

(19) S. 313-325.

19 Kivalkina V. P. Propolis, ego antimikrobnye i lechebnye svoystva [Tekst] / avtoref. dis. ... d-ra biol. nauk. Kazan'; 1964.

20 Gunar, O.V. Analiz antimikrobnoj aktivnosti preparatov propolisa pri provedenii ekspertizy kachestva lekarstvennyh sredstv [Tekst] / O.V. Gunar, N.G. Sahno //Ezhekvartal'nyj recenziruemyy nauchno-prakticheskij zhurnal Vedomosti Nauchnogo centra ekspertizy sredstv medicinskogo primeneniya. 2015. № 2, S. 17-19.

21 Saidova, L. B. Propolis v medicine (primeneniye propolisa v narodnoj i nauchnoj medicine) [Tekst] / L. B. Saidova, I. D. Karomatov, D. B. Rahmatova, Warsaw: RS GlobalSp. z O. O., 2021. 109 s.

22 Dushaeva, L. ZH. Kejbir dastyrlı dezinfekciyalık zattar men tabıgı kosylıstardan alyngan onımderdin bakteriyaga karsy kasiyterinin tiımdiligin eksperimenttik negizdeu [Tekst] / L. ZH. Dushaeva, M. B. Marat, K. E. Murzabaev, A. S. Ishchanova, B.O. Ertleuova, A. U. Sabyrzhanov, A. M. Nametov // Nauchno-prakticheskij zhurnal ZKATU im. ZHanger hana «Gylym zhane bilim» 2022. Tom 1. № 4 (69).S. 139–148.

ТҮЙІН

Заманауи тәжірибелік дезинфекцияда идеалды химиялық заттар жоғары дезинфекциялық белсенділікпен және кейбір басқа қасиеттермен бірге экологиялық қауіпсіздікпен, адамдар мен жануарларға уытты әсердің минимумымен, пайдаланылған ерітіндіні жоюдың қарапайымдылығымен ерекшеленуі керек деп тұжырымдалады. Бұл мәселені шешу үшін табиғи, химиялық емес антисептиктердің маңызы зор шығу тегі. Бактерицидтік, фунгицидтік әсерге ие және экологиялық таза табиғи антисептик терол - анолит АНК, озон (O₃), шүнгит көміртегі, прополис. Оларды медициналық және ветеринариялық мақсаттағы объектілерді дезинфекциялау және зарарсыздандыру үшін пайдалануға болады. Анолит, озон, шүнгит, прополис және олардың шүнгит+озон+анолит "Шозан", прополис+озон+анолит "Прозан", шүнгит+прополис+озон+анолит "Шүпрозан" кешендерінің зертханалық жануарларға токсикологиялық және аллергиялық қасиеттерін анықтау үшін зерттеудің мақсаты болып табылады. Зерттеу нәтижелері бойынша табиғи шыққан антисептиктер және олардың кешендері 1 мл дозада бір рет құрсақшілік енгізгенде зертханалық тышқандарға уытты әсер етпейді. Көздің конъюнктивасының қабығы мен шырышты қабығына аллергиялық әсер етпейді. Тері-резорбтивті реакцияны анықтау кезінде теріге аллергиялық әсер етпейді. Негізгі антисептиктер ерітінді концентрациясындағы этанол 20% және ерітінді концентрациясындағы сутегі асқын тотығы 1% зертханалық тышқандарға 1 мл дозада бір рет құрсақшілік енгізгенде уытты әсер етеді және олардың өліміне әкеледі. Қояндардағы көздің конъюнктивасының қабығы мен шырышты қабығына аллергиялық әсер етеді, тері-резорбтивті реакцияны анықтау кезінде қояндардың терісіне аллергиялық әсер етеді.

УДК: 579.842.14:637.075
МРНТИ:76.33.35

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-1-227-236

Бармак С. М., магистр технических наук, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0002-6193-5390>

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт перерабатывающей и пищевой промышленности», г. Алматы, пр. Гагарина 238/5, 050060, sabyr95@mail.ru

Султанкулова Г.Т., кандидат медицинских наук, <https://orcid.org/0000-0002-6193-5390>

Казахский национальный медицинский университет им. Асфендиярова, г. Алматы, ул. Төле би 94, 050012, arai_00.0@mail.ru

Жолдыбаева Е.В., кандидат биологических наук, <https://orcid.org/0000-0002-9677-008X>,
ТОО «Национальный центр биотехнологии», г. Астана, Кургальжинское шоссе, здание 13/5, 010000, lenazhol@gmail.com

Barmak S. M., master of biotechnology, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0002-6193-5390>,
«Kazakh Research Institute of Processing and Food Industry» LLP, Almaty, Gagarinast. 238/5, 050060, sabyr95@mail.ru

Sultankulova G.T., candidate of Medical Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-6193-5390>

«Kazakh National Medical University Asfendiyarov», Almaty, Tole bist. 94, 050012, arai_00.0@mail.ru
Zholdybaeva E. V., candidate of Biological Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-9677-008X>,
 «National Center for Biotechnology» LLP, Astana, Kurgalzhinskoyeroad, 13/5, 010000, lenazhol@gmail.com

ВЫЯВЛЕНИЕ БАКТЕРИИ *SALMONELLA ENTERICA* В ПРОДУКТАХ ПИТАНИЯ DETECTION OF *SALMONELLA ENTERICA* IN FOODSTUFFS

Аннотация

Сальмонеллезная инфекция стала одним из самых распространенных зоонозов в мире. Продолжающийся рост заболеваемости сальмонеллезом во многих странах, увеличение числа выделяемых от животных и людей сероваров сальмонелл, контаминация данными бактериями пищевых продуктов животного происхождения, объектов внешней среды, выдвигают эту зоонозную инфекцию в ряд важнейших не только ветеринарных, но и медицинских, экологических и социальных проблем. По заключению ВОЗ, сальмонеллез не имеет себе равных по сложности развития как эпизоотического, так и эпидемического процессов и по трудности борьбы с ним. В настоящей работе показаны результаты оценки контаминации сальмонеллой пищевых продуктов. Выделение бактерии *Salmonella enterica* подтверждено методами ПЦР и секвенирования гена рибосомной 16S рРНК. ДНК образцов положительные на бактерии *Salmonella* были секвенированы с использованием праймеров специфичных к 16SpРНК. Бактерия *Salmonella enterica* была выделена в 5,66% из 300 протестированных продуктов питания в 2022 г. Бактерии *Salmonella enterica* чаще всего выделены из мяса птицы (2,33%), за которыми следовали яйца и яичные продукты (2,0%). Контаминированными *Salmonella enterica* пищевыми продуктами были мясные, куриные и молочные продукты.

ANNOTATION

Salmonella infection has become one of the most common zoonoses in the world. The continuing increase in the incidence of salmonellosis in many countries, the rise in the number of salmonella serovars isolated from animals and humans, and the contamination of food products of animal origin and environmental objects by these bacteria make this zoonotic infection one of the most important not only veterinary but also medical, environmental and social problems. According to the WHO, salmonellosis has not equal in terms of the complexity of the development of both epizootic and epidemic processes and the difficulty of combating it. This paper shows the results of assessing Salmonella contamination of food products. Isolation of the bacterium *Salmonella enterica* was confirmed by PCR and sequencing of the ribosomal 16S rRNA gene. Sample DNA positive for Salmonella bacteria was sequenced using primers specific for 16S rRNA. *Salmonella enterica* was isolated from 5.66% of 300 food products tested in 2022. *Salmonella enterica* was most commonly isolated from poultry (2.33%), followed by eggs and egg products (2.0%). The foodstuffs contaminated with *Salmonella enterica* were meat, chicken and dairy products.

Ключевые слова: *Salmonella enterica*, продукты питания, отбор проб, выделение ДНК, ПЦР, секвенирование

Key words: *Salmonella enterica*, foodstuffs, sample collection, DNA extraction, PCR, sequencing

Введение. Сальмонеллез остается постоянной угрозой для здоровья и благополучия людей и животных, несмотря на успехи, достигнутые в обнаружении, типировании и борьбе с ним. Сальмонеллез наносит ущерб животноводству и птицеводству из-за смертности, аборт, снижения производства молока, мяса и яиц.

Род *Salmonella* включает виды *Salmonella enterica* и *Salmonella bongori*, которые были предложены в 2005 году. Подвиды *Salmonella enterica* подразделяются на более чем 2500 сероваров или серотипов и включают патогены, имеющие большое медицинское и ветеринарное значение. Эти серовары сильно различаются по кругу хозяев и степени адаптации хозяев. Серотипы сальмонелл названы в соответствии с системой типирования Кауфмана-

Уайта, определяемой различными комбинациями соматических O, поверхностных Vi и жгутиковых H антигенов, которые определяют серологически определенные названия, добавленные к видам *Salmonella* как серовары или серотипы. В 2005 году *Salmonella enterica* наконец получила официальное признание в качестве типового вида рода *Salmonella*.

Сальмонеллез является одним из наиболее часто регистрируемым заболеванием пищевого происхождения во всем мире. По данным Mead (1999), примерно 96% случаев сальмонелл вызваны загрязненной пищей.

Профилактика сальмонеллеза требует принятия мер контроля на всех этапах пищевой цепочки, от сельскохозяйственного производства до переработки, изготовления и приготовления продуктов питания как в коммерческих учреждениях, так и в домашних условиях (<https://news.un.org/ru/story/2022/04/1422782>).

Ежегодно сальмонелла вызывает от 200 миллионов до более 1 миллиарда инфекций во всем мире, при этом наблюдается 93 миллиона случаев гастроэнтерита и 155 000 смертей, а 85% заболеваний связаны с пищевыми продуктами. Мясо и продукты из птицы были хорошей средой для роста сальмонелл из-за богатого содержания питательных веществ и воды. Продукты из фруктов и овощей, загрязненные фекальной флорой животных, могут стать питательной средой для сальмонеллы. Исследования на людях показали, что у пациентов может развиваться пищевое отравление после приема сальмонеллы, которая имеет гриппоподобные симптомы, включая тошноту, рвоту, боль в животе и диарею.

Целью настоящей работы было оценить контаминацию сальмонеллой пищевых продуктов с продовольственных рынков в Казахстане.

Материалы и методы исследований. Отбор проб проводили согласно ГОСТ 26668-85 «Продукты пищевые и вкусовые. Методы отбора проб для микробиологического анализа». Образцы продуктов питания отбирались на рынках г.Шымкент, г.Тараз, г.Алматы. В каждом городе были собраны по 100 образцов продуктов питания.

Перед проведением скрининга все собранные образцы прошли предварительную пробоподготовку. Продукты плотной консистенции гомогенизировали или растирали в ступках. Жидкие продукты, имеющие кислую реакцию (pH меньше 4,5), перед посевом нейтрализовали 10% стерильным раствором бикарбоната натрия до слабощелочной реакции (pH 7,0-7,4). В общей сложности было взято 300 проб из пищевого сырья и продуктов питания для исследования.

Выделение ДНК

Выделение ДНК *Salmonella enterica* из образцов проведено с использованием коммерческого реагента TRizol (Invitrogen, США) в соответствии с инструкцией производителя.

Постановка ПЦР

Амплификацию проводили на термоциклере Mastercycler X50s с использованием набора «AccuPrime™ Taq DNA Polymerase System» (Invitrogen) в соответствии с инструкцией производителя. Проведен первичный скрининг собранных образцов продуктов питания методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) на наличие ДНК *Salmonella enterica*. В работе использованы специфические праймеры SE-F (прямой) и SE-R (обратный) для выявления *Salmonella enterica* в ПЦР. Размер ПЦР продукта составляет 500 п.о.

Амплификация проведена в 25 мкл реакционной смеси следующего состава: 10хбуфер ДНК полимеразы – 2,5 мкл, 10 mM dNTP – 1 мкл., MgCl₂ – 1 мкл, 20-50 нг ДНК-матрицы, по 20 пмоль прямого и обратного праймеров и 0,5 ед. TaqДНК полимеразы.

Наработку специфических участков ДНК бактерии *Salmonella* проводили в термоциклере Mastercycler Pro (Германия). Температурный режим амплификации: 94°C-5 мин; 35 циклов - 95°C-30 сек, 55°C (для *Salmonella enterica*); -30 сек, 72°C-1 мин; 72°C-7 мин; хранение 4 °C.

Амплификация гена 16S рРНК.

Амплификация гена 16S рРНК выполняется с помощью олигонуклеотидных праймеров, соответствующих консервативным участкам гена. Смесь для проведения амплификации гена 16S рРНК состоит из следующих компонентов: 10хбуфер – 2,5 мкл, dNTP – 1 мкл, MgCl₂ – 2 мкл, праймер F – 1 мкл, праймер R – 1 мкл, Tag полимеразы – 0,5 мкл, ДНК – 3 мкл и вода до 25 мкл.

Температурно-временные параметры амплификации гена 16S рРНК проведен в следующем режиме: пре-денатурация: 94 °С – 5 мин, 35 циклов: денатурация: 95 °С – 30 с, отжиг: 55 °С – 30 с, элонгация: 72 °С – 1 мин и финальная элонгация: 72 °С – 7 мин, хранение: 4 °С.

Детекцию ПЦР продуктов проводили в гель документирующей системе BioRad. Размер ПЦР продукта, характерный для гена 16S рРНК составляет 1465 п.н.

Секвенирование

Секвенирование ПЦР-продуктов проводили с использованием набора Big Dyeterminatorv.3.1 cyclesequencingkiton 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Нарботанные ПЦР-продукты очищали с использованием набора QIA quick PCR purificationkit, согласно инструкции изготовителя.

С использованием комплекса компьютерных программ Mega11.0 провели выравнивание нуклеотидной последовательности. Для построения филогенетического дерева и определения генотипа был использован набор нуклеотидных последовательностей из международной базы данных GenBank.

Результаты и их обсуждение. В крупных торговых центрах уделяется достаточное внимание безопасности пищевых продуктов, поэтому основная часть продуктов питания была закуплена на различных рынках для исследовательских целей. В настоящем исследовании показаны результаты исследования продуктов питания на зараженность сальмонеллезом, собранных в 2022 г. Образцы пищевого сырья и различных продуктов питания были отобраны случайным образом на розничных рынках. В результате проведенных исследований из 300 образцов было выявлено 17 ПЦР положительных образцов. Результаты исследования по обнаружению бактерии *Salmonella* в продуктах питания методом ПЦР представлены на рисунке 1 и в таблице 1.



Рисунок 1 – Электрофореграмма ПЦР продуктов изолятов бактерии *Salmonella*, выделенных из продуктов питания

ДНК *Salmonella enterica* была обнаружена в 3 образцах яиц, 1 образце рыбы, 1 образцах куриного фарша, 1 образце говяжьего фарша и 1 образце молока, собранных на рынках г. Шымкент. Также ДНК *Salmonella enterica* выявлена в 2 образцах яиц, 2 образцах куриного фарша, 1 образце куриных окорочков, 1 образце молока, собранных на рынках г. Тараз. ДНК *Salmonella enterica* выявлена в 1 образце яйца, 1 образце куриного фарша, 1 образце куриных бедрышек, 1 образце куриных окорочков, собранных на рынках г. Алматы.

Таблица 1 - Список пищевых продуктов с положительным результатом на сальмонеллу в южных регионах Казахстана в 2022 г.

Наименование категории пищевых продуктов	Количество образцов	Количество образцов положительных на сальмонеллу
Мясо и мясные продукты	62 (20,67 %)	1 (0,33 %)
Молоко и молочные продукты	70 (23,33%)	2 (0,66 %)
Овощи и растительные продукты	25 (8,33 %)	-
Яйца и яичные продукты	35 (11, 67%)	6 (2,0 %)
Рыба и рыбные продукты	30 (10,0 %)	1 (0,33 %)
Мясо птицы	78 (26,0 %)	7 (2,33 %)
Всего	300	17 (5,66 %)

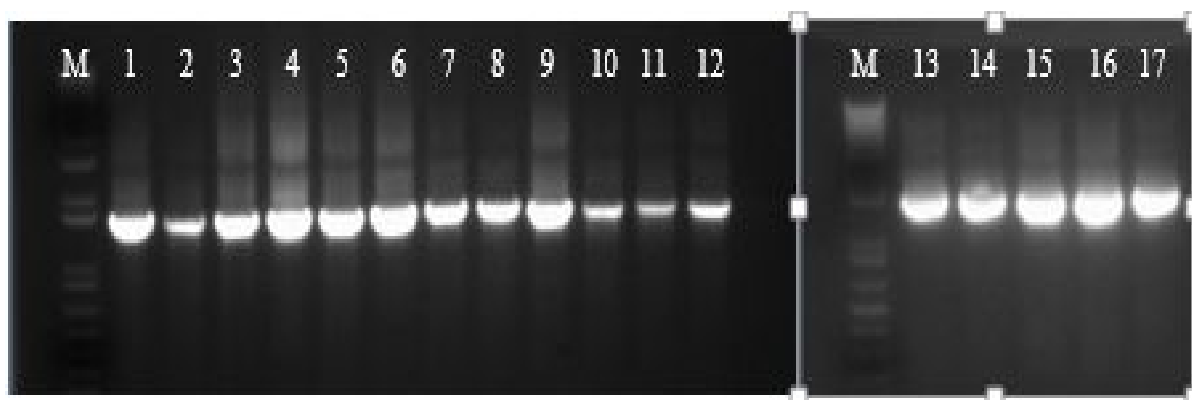
Результаты исследования по выявлению *сальмонеллы* по категориям пищевых продуктов показали, что мясо птицы (7 случаев, 2,33%), яйца и яичные продукты (6 случаев, 2,0%) заняли первые две позиции среди всех категорий продуктов питания. Основными источниками заражения человека *сальмонеллезом* являются мясные продукты, в том числе потребление контаминированного мяса птицы на глобальном уровне. Систематический обзор и метаанализ показали, что уровень распространенности варьировался от высокого до низкого среди сырого мяса птицы, включая курицу, голубя, утку и другое мясо птицы. Тем не менее, все больше сообщений связывают зараженные *сальмонеллой* сырые овощи и фрукты с пищевым отравлением.

Молекулярно-генетический анализ изолятов бактерии Salmonella, выделенных из продуктов питания.

Использование гена 16S рРНК в качестве мишени для идентификации бактерий возможно за счет его наличия у всех бактерий и его высокой консервативности.

Ген 16S рРНК несет как консервативные, так и вариабельные участки нуклеотидной последовательности, что позволяет использовать его как для определения рода, так и для видового типирования микроорганизмов.

Методом ПЦР был амплифицирован фрагмент 16S рРНК гена изолятов бактерии *Salmonella*, выделенных из продуктов питания. Результаты амплификации образцов представлены на рисунке 2.



1-17 – ПЦР продукты фрагмента 16S рРНК гена изолятов бактерии *Salmonella*

Рисунок 2 – Электрофореграмма ПЦР продуктов 16S рРНК гена изолятов бактерии *Salmonella*, выделенных из продуктов питания

Как видно из рисунка 2 ПЦР продукты 16S рРНК гена бактерии *Salmonella* выявлены во всех 17 образцах продуктов питания. С целью проведения сравнительного генетического анализа бактерии рода *Salmonella* расшифрована нуклеотидная последовательность фрагмента гена 16S рРНК изолятов, выделенных из продуктов питания.

Доступность референтных нуклеотидных последовательностей в международных базах данных позволила подтвердить достоверность наших исследований. Полученные данные о нуклеотидных последовательностях гена 16S рРНК исследуемых изолятов сравнены с последовательностями штаммов известных видов бактерий рода *Salmonella* по программе Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) из базы данных NCBI (www.ncbi.nlm). Программа BLAST используется для быстрого поиска в базе данных последовательностей, совпадающих с последовательностью запроса. Выравненные последовательности гена 16S рРНК различных штаммов и 17 изолятов бактерий рода *Salmonella* были использованы для построения филогенетических дендрограмм с использованием программы Mega 11.0. Результаты исследований приведены на рисунке 3.

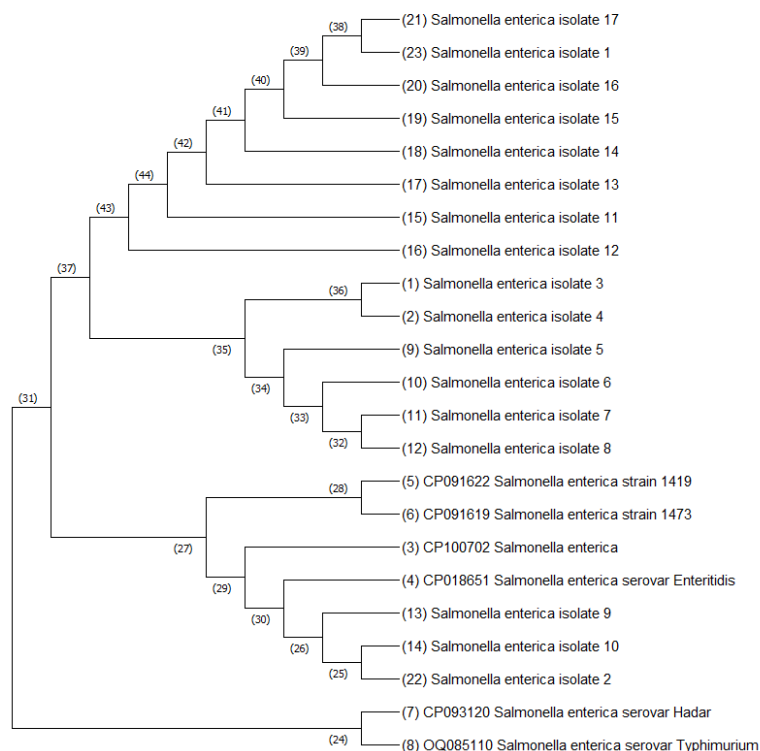


Рисунок 3. Филогенетическое дерево, основанное на анализе структур фрагментов гена 16S rRNA, отражающее родственные связи штаммов бактерий рода *Salmonella*

Ген 16S рРНК стал наиболее часто используемым молекулярным маркером в микробной экологии, он давно используется для филогенетической классификации бактерий.

Секвенирование и анализ гена 16S рРНК 17 изолятов бактерии *Salmonella enterica* выявил высокий уровень гомологии с представителями вида *Salmonella enterica* и показало их идентичность со штаммами из Генбанка: CP100702 *Salmonella enterica*, CP091622 *Salmonella enterica* штамм 1419, CP091619 *Salmonella enterica* штамм 1473.

Выделенные 2, 9 и 10 изоляты бактерии *Salmonella enterica* находятся на одной филогенетической ветви с *Salmonella enterica* серовара *Enteritidis* CP018651. По данным литературы на протяжении последних двух десятилетий от 75 до 95% всех сальмонеллезов в большинстве стран мира обусловлены сероварами *Salmonella enterica Enteritidis* и *Salmonella enterica Typhimurium*.

Ген рибосомной 16S РНК стал единственным критерием, по которому будет создан порядок для отражения бактериального разнообразия. Дальнейшему изучению разнообразия внутри микробных групп также способствовали другие методы на молекулярной основе, которые выходили за рамки ограничений изучения морфологии для классификации микроорганизмов. Однако ген 16S рРНК оставался основным эталоном для классификации бактерий. Базы данных последовательностей ДНК за короткий период были заполнены последовательностями генов 16S рРНК, что дало исследователям возможность поиска в этих базах соответствующих бактерий.

Определение и анализ гена рибосомной 16S РНК в лабораторной практике может увеличить информативность молекулярно-генетической характеристики сальмонелл. Изучение генетических связей между микроорганизмами, выделенными в различных географических зонах, дают важную информацию о молекулярной эпидемиологии сальмонелл.

Появление и применение секвенирования следующего поколения (NGS) в секвенировании всего генома (WGS) радикально изменило подход не только к идентификации конкретных штаммов *Salmonella*, но также оказало влияние на обнаружение и типирование сероваров.

Полногеномное секвенирование необходимо для создания последовательности новых изолятов для определения деталей геномного состава при сравнении с ранее идентифицированными изолятами *Salmonella*.

Закключение. Сальмонеллезная инфекция представляют серьезную проблему для общественного здравоохранения во всем мире. Мясные, куриные и молочные продукты являются распространенными источниками сальмонеллы, и в последние годы большое внимание уделяется определению распространенности сальмонеллы на различных этапах цепочки производства продуктов питания. Несмотря на интенсивные профилактические меры, болезни пищевого происхождения остаются постоянной проблемой в мире. Пищевые продукты могут быть заражены в любой точке - от фермы до стола. Мероприятия по снижению риска болезней пищевого происхождения и борьбе с ними должны осуществляться на каждом этапе процесса приготовления пищи.

По результатам работ определена распространенность сальмонеллы в мясных, куриных и молочных продуктах, продаваемых в южных регионах страны. В общей сложности 300 образцов были случайным образом взяты на розничных рынках и исследованы на наличие сальмонеллы. Было обнаружено, что 5,66 % образцов продуктов питания заражены сальмонеллой. Необходимо провести анализ лекарственной устойчивости и секвенирование всего генома изолятов *Salmonella*, а также дополнительно изучить его биологические свойства. Работа выполнена в рамках проекта грантового финансирования ИРН AP15473285 «Изучение распространенности и генетического разнообразия сальмонелл в южных регионах Казахстана».

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Refsum, T. 'Molecular epidemiology of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates determined by pulsed-field gel electrophoresis: Comparison of isolates from avian wildlife, domestic animals, and the environment in Norway' [Text] / T. E. Heir, G. Kapperud, T. Vardund & G. Holstad // *Applied and Environmental Microbiology* 68(11), 5600–5606.
- 2 Veling, J. 'Risk factors for clinical *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium infection on Dutch dairy farms' [Text] / J. Veling // *Preventive Veterinary Medicine* 54(2), 157–168.
- 3 Coburn, B. *Salmonella*, the host and disease: A brief review', [Text] / B. Coburn, G.A. Grassl // *Immunology and Cell Biology* 85, 112–118.
- 4 Morgan, J.D. Campbell 2004, 'Identification of host-specific colonization factors of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium' [Text] / E. Morgan, J.D. Campbell et al. // *Molecular Microbiology* 54, 994–1010.
- 5 Popoff, M.Y. 2001, *Antigenic formula of the Salmonella serovars*, 8th edn., WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella* [Text] / M.Y. Popoff // Institut Pasteur, Paris.
- 6 Mead, PS Food-related illness and death in the United States [Text] / PS. Mead et. al. // *Emerg Infect Dis* 1999;5:607–625
- 7 Chlebicz, A. *Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic foodborne diseases: a review*. *Int J Environ Res Public Health* [Text] / A. Chlebicz, K. Slizewska (2018) // 15:863. 10.3390/ijerph15050863 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
- 8 Castro-Vargas, RE. Antibiotic resistance in *Salmonella* spp. Isolated from poultry: a global overview [Text] / RE. Castro-Vargas // *Vet world*. (2020) 13:2070–84. 10.14202/vetworld.2020.2070-2084
- 9 Wessels, K. *Salmonella* in chicken meat: consumption, outbreaks, characteristics, current control methods and the potential of bacteriophage use. *Foods* [Text] / K. Wessels, D. Rip, P. Gouws // (2021) 10:1742. 10.3390/foods10081742
- 10 Kore, K. Characterization of *Salmonella* isolated from apparently healthy slaughtered cattle and retail beef in Hawassa, Southern Ethiopia [Text] / K. Kore, B. Asrade // *Prev Vet Med*. (2017) 147:11–6. 10.1016/j.prevetmed.2017.08.018
- 11 Crump, JA. Epidemiology, clinical presentation, laboratory diagnosis, antimicrobial resistance, and antimicrobial management of invasive *Salmonella* infections [Text] / JA. Crump // *Clin Microbiol Rev*. (2015) 28:901–37. 10.1128/CMR.00002-15
- 12 Antunes, P. *Salmonellosis: the role of poultry meat*. *Clinical microbiology and infection*. *Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis* [Text] / P. Antunes, J. Mourão (2016) 22:110–21. 0.1016/j.cmi.2015.12.004
- 13 Sun, T. и др. Распространенность и эпидемиология сальмонеллы в розничной торговле сырым мясом птицы в Китае [Text] / T. Sun, Y. Liu и др. // систематический обзор и метаанализ. *Еда*. (2021) 10 :2757. 10.3390/foods10112757
- 14 Wiedemann, A. Interactions of *Salmonella* with animals and plants [Text] / A. Wiedemann I. Virlogeux-Payant // *Front Microbiol*. (2014) 5:791. 10.3389/fmicb.2014.00791]

- 15 Woese, CR. Bacterial evolution. Microbiol Rev [Text] / CR. Woese, // Jun; 51 (2): 221–71.
- 16 Trkov, M. “An Improved 16S rRNA Based PCR Method for the Specific Detection of *Salmonella Enterica*.” [Text] / M. Trkov and G. Avguštin. // International Journal of Food Microbiology 80(1): 67–75.
- 17 Lan R. Population structure, origins and evolution of major *Salmonella enterica* clones [Text] / R. Lan // Infect Genet Evol. – 2009. – Vol. 9, № 5. – P. 996–1005.
- 18 Khayaletu, N. “Identifying Bacteria and Studying Bacterial Diversity Using the 16S Ribosomal RNA Gene-Based Sequencing Techniques: A Review.” [Text] / N. Khayaletu // 18 Khayaletu, Ntushelo. 2013 African Journal of Microbiology Research 7(49): 5533–40.
- 19 Bell, R.L. Recent and emerging innovations in *Salmonella* detection: a food and environmental perspective [Text] / R.L. Bell // Microb Biotechnol 9, 279–292.

REFERENCES

- 1 Refsum, T. ‘Molecular epidemiology of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates determined by pulsed-field gel electrophoresis: Comparison of isolates from avian wildlife, domestic animals, and the environment in Norway’ [Text] / T.E. Heir, G. Kapperud, T. Vardund & G. Holstad // Applied and Environmental Microbiology 68(11), 5600–5606.
- 2 Veling, J. ‘Risk factors for clinical *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium infection on Dutch dairy farms’ [Text] / J. Veling // Preventive Veterinary Medicine 54(2), 157–168.
- 3 Coburn, B. *Salmonella*, the host and disease: A brief review’, [Text] / B. Coburn, G.A. Grassl // Immunology and Cell Biology 85, 112–118.
- 4 Morgan, J.D. Campbell 2004, ‘Identification of host-specific colonization factors of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium’ [Text] / E. Morgan, J.D. Campbell et al. // Molecular Microbiology 54, 994–1010.
- 5 Popoff, M.Y. 2001, Antigenic formula of the *Salmonella* serovars, 8th edn., WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella* [Text] / M.Y. Popoff // Institut Pasteur, Paris.
- 6 Mead, PS Food-related illness and death in the United States [Text] / PS. Mead et. al. // Emerg Infect Dis 1999;5:607–625
- 7 Chlebicz, A. Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic foodborne diseases: a review. Int J Environ Res Public Health [Text] / A. Chlebicz, K. Slizewska (2018) // 15:863. 10.3390/ijerph15050863 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
- 8 Castro-Vargas, RE. Antibiotic resistance in *Salmonella* spp. Isolated from poultry: a global overview [Text] / RE. Castro-Vargas // Vet world. (2020) 13:2070–84. 10.14202/vetworld.2020.2070-2084
- 9 Wessels, K. *Salmonella* in chicken meat: consumption, outbreaks, characteristics, current control methods and the potential of bacteriophage use. Foods [Text] / K. Wessels, D. Rip, P. Gouws // (2021) 10:1742. 10.3390/foods10081742
- 10 Kore, K. Characterization of *Salmonella* isolated from apparently healthy slaughtered cattle and retail beef in Hawassa, Southern Ethiopia [Text] / K. Kore, B. Asrade // Prev Vet Med. (2017) 147:11–6. 10.1016/j.prevetmed.2017.08.018
- 11 Crump, JA. Epidemiology, clinical presentation, laboratory diagnosis, antimicrobial resistance, and antimicrobial management of invasive *Salmonella* infections [Text] / JA. Crump // Clin Microbiol Rev. (2015) 28:901–37. 10.1128/CMR.00002-15
- 12 Antunes, P. Salmonellosis: the role of poultry meat. Clinical microbiology and infection. Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis [Text] / P. Antunes, J. Mourão (2016) 22:110–21. 0.1016/j.cmi.2015.12.004
- 13 Sun, T. i dr. Rasprostranennost' i epidemiologiya sal'monelly v roznicnoj torgovle syrym myasom pticy v Kitae [Text] / T. Sun, Y. Liu i dr. // sistematicheskij obzor i metaanaliz .Eda .(2021) 10 :2757. 10.3390/foods10112757
- 14 Wiedemann, A. Interactions of *Salmonella* with animals and plants [Text] / A. Wiedemann I. Virlogeux-Payant // Front Microbiol. (2014) 5:791. 10.3389/fmicb.2014.00791
- 15 Woese, CR. Bacterial evolution. Microbiol Rev [Text] / CR. Woese, // Jun; 51 (2): 221–71.
- 16 Trkov, M. “An Improved 16S rRNA Based PCR Method for the Specific Detection of *Salmonella Enterica*.” [Text] / M. Trkov and G. Avguštin. // International Journal of Food Microbiology 80(1): 67–75.

- 17 Lan R. Population structure, origins and evolution of major *Salmonella enterica* clones [Text] / R. Lan // *Infect Genet Evol.* – 2009. – Vol. 9, № 5. – P. 996–1005.
- 18 Khayaletu, N. “Identifying Bacteria and Studying Bacterial Diversity Using the 16S Ribosomal RNA Gene-Based Sequencing Techniques: A Review.” [Text] / N. Khayaletu // 18 Khayaletu, Ntushelo. 2013 *African Journal of Microbiology Research* 7(49): 5533–40.
- 19 Bell, R.L. Recent and emerging innovations in *Salmonella* detection: a food and environmental perspective [Text] / R.L. Bell // *Microb Biotechnol* 9, 279–292. 1 Refsum, T. ‘Molecular epidemiology of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates determined by pulsed-field gel electrophoresis: Comparison of isolates from avian wildlife, domestic animals, and the environment in Norway’ [Text] / T. E. Heir, G. Kapperud, T. Vardund & G. Holstad // *Applied and Environmental Microbiology* 68(11), 5600–5606.
- 2 Veling, J. ‘Risk factors for clinical *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium infection on Dutch dairy farms’ [Text] / J. Veling // *Preventive Veterinary Medicine* 54(2), 157–168.
- 3 Coburn, B. *Salmonella*, the host and disease: A brief review’, [Text] / B. Coburn, G.A. Grassl // *Immunology and Cell Biology* 85, 112–118.
- 4 Morgan, J.D. Campbell 2004, ‘Identification of host-specific colonization factors of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium’ [Text] / E. Morgan, J.D. Campbell et al. // *Molecular Microbiology* 54, 994–1010.
- 5 Popoff, M.Y. 2001, *Antigenic formula of the Salmonella serovars*, 8th edn., WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella* [Text] / M.Y. Popoff // Institut Pasteur, Paris.
- 6 Mead, PS Food-related illness and death in the United States [Text] / PS . Mead et. al. // *Emerg Infect Dis* 1999;5:607–625
- 7 Chlebicz, A. *Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic foodborne diseases: a review*. *Int J Environ Res Public Health* [Text] / A. Chlebicz, K. Slizewska (2018) // 15:863. 10.3390/ijerph15050863 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
- 8 Castro-Vargas, RE. Antibiotic resistance in *Salmonella* spp. Isolated from poultry: a global overview [Text] / RE. Castro-Vargas // *Vet world*. (2020) 13:2070–84. 10.14202/vetworld.2020.2070-2084
- 9 Wessels, K. *Salmonella* in chicken meat: consumption, outbreaks, characteristics, current control methods and the potential of bacteriophage use. *Foods* [Text] / K. Wessels, D. Rip, P. Gouws // (2021) 10:1742. 10.3390/foods10081742
- 10 Kore, K. Characterization of *Salmonella* isolated from apparently healthy slaughtered cattle and retail beef in Hawassa, Southern Ethiopia [Text] / K. Kore, B. Asrade // *Prev Vet Med*. (2017) 147:11–6. 10.1016/j.prevetmed.2017.08.018
- 11 Crump, JA. Epidemiology, clinical presentation, laboratory diagnosis, antimicrobial resistance, and antimicrobial management of invasive *Salmonella* infections [Text] / JA. Crump // *Clin Microbiol Rev*. (2015) 28:901–37. 10.1128/CMR.00002-15
- 12 Antunes, P. *Salmonellosis: the role of poultry meat*. *Clinical microbiology and infection*. *Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis* [Text] / P. Antunes, J. Mourão (2016) 22:110–21. 0.1016/j.cmi.2015.12.004
- 13 Sun, T. i dr. Rasprostranennost' i epidemiologiya sal'monelly v roznichnoj trgovle syrym myasom pticy v Kitae [Text] / T. Sun, Y. Liu i dr. // *sistematicheskij obzor i metaanaliz* .Eda .(2021) 10 :2757. 10.3390/foods10112757
- 14 Wiedemann, A. Interactions of *Salmonella* with animals and plants [Text] / A. Wiedemann I. Virlogeux-Payant // *Front Microbiol*. (2014) 5:791. 10.3389/fmicb.2014.00791]
- 15 Woese, CR. Bacterial evolution. *Microbiol Rev* [Text] / CR. Woese, // Jun; 51 (2): 221–71.
- 16 Trkov, M. “An Improved 16S rRNA Based PCR Method for the Specific Detection of *Salmonella Enterica*.” [Text] / M. Trkov and G. Avguštin. // *International Journal of Food Microbiology* 80(1): 67–75.
- 17 Lan R. Population structure, origins and evolution of major *Salmonella enterica* clones [Text] / R. Lan // *Infect Genet Evol.* – 2009. – Vol. 9, № 5. – P. 996–1005.
- 18 Khayaletu, N. “Identifying Bacteria and Studying Bacterial Diversity Using the 16S Ribosomal RNA Gene-Based Sequencing Techniques: A Review.” [Text] / N. Khayaletu // 18 Khayaletu, Ntushelo. 2013 *African Journal of Microbiology Research* 7(49): 5533–40.

19Bell, R.L. Recent and emerging innovations in Salmonella detection: a food and environmental perspective [Text] / R.L. Bell // MicrobBiotechnol 9, 279–292.

ТҮЙІН

Сальмонеллездық инфекция әлемдегі ең таралған зооноздардың біріне айналды. Көптеген елдерде сальмонеллез ауруының жалғасуы, жануарлар мен адамдардан бөлінген сальмонеллез сероварларының көбеюі, жануарлардан алынатын тағам өнімдерімен қоршаған орта объектілерінің осы бактериялармен ластануы, бұл зооноздық инфекцияны ең маңызды аурулардың біріне айналдырады. Тек ветеринарлық емес, сонымен қатар медициналық, экологиялық және әлеуметтік мәселелерді қамтиды. ДДСҰ деректері бойынша эпизоотиялық және эпидемиялық процестердің дамуының күрделілігі және онымен күресудің қиындығы бойынша сальмонеллездің теңдесі жоқ. Бұл мақалада тағам өнімдерінің сальмонеллезбен ластануын бағалау нәтижелері көрсетілген. *Salmonella enteric* бактериясының оқшаулануы ПТР және рибосомалық 16S рРНҚ генін секвенирлеу арқылы расталды. Сальмонелла бактериялары үшін оң ДНҚ үлгісі 16S рРНҚ-ға тән праймерлерді пайдаланып тізбектелді. 2022 жылы сыналған 300 азық-түлік өнімдерінің 5,66%-ынан *Salmonella enterica* оқшауланды. *Salmonella enteric* көбінесе құс етінен (2,33%), одан кейін жұмыртқамен жұмыртқа өнімдерінен (2,0%) оқшауланды. *Salmonella enterica* бактериясымен ластанған тамақ өнімдері ет, тауық еті және сүт өнімдері болды.