВ'ЯЗКУ

Матеріали дисертаційної роботи (в т. ч. окремі ізоляти) здобувача кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету Чемеровської Ірини Олегівни «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій» використовуються у роботі та наукових дослідженнях Державного науково-дослідного інституту з лабораторної діагностики та ветеринарно-санітарної експертизи.

Завідувач науково-дослідного
бактеріологічного відділу
ДНДІЛДВСЕ, м.наук. сп.

Ірина Мусієць

Кандидат ветеринарних наук,
доцент, ДНДІЛДВСЕ, ст.наук. сп.

Ольга Горбатюк



«Затверджую»

Проректор з освітньої, виховної
та міжнародної діяльності
Білоцерківського національного
аграрного університету,
доктор сільськогосподарських
наук, професор

Т.М. Димань
«10» березня 2025 р.

АКТ

про впровадження результатів у освітній процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій», представленої на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина», виконаної аспіранткою кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету, Чемеровською Іриною Олегівною, розглянуто на засіданні кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету (протокол № 9 від 25 лютого 2025 року).

Результати отриманих даних щодо поширення зоонозних бактерій та дослідження їх антибіотикорезистентності використовуються під час читання лекцій, проведення практичних занять (із дисциплін: «Ветеринарна мікробіологія та імунологія», «Клінічна мікробіологія», «Зоонози та концепція Єдиного здоров'я», «Харчова мікробіологія»), а також у наукових дослідженнях для підготовки здобувачів із спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина» у Білоцерківському національному аграрному університеті.

Декан факультету ветеринарної
медицини, кандидат ветеринарних
наук, доцент

Т.М. Царенко

Завідувач кафедри мікробіології
та вірусології, доктор ветеринарних наук,
професор

І.О. Рубленко

«Затверджую»
 проректор з науково-педагогічної та
 методичної роботи Одеського
 державного аграрного університету
 Ірина Малецька
 «11.04.2025» 2025 р.



АКТ
про впровадження результатів
дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Спектр зоонозних бактерій, виділених від тварин за розвитку гнійних інфекцій», представленої на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – Ветеринарна медицина, виконана здобувачем кафедри мікробіології та вірусології Білоцерківського національного аграрного університету Чемеровською Іриною Олегівною, впроваджені у навчальний процес за викладання ОК «Ветеринарна мікробіологія» у підготовці фахівців ОП 211 «Ветеринарна медицина» на кафедрі інфекційної патології, біобезпеки та ветеринарно-санітарного інспектування ім. професора В. Я. Атамася Одеського державного аграрного університету.

Розглянуто та схвалено на засіданні кафедри інфекційної патології, біобезпеки та ветеринарно-санітарного інспектування ім. професора В. Я. Атамася Одеського державного аграрного університету (протокол № 12 від 11.04.2025 р.).

Завідувач кафедри інфекційної патології,
 біобезпеки та ветеринарно-санітарного
 інспектування ім. професора В. Я. Атамася,
 доктор ветеринарних наук,
 професор

Ігор ПАНІКАР

В.о. декана факультету ветеринарної
 медицини, кандидат ветеринарних
 наук, доцент

Катерина РОДІОНОВА

Науково-практичні рекомендації

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**

ФАКУЛЬТЕТ ВЕТЕРИНАРНОЇ МЕДИЦИНИ

Кафедра мікробіології та вірусології

**МІКРОБІОЛОГІЧНИЙ ПЕЙЗАЖ
ЕКСУДАТУ РІЗНИХ ВИДІВ ТВАРИН
ЗА ГНІЙНО-ЗАПАЛЬНИХ ПРОЦЕСІВ**

Науково-практичні рекомендації для студентів,
практикуючих лікарів ветеринарної медицини,
науково-педагогічних працівників, слухачів післядипломної
освіти та аспірантів вищих навчальних закладів
зі спеціальності 211 – “Ветеринарна медицина”

Біла Церква
2025

УДК 619:576.8(07)

Затверджено вченою радою ФВМ
(Протокол №7 від 20.03.2025 р.)

Укладачі:

Рубленко І.О., доктор ветеринарних наук, професор;

Чемеровська І.О., магістр ветеринарної медицини;

Рубленко С.В., доктор ветеринарних наук, професор

Рубленко І.О., Чемеровська І.О., Рубленко С.В. / за ред. професора
І.О. Рубленко. Мікробіологічний пейзаж ексудату різних видів тварин за
гнійно-запальних процесів. Біла Церква: БНАУ, 2025. 22 с.

Рекомендовано студентам-магістрантам, практикуючим лікарям
ветеринарної медицини, науково-педагогічним працівникам, слухачам
післядипломної освіти та аспірантам вищих навчальних закладів зі
спеціальності 211 – “Ветеринарна медицина”.

Рецензенти:

Ільніцький М.Г., доктор ветеринарних наук, професор
(Білоцерківський національний аграрний університет);

Яремчук А.В., кандидат ветеринарних наук, доцент
(Білоцерківський національний аграрний університет).

© БНАУ, 2025

Методичні рекомендації

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ
УНІВЕРСИТЕТ
ФАКУЛЬТЕТ ВЕТЕРИНАРНОЇ МЕДИЦИНИ

Кафедра мікробіології та вірусології

ЗАГАЛЬНА МІКРОБІОЛОГІЯ

методичні рекомендації для забезпечення практичної та самостійної роботи
студентів, фахівців лабораторій та науково-дослідних установ ветеринарної
медицини, викладачів
факультету ветеринарної медицини

Біла Церква
2023

УДК 619:576.8(07)

Затверджено на засіданні кафедри мікробіології та вірусології (Протокол № 29 від 12 липня 2023 р.)
Затверджено методичною комісією факультету ветеринарної медицини (Протокол № 2 від 21 вересня 2023 р.)
Затверджено вченою радою факультету ветеринарної медицини (Протокол № 8 від 04.10.2023)

Укладачі: Рубленко І.О., Зоценко В.М., Четч О.М., Таранука С.І.,
Островський Д.М., Черновська І.О., Мусієць І.В., Горбатюк О.І.

Загальна мікробіологія: методичні рекомендації для забезпечення практичної та самостійної роботи студентів, фахівців лабораторій та науково-дослідних установ ветеринарної медицини, викладачів факультету ветеринарної медицини: освітній рівень 211 "Ветеринарна медицина" / Рубленко І.О., Зоценко В.М., Четч О.М., Таранука С.І., Островський Д.М., Черновська І.О., Мусієць І.В., Горбатюк О.І. – Біла Церква, 2023, 76 с.

Методичні вказівки складені відповідно до програми з загальної мікробіології. Кількість, перелік та порядок виконання робіт на практичних заняттях визначені робочим планом вивчення курсу "Ветеринарна мікробіологія та вірусологія". Кожна робота розпочинається короткими теоретичними обґрунтуваннями матеріалу для вивчення, що полегшує підготовку студентів до виконання практичних завдань.

Рецензенти: Білик С.А., канд. вет. наук, доцент Білоцерківського НАУ
Шаганенко Р.В., канд. вет. наук, доцент Білоцерківського НАУ

Біла Церква

Підручник

МІНІСТЕРСТВО АГРАРНОЇ ПОЛІТИКИ ТА ПРОДОВОЛЬСТВА УКРАЇНИ
БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

ФАКУЛЬТЕТ ВЕТЕРИНАРНОЇ МЕДИЦИНИ

Кафедра мікробіології та вірусології

ВЕТЕРИНАРНА МІКРОБІОЛОГІЯ

Підручник із спеціальної мікробіології

Біла Церква

2024

УДК 619:576.8(07)

Затверджено вченою радою факультету ветеринарної
медицини

Укладачі: **Рубленко І.О., Зоценко В.М.,** Островський Д.М., **Тарануха С.І.,** Чемеровська І.О., Болібрux М.О., Мусієць В.В., Чечет О.М., Горбатюк О.І.

Ветеринарна мікробіологія: Підручник із спеціальної мікробіології для студентів факультету ветеринарної медицини. Рубленко І.О., Зоценко В.М., Островський Д.М., та ін. Біла Церква, 2024, с. 200.

Рецензенти: Білик С.А., Шаганенко Р.В.

© БДАУ, 2024

Акти відбору проб

Додаток Ж 1

Акт

відбору проб зразків

"16" грудня 2024 р.

м.і.г.о. Одеса, вул. Академіка Корольова 63,
Ветеринарна клініка "Вет-Експерт"

(ветеринарна клініка, назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Директор Шутчик Олег Петрович
2. Лікар Горобей Олексій Михайлович
3. Асистентка Тенерова Ірина Олександрівна

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від тварин (собак, котів) у кількості 30 проб.

Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



Шутчик О.П.
Горобей О.М.
Тенерова І.О.

Акт

відбору проб зразків

"13" грудня 2024 р.

м. Вінниця, вул. Патішкіна 3

Ветеринарний центр "Знаблених"

(ветеринарна клініка, назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Директор Литвинюк Р. В.

2. Мед. Зразл. Н. В.

3. Легістич. Черевська Т. О.

(прізвище та посада)

Відібрати зразки від тварин (собак, котів) у кількості 24 проб.

Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



Дир. Литвинюк Р. В.
Мед. Зразл. Н. В.
Легістич. Черевська Т. О.

Акт

вiдбору проб зразкiв

"11" грудня 2024 р.

м. Бiла Церква, вул. Тарашанська 191 а
Ветеринарна клініка "Трайд"

(ветеринарна клініка, ферма, молочно-товарна ферма, назва підприємства, місце
 вiдбору проб зразкiв)

Комісія у складі:

1. Савченко Євген Миколайович
 2. Іванюк-Горюнов Дмитро Кирилович
 3. Літерняк Тетяна Іванівна
- (прізвище та ініціала)

Вiдiбрали зразки вiд тварин (собак, котiв) у кiлькостi 22 проб.

Зразки направляли для мiкробіологічного дослідження у Пiвчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Бiлоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



Літерняк Т.І.
Іванюк-Горюнов Д.К.
Савченко Є.М.

Акт

відбору проб зразків

"16" грудня 2024 р.

Повідомство з обмеженою відповідальністю ТОВ "Міжріччя - АГРО" Київська обл. Володарський р-н, с. Іванівка вул. Центральна

(назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Директор Рубачук Сергій Іванович
2. Фелікс Мазур Степан Іванович
3. Медіцина Терновська Тріна Іванівна

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від великої рогатої худоби у кількості 26 проб.

Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Цивільно-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білгородського національного аграрного університету

Підписи:

 Рубачук С.І.
Мазур С.І.
Терновська Т.І.

**Акт
відбору проб зразків**

"18" жовтня 2024 р.

Відшкодування втрат сировини з обсягів виробництва
СПВОВ "Агрофірма Верба" Вінницька обл. Чернівецька р-н с. Рудка
(назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. керівник Титаренко І.В.
2. доцент Мельник С.І.
3. асистент Черновикова Т.О.

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від великої рогатої худоби у кількості 24 проб.
Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Павчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



І.В. Титаренко
С.І. Мельник
Т.О. Черновикова

Акт

відбору проб зразків

"18" грудня 2024 р.

Білоцерківський р-н, с. Мокшівкавул. Садова 1

(ферма, молочно-товарна ферма, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. директор Бабенко В. П.2. тимчасовий Миченко А. П.3. аспірантка Гелерівська І. О.

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від великої рогатої худоби у кількості 18 проб.
Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



В. П. Бабенко
А. П. Миченко
І. О. Гелерівська

Акт

відбору проб зразків

“ 9 ” грудня 2024 р.

с. Вишківське, вул. Партизанська 21а.
Київська обл.

(назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Ігор Черкас П. С.
2. доктор Павленко І. В.
3. аспірантка Черновська І. О.

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від оленів у кількості 6 проб. Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:



Черкас П. С.
Павленко І. В.
Черновська І. О.

Акт

відбору проб зразків

“ 6 ” грудня 2021 р.

Приватне підприємство „Три-май“, Львівська обл.,
Жагичка - Будишів р-н, вул. Свободи 24, с. Стрелів
 (назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Директор Гайовишин Олег Пантелеймонович
2. Лікар Ганейчук Ольга Валентинівна
3. Асистентка Гещерівська Ірина Олександрівна
 (прізвище та посада)

Відібрали зразки від оленів у кількості 13 проб. Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:

Олег Гайовишин О. П.
Ольга Ганейчук О. В.
Ірина Гещерівська І. О.

Акт

відбору проб зразків

“ 4 ” грудня 2024 р.

Товариство з обмеженою відповідальністю “Сорго” с.п.з.
Ужгородський р-н, м. Ужгород вул. Героїв Майдану 28.

(назва підприємства, місце відбору проб зразків)

Комісія у складі:

1. Директор Рикало М. С.
2. Лікар Ганейчук О. В.
3. Асистентка Целеровська І. О.

(прізвище та посада)

Відібрали зразки від оленів у кількості 8 проб. Зразки направляли для мікробіологічного дослідження у Навчально-наукову лабораторію молекулярної діагностики факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету

Підписи:

Рек. Рикало М. С.
Лікар Ганейчук О. В.
Асистентка Целеровська І. О.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Статті у наукових фахових виданнях України:

1. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О. Проблема антимікробної резистентності в Україні та світі. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 2. С. 33–42. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-176-2-33-41 (здобувачка провела аналіз літературних джерел, систематизувала дані сформулировала висновки та брала участь у написанні статті, 0,6 д.а).

2. Яремчук А. В., Чемеровський В. О., Рубленко М. В., **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О. Лікування ранової анаеробної інфекції у великої рогатої худоби: клінічний приклад у корови. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2023. № 2. С. 202–209. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-184-2-202-209 (здобувачка провела мікробіологічні дослідження, систематизувала дані та брала участь у написанні статті, 0,5 д.а).

3. **Chemerovska I. O.,** Rublenko I. O. Monitoring of microflora in case of infectious pathology in dogs and cats. *Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 2023. Vol. 25, № 112. P. 3–15. [DOI:10.32718/nvlvet11201](https://doi.org/10.32718/nvlvet11201) (здобувачка брала безпосередню участь у проведенні морфологічних і культуральних досліджень, формулюванні висновків та написанні статті, 1 д. а).

4. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О., Мусієць І. В., Горбатюк О. І. Поширення патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів у сировині та продукції тваринного походження. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького*. 2024. № 116. С. 54–63. [DOI:10.32718/nvlvet11608](https://doi.org/10.32718/nvlvet11608) (здобувачка провела аналіз поширення умовно-патогенних мікроорганізмів, 1 д. а).

5. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О. Визначення чутливості до антибіотиків у ізолятів, виділених від собак та котів. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2024. № 2. С. 69–87. DOI:10.33245/2310-4902-2024-192-2-69-87 (здобувачка

безпосередню участь у вивченні антибіотикорезистентності збудників та підготувала статтю до друку, 1,5 д. а).

6. **Чемеровська І. О.** Дослідження мікрофлори великої рогатої худоби та оленів за розвитку ран, абсцесів та ендометритів. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького*. 2025. №. 117 С. 158–165. DOI:10.32718/nvlvet11722. (здобувачка безпосередню участь у вивченні антибіотикорезистентності збудників та підготувала статтю до друку, 0,5 д. а).

Матеріали науково-практичних конференцій:

1. **Чемеровська І. О.,** Тарануха С. І., Островський Д. М., Андрійчук А. В., Зоценко В. М., Рубленко І. О. Проблема діагностики інфекційних захворювань серед диких тварин в Україні. Матеріали Всеукраїнської науково-практичної конференції здобувачів вищої освіти “Молодь – аграрній науці і виробництву” Актуальні проблеми ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний університет Білоцерківський національний аграрний університет м. Біла Церква 19 травня 2022 р. С. 39–41 (здобувачка організувала проведення дослідження, виконала мікробіологічні дослідження, 0,8 д. а).

2. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О. Поширення інфекційних захворювань тварин та резистентності мікроорганізмів на території України. Міжнародна науково-практична конференція магістрантів. Наукові пошуки молоді у ХХІ столітті. Актуальні проблеми ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний університет м. Біла Церква 18 листопада 2021 р. С. 51–53 (здобувачка провела аналіз проблематики антибіотикорезистентності з літературних джерел, 0,15 д. а).

3. **Чемеровська І. О.,** Рубленко І. О., Скрипник В. Г., Зоценко В. М., Островський Д. М., Тарануха С. І., Болібрux М. О. Сучасні методи діагностики та ідентифікації збудників зоонозів. Матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Аграрна освіта та наука: досягнення, роль, фактори росту сучасний розвиток ветеринарної медицини. Білоцерківський національний аграрний

університет м. Біла Церква 20 жовтня 2022 р. С. 45–46 (*здобувачка організувала проведення дослідів, було ідентифіковано збудників, 0,15 д. а).*

4. Чемеровська І. О., Рубленко І. О., Зоценко В. М. Моніторинг поширення інфекційних процесів у великої рогатої худоби. Наукова-конференція “Дні студентської науки” у Львівському національному університеті ветеринарної медицини та біотехнологій імені С. З. Гжицького, Факультет громадського розвитку та здоров’я. м. Львів 16-17 травня 2024 р. С. 480–485 (*здобувачка провела відбір досліджуваних проб від великої рогатої худоби за різних патологічних процесах, 0,15 д. а).*

5. Чемеровська І. О. Дослідження небезпечних зоонозних мікроорганізмів в Україні. Онлайн-конференція аспірантів і молодих вчених у сфері Єдиного здоров’я та біотехнології “VetBioConnect” м. Харків 3 червня 2024 р (*здобувачка організувала проведення дослідів, виконала діагностику небезпечних зоонозних мікроорганізмів, 0,15 д. а).*

Методичні рекомендації:

1. Рубленко І. О., Зоценко В. М., Тарануха С. І., Островський Д. М., **Чемеровська І. О.** Загальна мікробіологія. Методичні рекомендації для студентів факультету ветеринарної медицини. Біла Церква, 2023. 70 с. (*здобувачка є автором ідеї, покладеної в основу розробки, брала безпосередню участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 2,9 д. а).*

Науково-практичні рекомендації

1. Рубленко І. О., **Чемеровська І. О.,** Рубленко С. В. Мікробіологічний пейзаж ексудату різних видів тварин за гнійно-запальних процесів. Науково-практичні рекомендації для студентів, практикуючих лікарів ветеринарної медицини, науково-педагогічним працівників, слухачів післядипломної освіти та аспірантів вищих навчальних закладів зі спеціальності 211 – “Ветеринарна медицина”. Біла Церква, 2025. 22 с (*здобувачка, брала безпосередню участь у*

проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 0,9 д. а).

Підручник

1. Рубленко І. О., Зоценко В. М., Островський Д. М., Тарануха С. І., **Чемеровська І. О.**, Болібрух М. О., Мусієць В. В., Чечет О. М., Горбатюк О. І. Ветеринарна мікробіологія. Біла Церква, 2024. 200 с. (здобувачка, брала участь у дослідженнях, підготовці та написанні підручника, 8,3 д. а).
https://rep.btsau.edu.ua/bitstream/BNAU/11923/1/спеc_micr.pdf.