

Antybiotykooporność izolowanych z żywności bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*

MAREK SZEWCZYK*, **, ZENON CZUBA**, ANDRZEJ WICZKOWSKI***, BOGUMIŁA HAJDROWSKA*

*Laboratorium Mikrobiologiczne BIOLABOR sp. z o. o., al. J. Piłsudskiego 92, 41-308 Dąbrowa Górnicza

**Katedra i Zakład Mikrobiologii i Immunologii, Wydział Lekarski z Oddziałem Lekarsko-Dentystycznym w Zabrze, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, ul. Jordana 19, 41-808 Zabrze Rokitnica

***Katedra Zdrowia Publicznego, Wydział Nauk o Zdrowiu, Akademia Techniczno-Humanistyczna w Bielsku-Białej, ul. Willowa 2, 43-309 Bielsko-Biała

Otrzymano 19.11.2018

Zaakceptowano 01.04.2019

Szewczyk M., Czuba Z., Wiczowski A., Hajdrowska B.
Antibiotic resistance of *Enterobacteriaceae* isolated from food

Summary

The aim of this study was to analyse the susceptibility of *Enterobacteriaceae* strains isolated from food to antibiotics used in human therapy. The tests were conducted on 433 samples of raw and processed meat intended for sale. A total of 114 strains belonging to *Enterobacteriaceae* were isolated by the classical bacteriological technique. *Escherichia*, *Klebsiella*, *Serratia*, *Enterobacter*, *Proteus*, *Hafnia*, *Citrobacter*, *Salmonella* and *Shigella* were cultured from samples of beef, pork, poultry and ready-made meat products. Antibiotic susceptibility was tested by the mean of E-tests for the following antibiotics: piperacillin, piperacillin with tazobactam, cefotaxime, cefuroxime, imipenem, ceftazidime, gentamycin, tobramycin, ciprofloxacin and trimethoprim with sulfamethoxazole. Over 37% of the strains isolated were resistant to some of these antibiotics, and 34% showed resistance to at least 2 of them. Resistance was observed most frequently to cephalosporins, penicillins and trimethoprim with sulfamethoxazole, which may suggest that these antibiotics are used excessively in veterinary medicine.

Keywords: food of animal origin, *Enterobacteriaceae*, drug resistance

Bakterie z rodziny *Enterobacteriaceae* są naturalnym elementem mikroflory jelitowej ludzi oraz zwierząt i z tego powodu powszechnie występują w środowisku (17). Większość z nich to gatunki nieszkodliwe, nie wywołujące objawów chorobowych oraz gatunki oportunistyczne. Kolonizują one różne rejony organizmu człowieka. Ponadto wyróżnia się grupę bezwzględnych patogenów odpowiedzialnych za znaczną liczbę zakażeń pokarmowych i różnorodnych dolegliwości jelitowych stanowiących jeden z najpoważniejszych problemów zdrowotnych współczesnego społeczeństwa (11, 15). Rodzinę tę stanowią Gram-ujemne, mezofilne pałeczki o niewielkich wymaganiach wzrostowych, łatwo nabywające cechę oporności na antybiotyki, którą również łatwo przekazują spokrewnionym rodzajom bakterii (20, 32, 37). Powszechne stosowanie antybiotyków w chowie i hodowli zwierząt było przyczyną pojawienia się szczepów o wysokiej i różnorodnej antybiotykoodporności. Szczepy takie są wynikiem presji mutacyjnej wywieranej przez antybiotyki lub transferu genów pochodzących od bakterii, które już wcześniej wy-

tworzyły mechanizmy oporności na jeden lub kilka antybiotyków (10).

Antybiotykoodporne bakterie pochodzące od zwierząt są źródłem mechanizmów oporności dla mikroflory u ludzi. Dotyczy to niechorobotwórczych, antybiotykoodpornych bakterii, których genetyczne determinanty oporności mogą być przenoszone na bakterie kolonizujące ludzi nawet podczas krótkotrwałego pobytu w przewodzie pokarmowym człowieka (1, 2, 34-36).

Celem badań była analiza wrażliwości na antybiotyki stosowane w medycynie wyizolowanych z próbek mięsa i produktów mięsnych szczepów bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*.

Materiał i metody

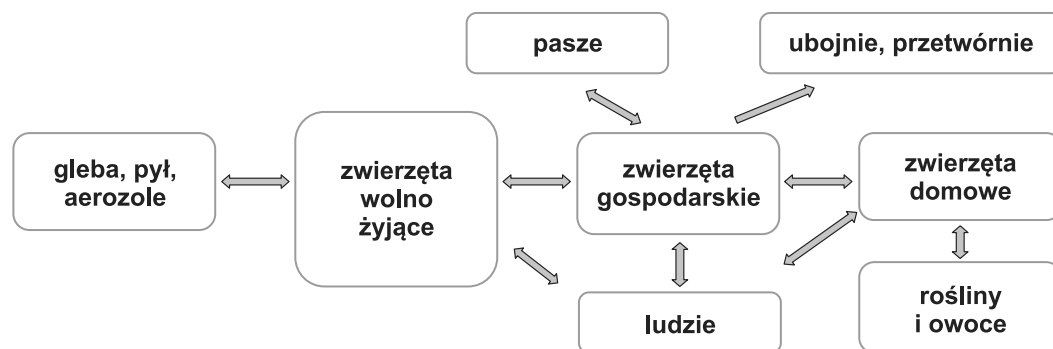
Materiałem do badań były 433 próbki świeżego mięsa wołowego, wieprzowego i drobiowego oraz mięsa rozdrobnionego mechanicznie i wędlin, dostarczane z zakładów mięsnych zlokalizowanych w Polsce Południowej do Laboratorium Mikrobiologicznego „Biolabor” w Dąbrowie Górniczej. Probki po pobraniu do jałowego pojemnika były transportowane w temp 5°C. Laboratorium posiada akre-

dytację PCA w zakresie badania mikrobiologicznego żywności, a postępowania z próbkami mięsa były zgodne z PN-EN ISO 6887-1-2000 oraz PN-EN ISO 6887-2-2005 (24, 25). Po opracowaniu materiał z próbek posiewano na podłoże Columbia (nr katalogowy 43071, BioMerieux) i inkubowano w 37°C przez 24 h. Uzyskane kolonie

przesiewano na podłoże MacConkeya (nr katalogowy 43141, BioMerieux) i jednocześnie wykonywano preparat barwiony metodą Grama. Po kolejnej dwudziestoczegodzinnej inkubacji z każdej płytki wybierano po jednej kolonii do identyfikacji i badania lekooporności. Identyfikację przeprowadzano zestawami Microgen GN-ID, a wynik odczytywano przy pomocy programu komputerowego MID-60 Microgen Identification System Software (nr katalogowe MID-64 oraz MID-60, GRASO) do identyfikacji pałeczek z rodziny *Enterobacteriaceae*. Po określeniu gatunku bakterii wykonywano antybiogram metodą ilościową za pomocą E-testów (nr katalogowy 412436, 421166, 412281, 412305, 412374, 412293, 412368, 412479, 412311, 412483, BioMerieux) w oparciu o instrukcję producenta (8). Minimalne stężenia hamujące (MIC – minimum inhibitory concentration) wyznaczono dla następujących preparatów: piperacyliny, piperacyliny z tazobactamem, cefotaksymu, cefuroksymu, imipenemu, ceftazydymu, gentamycyny, tobramycyny, ciprofloksacyny i trimetoprimu z sulfometaksazolem. Zestaw antybiotyków i chemioterapeutyku wybrano w oparciu o zalecenia Krajowego Ośrodka Referencyjnego ds. Lekowrażliwości Drobnoustrojów (12). Dodatkowo przeprowadzono również badania na obecność beta-laktamaz o rozszerzonym spektrum substratowym (ESBL – extended-spectrum beta-lactamases) (8). W trakcie wykonywania oznaczeń używano szczepów wzorcowych z rodziny *Enterobacteriaceae* (kontrola dodatnia): *Escherichia coli* ATCC 25923, *Salmonella* Typhimurium ATCC 14028, *Salmonella* Enteritidis (kolekcja własna), *Enterobacter cloacae* ATCC 13047, *Proteus mirabilis* ATCC 124536, *Citrobacter freundii* ATCC 43864 oraz w ramach kontroli ujemnej szczepów wzorcowych: *Bacillus cereus* ATCC 11778, *Enterococcus faecalis* ATCC 29212, *Listeria monocytogenes* ATCC 19112. W celu klasyfikacji izolowanych szczepów do jednej z dwóch kategorii klinicznych (oporny – R, wrażliwy – S) posłużono się wartościami podanymi przez Europejski Komitet ds. Oznaczania Lekowrażliwości (EUCAST – European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing) (4, 9, 37).

Wyniki i omówienie

Z badanego materiału wyizolowano 183 szczepy bakterii z tego 114 należało do rodziny *Enterobacteriaceae*. W tabeli 1 przedstawiono wykaz wyizolowanych z badanej żywności rodzajów bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*. Wśród 114 izolatów aż 83,3% stanowiły drobnoustroje z rodzajów *Escherichia*,



Ryc. 1. Schemat krążenia bakterii opornych na antybiotyki (zmodyfikowane, wg McEven (18))

Klebsiella, *Serratia* i *Enterobacter* i *Proteus*. Pałeczki z rodzaju *Salmonella* występowały w mniej niż 10% próbek.

Ze względu na profil badań oraz charakter oddawanych do badania próbek, podstawowym rodzajem żywności z którego izolowano drobnoustroje było mięso surowe, najczęściej wołowe w formie rozdrobnionej. Podobna sytuacja dotyczy mięsa wieprzowego. Z wędlin najczęściej izolowano szczepy bakterii z kielbasy białej.

Ubikwitalność bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* powoduje, że często izoluje się je ze środków spożywczych, a szczególnie na etapie poprzedzającym przygotowanie żywności do spożycia. Z badanego materiału izolowano 10 rodzajów pałeczek. Zdecydowana większość (83,3%) wyizolowanych szczepów należała do rodzajów *Escherichia*, *Klebsiella*, *Serratia*, *Enterobacter* i *Proteus*. Szczepy *Salmonella* spp. stanowiły 8% izolatów, a udział szczepów każdego z pozostałych rodzajów nie przekraczał pięciu procent (tab. 1). Podobne wyniki uzyskali inni autorzy, którzy w próbkach produktów mięsnych wykazali znaczną kontaminację bakteriami z rodzaju *Escherichia*, *Klebsiella*, *Proteus* i *Citrobacter* oraz identyczną (8%) częstość występowania salmonelli (3), a z próbek przeznaczonego do sprzedaży mięsa izolowali szczepy *E. coli* (6,4% próbek), *Salmonella* spp. (6,1%) i *Klebsiella* spp. (30%) (26). Z raportu EFSA z 2018 r. dotyczącego zanieczyszczeń żywności wynika, że pałeczki *Salmonella* izolowano najczęściej ze świeżego mięsa drobiowego (33). W badaniach własnych wszystkie przypadki kontaminacji salmonellami dotyczyły mięsa wołowego. Podobne dane pochodzą z Hiszpanii, gdzie w latach 2006-2007 bakterie te wykryto w 7,55% i 6,7% pobranych w rzeźni próbek mięsa wołowego (23). Z analizy uzyskanych w badaniach własnych danych (tab. 1) wynika, że rozdrabnianie mięsa skutkuje zwiększeniem jego zanieczyszczenia. Istotną rolę mógł odgrywać również proces obróbki poubojowej zwierząt, podczas którego świnie i drób poddawane są oparzaniu i myciu (30). Z mięsa wieprzowego izolowano znacznie mniej szczepów w porównaniu do mięsa wołowego. Zanieczyszczenie mięsa drobiowego było również mniejsze i nie wyizolowano z niego bakterii z rodzaju *Salmonella*.

Tab. 1. Stopień zanieczyszczenia (liczba i odsetek izolatów) badanej żywności oraz przynależność systematyczna wyizolowanych drobnoustrojów z rodziny *Enterobacteriaceae*

Żywność	Rodzaj wyizolowanych szczepów	Liczba próbek zanieczyszczonych	%
Wieprzowe		25	21,9
póltusze		6	5,30
	<i>Escherichia coli</i>	3	2,63
	<i>Hafnia alvei</i>	1	0,88
	<i>Serratia rubidaea</i>	1	0,88
	<i>Shigella flexneri</i>	1	0,88
rozdrobnione		19	16,7
	<i>Enterobacter agglomerans</i>	2	1,75
	<i>Escherichia coli</i>	5	4,39
	<i>Hafnia alvei</i>	1	0,88
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	2	1,75
	<i>Klebsiella ozeanae</i>	4	3,51
	<i>Proteus stuartii</i>	1	0,88
	<i>Serratia liquefaciens</i>	1	0,88
	<i>Serratia marcescens</i>	1	0,88
	<i>Serratia rubidaea</i>	1	0,88
	<i>Shigella dysenteriae</i>	1	0,88
Wołowe		52	45,61
ozór		2	1,8
	<i>Escherichia coli</i>	1	0,88
	<i>Salmonella</i> spp.	1	0,88
póltusze		17	14,9
	<i>Citrobacter diversus</i>	2	1,75
	<i>Enterobacter agglomerans</i>	3	2,63
	<i>Escherichia coli</i>	3	2,63
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	2	1,75
	<i>Klebsiella ozeanae</i>	4	3,51
	<i>Salmonella</i> spp.	1	0,88
	<i>Serratia liquefaciens</i>	1	0,88
	<i>Serratia rubidaea</i>	1	0,88
rozdrobnione		33	28,9
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	1	0,88
	<i>Enterobacter agglomerans</i>	5	4,39
	<i>Enterobacter sakazakii</i>	1	0,88
	<i>Escherichia coli</i>	4	3,51
	<i>Hafnia alvei</i>	1	0,88
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	2	1,75
	<i>Klebsiella ozeanae</i>	3	2,63

Żywność	Rodzaj wyizolowanych szczepów	Liczba próbek zanieczyszczonych	%
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	0,88
	<i>Proteus stuartii</i>	2	1,75
	<i>Salmonella</i> spp.	6	5,26
	<i>Serratia liquefaciens</i>	1	0,88
	<i>Serratia marcescens</i>	4	3,51
	<i>Serratia rubidaea</i>	1	0,88
	<i>Shigella flexneri</i>	1	0,88
Rozdrobnione mięso drobiowe		18	15,8
	<i>Escherichia coli</i>	8	7,02
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	1	0,88
	<i>Klebsiella ozeanae</i>	1	0,88
	<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	1	0,88
	<i>Proteus mirabilis</i>	2	1,75
	<i>Serratia marcescens</i>	4	3,51
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	1	0,88
Wędliny		19	16,67
szynka		2	1,75
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	1	0,88
	<i>Enterobacter agglomerans</i>	1	0,88
kiełbasa biała		11	9,65
	<i>Enterobacter agglomerans</i>	3	2,63
	<i>Hafnia alvei</i>	1	0,88
	<i>Klebsiella ozeanae</i>	1	0,88
	<i>Proteus mirabilis</i>	2	1,75
	<i>Proteus stuartii</i>	2	1,75
	<i>Proteus vulgaris</i>	1	0,88
	<i>Serratia marcescens</i>	1	0,88
kiełbasa bydgoska		3	2,63
	<i>Escherichia coli</i>	1	0,88
	<i>Hafnia alvei</i>	1	0,88
	<i>Serratia liquefaciens</i>	1	0,88
boczek z ziemniakami		1	0,88
	<i>Escherichia coli</i>	1	0,88
golonka		1	0,88
	<i>Proteus vulgaris</i>	1	0,88
szynka ze szpinakiem		1	0,88
	<i>Serratia marcescens</i>	1	0,88
Suma końcowa		114	100,0

Spośród 114 wyizolowanych szczepów 43 (37,7%) wykazały oporność na zastosowane antybiotyki i chemioterapeutyk wg klasyfikacji przyjętej przez EUCAST. Należały do nich: 10 szczepów *Escherichia coli*, 9 szczepów z rodzaju *Serratia* (*S. marcescens*, *S. rubidaea* i *S. liquefaciens*), 6 z rodzaju *Proteus* (*P. mirabilis*, *P. stuartii* i *P. vulgaris*), 4 *Salmonella* spp.,

4 z rodzaju *Klebsiella* (*K. oxytoca*, *K. ozaenae* i *K. rhinoscleromatis*), 4 z rodzaju *Enterobacter* (*E. aerogenes* i *E. agglomerans*), 3 z rodzaju *Shigella* (*S. flexneri* i *S. dysenteriae*) oraz 3 szczepy *Hafnia alvei*. Z tego 28 szczepów było opornych na 1 antybiotyk, 9 na dwa, 3 na trzy i po jednym szczepie na 4 lub więcej antybiotyków. Wyizolowane szczepy bakterii wykazywały

najczęściej oporność na cefuroksym (18 szczepów), piperacylinę (13), ciprofloksacynę (11), ceftazydym (8), cefotaksym (7), trimetoprim z sulfometaksazolem (6), imipenem (4), tobramycyną (2) i na piperacylinę z tazobactamem (1).

Większość szczepów (28-65,1%) była oporna na jeden antybiotyk, ale aż 15 szczepów (34,9%) było opornych na dwa lub więcej antybiotyków. Do szczepów opornych na więcej niż dwa antybiotyki należały 2 szczepy *Escherichia coli* oporne na 3 antybiotyki, jeden na 4 i jeden na 5 antybiotyków, jeden szczep *K. ozeanae* oporny na 3 antybiotyki i jeden szczep *P. mirabilis* oporny na 5 antybiotyków i chemioterapeutyk. Należy zaznaczyć, że wszystkie wyizolowane szczepy były wrażliwe na gentamycynę, a żaden nie wykazał cech oporności klasyfikujących do grupy ESBL. Oporność na bardzo wysokie stężenia antybiotyku (256 ug/ml) wykazały szczepy *Salmonella* spp., *Hafnia alvei*, *P. mirabilis* i *E. coli*. Szczepy *E. coli* były oporne na antybiotyki beta-laktamowe (piperacylinę, cefuroksym i cefotaksym), fluorochinolony, karbapenemy (imipenem) i chemioterapeutyk. Oporne szczepy *E. coli* izolowano ze wszystkich gatunków badanego mięsa. Podobne wyniki uzyskali inni autorzy, którzy wykazali oporność na piperacylinę, cefuroksym, imipenem, ciprofloksacynę i trimetoprim z sulfometaksazolem wyizolowanych z próbek mięsa wieprzowego i drobiowego szczepów *E. coli*, przy czym najwięcej izolatów wykazywało oporność wobec trimetoprimu i piperacyliny (29). Wyizolowane szczepy *Serratia* spp. były oporne na cefuroksym (cefalosporyna II generacji), antybiotyk aktywny wobec bakterii Gram-ujemnych. *Serratia* spp. jest zaliczana do drobnoustrojów opornych na liczne grupy antybiotyków. Wysoka oporność tego rodzaju może być zarówno pochodzenia chromosomalnego, plazmidowego i transpozonalnego. Pod wpływem antybiotyków beta-laktamowych dochodzi do derepresji genu AmpC i szybkiego wzrostu cefalosporynazy, odpowiadającej za oporność na penicyliny i cefalosporyny pierwszej, drugiej i trzeciej generacji. Zjawisko to obserwowano u szczepów izolowanych z żywności (5, 14, 19). Wyizolowane szczepy *Proteus* spp. wykazywały oporność wobec cefuroksymu, ciprofloksacyny i piperacyliny. W tej grupie wyróżniał się wyizolowany z mięsa drobiowego szczep *P. mirabilis* oporny na piperacylinę, cefotaksym, ceftazydym, fluorochinolony, karbapenemy i trimetoprim z sulfometaksazolem. Inni autorzy również izolowali wielooporne szczepy *P. mirabilis* z mięsa brojlerów (21). Oporne szczepy *Klebsiella* (*K. ozaeanae*, *K. rhinoscleromatis* i *oxytoca*) występowały we wszystkich rodzajach mięsa surowego. Z 2 izolatów *K. oxytoca* jeden był oporny na piperacylinę, a drugi na cefuroksym. Natomiast szczep *K. ozaeanae* wykazywał oporność na piperacylinę i piperacylinę z tazobactamem oraz cefotaksym, co mogłoby sugerować zdolność do produkcji beta-laktamaz. *K. rhinoscleromatis* był oporny na cefotaksym. Zakres oporności potwier-

dza dotychczasowe wyniki obserwacji, że szczepy *Klebsiella* często wykazują oporność wytwarzając beta-laktamazy i beta-laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym, a wśród nich łatwo rozprzestrzeniającą się grupę cefotaksymaz (CTX-M). Geny kodujące ich wytwarzanie zlokalizowane są na chromosomach i plazmidach co stwarza możliwość transferu plazmidowego DNA wśród różnych gatunków *Enterobacteriaceae* (13, 28). Oporne na antybiotyki szczepy *Salmonella* izolowano tylko z wołowiny, dwa z nich były oporne na cefuroksym i jeden na piperacylinę. Można przypuszczać, że przyczyną oporności na cefuroksym były beta-laktamazy AmpC i MIR-1, a w przypadku piperacyliny penicylinazy (16, 17). Trzy antybiotykooporne szczepy *Hafnia alvei* izolowano z mięsa wołowego i wieprzowego, z których jeden był wysoce oporny na piperacylinę z tazobactamem, a dwa pozostałe na cefuroksym. W przypadku pierwszego szczepu można wnioskować, że oporność jest związana z wytwarzaniem beta-laktamaz, które były blokowane przez tazobactam. Jednocześnie szczep ten był oporny na trimetoprim z sulfametoksazolem, co wiąże się z wytwarzaniem zmienionego enzymu – syntazy dihydropterynianowej (6, 16). Szczepy oporne na cefuroksym a wrażliwe na piperacylinę mogą wytwarzać cefalosporynazę o wąskim spektrum substratowym (22, 27). Trzy wyizolowane szczepy *Shigella* oporne były na różne antybiotyki. Szczep oporny na cefotaksym (cefalosporyna III generacji) może wytwarzać cefalosporynazę o wąskim zakresie. Szczep oporny na trimetoprim z sulfometaksazolem wytwarzał prawdopodobnie zmodyfikowaną reduktazę dihydrofolianową o wysokiej aktywności. Ostatni szczep wykazujący graniczną oporność na imipenem i tobramycynę wytwarzał karbapenemazy i modyfikował aminoglikozydy przez enzymy kodowane plazmidowo (7, 16). Wyizolowane z próbek mięsa wołowego oraz wędlin szczepy *Enterobacter aerogenes* i *E. agglomerans* były oporne na cefuroksym, a wrażliwe na inne antybiotyki beta-laktamowe. Wskazuje to na obecność tzw. dzikiego szczepu bakterii o wyselekcjonowanej oporności.

Wśród wyizolowanych szczepów bakterii najczęściej stwierdzano oporność na cefuroksym, co może sugerować częste stosowanie tego antybiotyku w leczeniu zwierząt rzeźnych. Antybiotyki te stanowią jeden z czynników mutagennych prowadzący do powstania oporności na antybiotyki beta-laktamowe, na co może wskazywać liczna grupa szczepów opornych na piperacylinę (28). Kolejne dwie grupy związków indukujących oporność to fluorochinolony i sulfonamidy. Występowanie oporności na fluorochinolony jest uzależnione od częstości ich stosowania, a sulfonamidy są grupą najdłużej stosowanych chemioterapeutyków i drobnoustroje zdołały wytworzyć różnorodne mechanizmy oporności związane z mutacjami w genach chromosomalnych, jak i plazmidowych (6, 16, 31).

Podsumowując należy stwierdzić, że próbki badanego mięsa i wędlin były w znacznym stopniu zanie-

czyszczone bakteriami z rodziny *Enterobacteriaceae*. W niektórych przypadkach dotyczyło to obecności pałeczek *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Yersinia* spp. czy *Enterobacter sakazakii*, czyli bakterii o zdefiniowanej chorobotwórczości dla ludzi. Stwierdzenie u dużej części izolatów znacznej antybiotykooporności pozwala przypuszczać, że jest to wynikiem nie tylko leczenia zwierząt ale również profilaktycznego stosowania antybiotyków w chowie i hodowli.

Piśmiennictwo

1. Aarestrup F. M.: Association between the consumption of antimicrobial agents in animal husbandry and the occurrence of resistant bacteria among food animals. *Int. J. Antimicrob. Ag.* 1999, 12, 279-285.
2. Aarestrup F. M.: Monitoring of antimicrobial resistance among food animals: Principles and limitation. *J. Vet. Med.* 2004, B51, 380-388.
3. Al-Mutairi M. F.: The incidence of Enterobacteriaceae causing food poisoning in some meat products. *Adv. J. Food Sci. Technol.* 2011, 3, 116-121.
4. Bannister B., Gillespie S., Jones J.: *Infection Microbiology and Management*. Malden: Blackwell Publishing 2006.
5. Celejewski-Marciniak P., Tyski S.: Pałeczki z rodzaju *Serratia*: charakterystyka gatunków, chorobotwórczość oraz oporność na antybiotyki *Serratia marcescens*. *Post. Mikrobiol.* 2011, 50, 291-302.
6. Dzierżanowska D.: Antybiotyki w praktyce ambulatoryjnej. Bielsko-Biała, α-Medica Press 2005.
7. Edson R. S., Terrell C. L.: The aminoglycosides. *Mayo. Clin. Proc.* 1999, 74, 519-528.
8. E-test – metoda oznaczania MIC i wykrywania mechanizmów oporności. Biomerieux Warszawa 2011.
9. Europejski Komitet ds. Oznaczania Lekowrażliwości (EUCAST). Tabele interpretacji wartości granicznych minimalnych stężeń hamujących (MIC) oraz wielkości stref zahamowania wzrostu. Wersja 5.0, obowiązująca od 1 stycznia 2015 r.
10. Foodborne antimicrobial resistance as a biological hazard. Scientific opinion of the panel on biological hazards. *EFSA Journal* 2008, 765, 2-87.
11. Forssten S.: Genetic basis and diagnosis of extended-spectrum beta-lactamases among Enterobacteriaceae in Finland. Praca dokt., University of Turku, Turku 2009.
12. Gniadkowski M., Żabicka D., Hryniewicz W.: Rekomendacje doboru testów do oznaczania wrażliwości bakterii na antybiotyki i chemioterapeutyki 2009. Oznaczanie wrażliwości pałeczek Gram-ujemnych. Krajowy Ośrodek Referencyjny ds. Lekowrażliwości Drobnoustrojów.
13. Gundogan N., Avci E.: Prevalence and antibiotic resistance of extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) producing *Escherichia coli* and *Klebsiella* species isolated from foods of animal origin in Turkey. *Afr. J. Microbiol. Res.* 2013, 7, 4059-4064.
14. Hejazi A., Falkiner F. R.: *Serratia marcescens*. *J. Med. Microbiol.* 1997, 46, 903-912.
15. Jarzqb A., Górski-Frączek S., Rybka J., Witkowska D.: Zakażenia pałeczkami jelitowymi – diagnostyka, oporność na antybiotyki i profilaktyka. *Postępy Hig. Med. Dośw. (Online)* 2011, 65, 55-72.
16. Markiewicz Z., Kwiatkowski Z.: *Bakterie Antybiotyki Lekooporność*. PWN, Warszawa 2001.
17. Mąka Ł., Ścieżyńska H., Grochowska A., Pawłowska K., Windyga B., Karłowski K.: Wrażliwość pałeczek *Salmonella* wyizolowanych z żywności z terenu Polski na wybrane chemioterapeutyki. *Bromat. Chem. Toksykol.* 2010, XLIII, 260-265.
18. McEven S. A., Fedorka-Clay P. J.: Antimicrobial use and resistance in animals. *Clin. Inf. Dis.* 2002, 34, 93-106.
19. Młynarczyk-Bonikowska B., Kujawa M., Młynarczyk G., Malejczyk M., Majewski S.: Oporność na ciprofloksacynę szczepów *Neisseria gonorrhoeae* izolowanych w Polsce w latach 2012-2013. *Med. Dośw. Mikrobiol.* 2014, 66, 99-104.
20. Murray P. R., Rosenthal K. S., Pfaller M. A. (red. wyd. pol. Przędz-Mordarska A., Martirosian G., Szkaradkiewicz A.): *Mikrobiologia*. Elsevier Urban&Partner, Wrocław 2011, 293.
21. Nahar A., Siddiquee M., Hahar S., Selim K., Anwar K. S., Imran Ali, Islam S.: Multidrug Resistant- *Proteus Mirabilis* Isolated from Chicken Droppings in Commercial Poultry Farms: Bio-security Concern and Emerging Public Health Threat in Bangladesh. *J. Biosafety Health Educ.* 2014, 2, 120.
22. Nikonorow E., Baraniak A., Gniadkowski M.: Oporność bakterii z rodziny Enterobacteriaceae na antybiotyki beta-laktamowe wynikająca z wytwarzania beta-laktamaz. *Post. Mikrobiol.* 2013, 52, 261-271.
23. Osek J., Wieczorek K.: Zanieczyszczenia mikrobiologiczne żywności w krajach Unii Europejskiej w latach 2004-2009. *Życie Wet.* 2012, 87, 858-862.
24. PN-EN ISO 6887-1-2000 Mikrobiologia żywności i pasz – przygotowanie próbek, zawiesiny wyjściowej i rozcieńczeń dziesięciokrotnych do badań mikrobiologicznych. Ogólne zasady przygotowania zawiesiny wyjściowej i rozcieńczeń dziesięciokrotnych.
25. PN-EN ISO 6887-2-2005: Mikrobiologia żywności i pasz – przygotowanie próbek, zawiesiny wyjściowej i rozcieńczeń dziesięciokrotnych do badań mikrobiologicznych. Część 2: specyficzne zasady przygotowania mięsa i przetworów mięsnych.
26. Rothich E.: Antibiotic-resistant Enterobacteriaceae in retail meats and domestic kitchen in Middle Tennessee. ETD Collection for Tennessee State University 2010.
27. Rzewuska M.: Antybiotykooporność Gram-ujemnych pałeczek wytwarzających beta-laktamazy. *Życie Wet.* 2009, 84, 199-205.
28. Sacha P., Jakoniuk P., Wieczorek P., Żórawski M.: Mechanizmy oporności na antybiotyki beta-laktamowe izolatów *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis* i *Enterobacter cloacae* opornych na cefotaksym. *Nowiny Lekarskie* 2007, 76, 314-321.
29. Schwaiger K., Huther S., Hölzel C., Kämpf P., Bauer J.: Prevalence of antibiotic-resistant Enterobacteriaceae isolated from chicken and pork meat purchased at the slaughterhouse and at retail in Bavaria, Germany. *Int. J. Food Microbiol.* 2012, 154, 206-211.
30. Sienkiewicz J., Marmajewska A.: Jakość mikrobiologiczna tusz zwierząt rzeźnych oraz mięsa mielonego. *ZPPNR* 2013, 575, 107-118.
31. Stecher B., Denzler R., Maier L., Bernet F., Sanders M. J., Pickard D. J., Barthel M., Westendorf A. M., Krogfelt K. A., Walker A. W., Ackermann M., Dobrindt U., Thomson N. R., Hardt W. D.: Gut inflammation can boost horizontal gene transfer between pathogenic and commensal Enterobacteriaceae. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2011, 109, 1269-1274.
32. Szewczyk E. M.: *Diagnostyka bakteriologiczna*. PWN, Warszawa 2005, 111-112.
33. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA Journal* 2018, 15, 5077.
34. Truszczyński M., Pejsak Z.: Antybiotykooporność bakterii zoonotycznych występujących u zwierząt i w żywności. *Życie Wet.* 2010, 85, 891-894.
35. Truszczyński M., Pejsak Z.: Wpływ stosowania u zwierząt antybiotyków na lekooporność bakterii chorobotwórczych dla człowieka. *Med. Weter.* 2006, 62, 1339-1343.
36. Turner J.: Antibiotics in animal farming. Public health and animal welfare. Report Compassion in world farming 2011.
37. Winn W. Jr., Allen S., Janda W., Koneman E., Procop G., Schreckenberger P., Woods G.: *Koneman's Colore Atlas and Textbook of Diagnostic Microbiology*. (Ph): Lippincott Williams&Wilkins, Baltimore 2006, 211.

Adres autora: dr Marek Szewczyk, ul. Jordana 19, 41-808 Zabrze Rokitnica;
e-mail: marek_szewczyk@poczta.onet.pl