

Pathogenic Bacterial Genes Resistant to Antibiotics in Chickens: Systematic Literature Review

Rosyunita^{1*}, Eustachius Hagni Wardoyo¹, Nurmi Hasbi¹, Adelia Riezka Rahim¹

¹Medical Education, University of Mataram, Mataram City, West Nusa Tenggara, Indonesia;

Article History

Received : March 05th, 2026

Revised : April 15th, 2026

Accepted : May 01th, 2026

*Corresponding Author:

Rosyunita, Medical Education,
University of Mataram,
Mataram City, West Nusa
Tenggara, Indonesia;

Email: rosyunita@unram.ac.id

Abstract: Chicken meat and eggs are widely consumed sources of protein, increasing consumer demand and leading to the use of antibiotics as prophylaxis and therapeutics. The purpose of this narrative review is to describe the colonization of chicken parts and organs and summarize the resistance genes in chickens reported from 2015 to 2026. The method used a systematic literature review with a narrative review. This review focuses on four main bacteria: *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., and *Enterococcus* spp. The results showed that almost all chicken organs were colonized by bacteria carrying various antibiotic resistance genes. These resistance genes included fluoroquinolones (gyrA, gyrB), tetracyclines (tetA, tetB, tetO, tetM, tetL), β -lactams (blaTEM, blaSHV, blaCTX-M, blaCMY, blaOXA-61), aminoglycosides (aac, aad, aph, strA/B), and sulfonamides (sul1, sul2, sul3). The presence of multidrug efflux pump genes (cmeB, cmeG) in *Campylobacter* spp. further highlights the increasing prevalence of multidrug resistance. Colonization of antibiotic-resistant pathogenic bacteria with resistance genes has been found in vital organs of chickens. These findings highlight the importance of molecular surveillance and integrated One Health strategies to reduce the spread of AMR.

Keywords: Antibiotics; Bacterial; Chicken; Patoghenic; Resistant Genes.

Pendahuluan

Resistensi antibiotik telah ditetapkan sebagai prioritas penelitian oleh WHO pada tahun 2030. Prioritas ini berfokus pada patogen, baik bakteri maupun jamur, yang sangat penting dalam mengatasi kasus resistensi (Bertagnolio et al., 2024). Estimasi kematian manusia yang diasosiasikan dengan resistensi antimikroba sebesar 4,95 juta pada tahun 2019 (*Antimicrobial Resistance Collaborators*, 2022). Selain kematian dan kecacatan, resistensi antimikroba juga menimbulkan biaya ekonomi yang signifikan. *World Bank* memperkirakan bahwa resistensi antibiotik dapat mengakibatkan biaya perawatan kesehatan tambahan sebesar US\$ 1 triliun pada tahun 2050, dan kerugian produk domestik bruto (PDB) sebesar US\$ 1 triliun hingga US\$ 3,4 triliun per tahun pada tahun 2030 (*World Bank Group*, 2017). Tingginya

estimasi kematian dan biaya pengobatan kesehatan tambahan mendorong semua pihak untuk mengurangi dan menghentikan penyebaran resistensi antibiotik. Namun, ditemukan kerumitan penanganan karena adanya berbagai elemen yang saling terkait dan berkontribusi terhadap perkembangan dan penyebarannya. Ini menjadikannya masalah yang sulit untuk diatasi (Klein et al, 2018).

Salah satu elemen yang terlibat dalam kerumitan penanganan penyebaran resistensi tersebut adalah mekanisme molekuler dari bakteri. Mekanisme molekuler terdiri dari mutasi genetik, pompa efluks, degradasi enzim antibiotik, modifikasi situs target, dan pembentukan biofilm (Vivekanandan et al, 2025). Mutasi genetik menyebabkan gen-gen menjadi resisten. Cara penyebaran gen resistensi antibiotik pada patogen dapat dilakukan melalui transfer gen vertikal (TGV) dan transfer gen horizontal (TGH) (Stevenson

et al, 2017). TGV ditransmisikan antargenerasi pada bakteri. Selama proses pembelahan bakteri, gen resistensi antibiotik ditransmisikan dari induk ke keturunan (Li et al, 2019).

Adapun TGH dapat dilakukan melalui transformasi, transduksi, dan konjugasi. TGH memungkinkan terjadinya proses berbagi *Mobile Genetic Element* (MGE) gen resistensi dengan spesies bakteri *nonresisten* lainnya yang mendorong akumulasi dan penyebaran gen resistensi antibiotik (GRA) pada bakteri Gram-negatif dan Gram-positif (Zheng et al, 2021; Kooning et al, 2019). Ketika gen resistensi antibiotik pada bakteri terakumulasi hingga tingkat tertentu, dimungkinkan untuk membentuk superbakteri patogenik tinggi yang resisten terhadap sebagian besar obat antimikroba. Ini akan menimbulkan ancaman serius bagi kesehatan manusia (Tao et al, 2021).

Studi secara fenotipik tentang bakteri resisten antibiotik, pemetaan sistematis mengenai gen resistensi pada bakteri patogen khususnya pada ayam broiler seperti bakteri *Campylobacter* sp., *E. coli*, *Salmonella* sp., dan *Enterococcus* sp., beberapa telah dilaporkan, namun masih terpisah-pisah dan belum terangkum. Di sisi yang lain dibutuhkan pemahaman tentang identifikasi gen resisten. Ini akan membantu dalam memahami pola penyebaran bakteri resisten antibiotik dalam konteks pendekatan *One Health* sebagai upaya penyelesaian masalah ini.

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan maka tujuan dari penulisan artikel ini adalah untuk mengidentifikasi jenis bakteri patogen resisten antibiotik yang melakukan kolonisasi pada bagian dan organ ayam, juga untuk mengetahui gen-gen resisten antibiotik pada bakteri yang melakukan kolonisasi tersebut pada 10 tahun terakhir.

Bahan dan Metode

Desain Penelitian

Penelitian ini menggunakan desain tinjauan naratif (narrative review) untuk mensintesis bukti ilmiah terkait bakteri patogen resisten antibiotik pada ayam broiler serta gen resistensi yang terkait. Pendekatan ini memungkinkan integrasi berbagai temuan

penelitian secara deskriptif tanpa analisis kuantitatif formal.

Prosedur Penelitian

Strategi Pencarian Literatur

Pencarian artikel dilakukan secara sistematis pada database:

- PubMed
- Scopus
- ScienceDirect
- Frontiers
- Google Scholar

Kriteria Inklusi

Artikel ini disusun menggunakan pendekatan Kriteria inklusi yang digunakan untuk menyaring informasi terdiri dari:

1. Penggunaan kata kunci berupa *Escherichia coli*”, “*Salmonella*”, “*Campylobacter*”, “*Enterococcus*”.
2. Artikel yang diseleksi berasal dari publikasi tahun 2015-2026 awal.
3. Bakteri resisten antibiotik dan gen resistensi yang dilaporkan
4. Bakteri yang diulas terdiri dari *E. coli*, *Salmonella* sp., *Campylobacter* sp., dan *Enterococcus* sp..

Kriteria eksklusi

Kriteria eksklusi yang digunakan terdiri dari:

1. Penelitian yang tidak melibatkan ayam
2. Sumber yang tidak melalui proses peer review
3. Artikel sebelum tahun 2015

Semua artikel yang relevan ditinjau, dianalisis dan disintesis secara deskriptif. Sebanyak 111 artikel ilmiah disertakan dalam tinjauan ini.

Hasil dan Pembahasan

Kolonisasi Bakteri Patogen pada Organ Ayam

Daging ayam menjadi salah satu jenis industri makanan yang paling banyak tersebar di seluruh dunia karena biaya produksinya yang relatif rendah dan tidak adanya batasan budaya dan agama terhadap konsumsinya (Nhung et al, 2017). Ayam sering kali dipelihara di peternakan dengan kondisi intensif, dan ancaman infeksi bakteri yang dapat menyebabkan kerugian ekonomi yang besar dan penurunan kesejahteraan hewan, seperti *E. coli*, *Salmonella*

sp., dan yang lainnya, sebagai penyebab infeksi. Adapun jenis bakteri yang diulas dalam artikel ini dapat dilihat pada Tabel 1. Jenis bakteri dibatasi pada kelompok bakteri yang sering ditemukan pada ayam dan mengkolonisasi organ ayam dalam keadaan hidup atau telah menjadi mati (siap dikonsumsi oleh manusia). Bakteri tersebut terdiri dari *Campylobacter* spp., *E. coli*, *Salmonella* sp. dan *Enterococcus* sp.

Data pada Tabel 1. menunjukkan bahwa kolonisasi bakteri pada ayam didominasi oleh saluran pencernaan sebagai lokasi utama, dengan variasi tingkat penyebaran antar spesies. *Campylobacter* sp. terbatas pada saluran cerna, sedangkan *E. coli* dan *Enterococcus* sp. menunjukkan distribusi yang lebih luas hingga organ internal dan jaringan luar. *Salmonella* sp.

memiliki pola kolonisasi kompleks hingga kantung empedu.

Berdasarkan analisis semi-kuantitatif menunjukkan bahwa bakteri *E. coli* merupakan bakteri yang paling sering ditemukan pada berbagai organ dengan persentase 58,3%, kemudian *Enterococcus* sp. sebesar 50%, kemudian secara berturut-turut *Salmonella* sp. dan *Campylobacter* spp. sebesar 28,8% dan 16,7%. Hasil ini menunjukkan bahwa *E. coli* memiliki kemampuan lebih mudah untuk menyebar dan kolonisasi pada organ-organ ayam. Persentase ini dihitung dari jumlah organ terkolonisasi yang dilaporkan pada literatur. Ini tidak menunjukkan seberapa banyak organ yang benar-benar dikolonisasi tetapi hanya gambaran distribusi relatif kejadian kolonisasi.

Tabel 1. Kolonisasi bakteri terhadap ayam

Jenis bakteri	Kolonisasi bakteri	Sumber
<i>Campylobacter</i> spp.	Sekum, Usus besar, Usus halus, Hati	Sahin et al, 2023; Yanestria et al, 2024; Berrang, et al, 2019
<i>E. coli</i>	Paha, Dada, Kulit, Ampela, Hati, Jantung, Usus halus, Sekum, Limfa, Paru-paru, Jejunum, Kolon, Tembolok, Sayap	Ahmed et al, 2025; Ranasinghe et al, 2021; Ribeiro et al, 2022; Halfaoui et al, 2017; Robe et al, 2019; Sanchez et al, 2020
<i>Salmonella</i> sp.	Telur, Daging, Hati, Usus Limfa, Kantung empedu	Sanchez et al, 2020; Ali et al, 2025; Nacer et al, 2022; Shalaby et al, 2021
<i>Enterococcus</i> sp.	Kantung kuning telur, Hati, Jantung, Sum sum tulang, Sendi, Kantung udara, Usus, Saluran cerna, Kulit leher, Dada, Kepala, Kloaka	Saad et al, 2024; Cagnoli et al, 2024; Rebelo et al, 2023; Jung et al, 2027;

Berdasarkan *weighted percentage* yang didasarkan pada jumlah artikel, *E. coli* memiliki 35,3% dan menjadikannya sebagai persentasi tertinggi. Ini menunjukkan bahwa *E. coli* paling banyak dilaporkan, dan ini juga mengindikasikan bahwa distribusi paling luas dan perhatian penelitian paling tinggi dikarenakan relevansinya sebagai patogen dan indikator resistensi antibiotik. Adapun *Salmonella* sp. dan *Enterococcus* sp. masing masing sebesar 23,5%. Ini menunjukkan konsistensi pelaporan keberadaan bakteri sebagai zoonosis dan penyebab infeksi sistemik pada ayam. Adapun persentase terendah adalah bakteri *Campylobacter* sp. sebesar 17,6%. Ini menunjukkan bahwa meskipun sedikit laporan, tetap menjadi perhatian sebagai patogen *foodborne*.

Kolonisasi bakteri pada organ-organ ayam mengarahkan kepada adanya pola gradien enterik hingga invasif. Semakin luas organ yang dikolonisasi maka semakin besar daya invasif bakteri. Bakteri dengan gradien enterik yaitu *Campylobacter* sp., dan *E. coli* sedangkan gradien invasif seperti *Salmonella* sp.. Luasnya distribusi kolonisasi organ oleh bakteri berkorelasi dengan tingkat transmisi resistensi antibiotik dan potensi risiko transmisi zoonosis.

Bakteri *Campylobacter* sp. merupakan bakteri yang umum ditemukan pada ayam. Keberadaan kontaminasi bakteri ini pada daging ayam berasal dari feses ayam karena secara alami terdapat pada usus ayam. Prevalensi *Campylobacter* spp. yang dilaporkan pada ayam pedaging adalah 27,3% dan 12,3% pada tahun 2016 dan 2017 di Uni Eropa (EFSA (*European*

Food Safety Authority) dan ECDC (*European Centre for Disease Prevention and Control*), 2017). Popa et al (2025) melaporkan sebanyak 130 sampel yang dikumpulkan dari rumah potong hewan (n = 40) dan *retail* (n = 90) dianalisis menggunakan metode mikrobiologi terstandar (ISO 10272-1:2017). Dari sampel-sampel tersebut, prevalensi *Campylobacter* spp. secara keseluruhan adalah 27,7%, dengan prevalensi di rumah potong hewan sebesar 32,5% dan di *retail* sebesar 25,5%. Syarifa et al, (2020) melaporkan bahwa prevalensi *Campylobacter* spp. pada daging ayam ditemukan sebesar 61,9% di 6 provinsi di Indonesia. Jenis *Campylobacter* yang ditemukan berupa *C. jejuni*, *C. coli*, dan *Campylobacter* spp. Kolonisasi bakteri *Campylobacter* terjadi pada sekum dan jaringan hati bagian dalam (Berrang et al, 2019).

Terjadinya kolonisasi *Campylobacter* di hati mungkin merupakan akibat dari kontaminasi isi usus selama pemrosesan, tetapi kontaminasi juga dapat muncul melalui infeksi sistemik bakteri yang berkolonisasi pada ayam hidup. Hati yang menunjukkan lesi fokal lebih mungkin memiliki kandungan *Campylobacter* yang lebih tinggi daripada yang tidak. Galur yang ditemukan pada jaringan dalam hati berupa *C. jejuni* CLB104 dan *C. jejuni* tetap di usus pada penelitian dengan pemberian isolat secara oral (Firlieyanti et al, 2016). Keberadaan bakteri *Campylobacter* sp. dengan pola kolonisasi dominan pada saluran cerna dan terbatas pada organ lain, menunjukkan peran kuat bakteri ini sebagai kontaminan pada pangan daripada patogen sistematik

E. coli merupakan anggota mikroflora normal usus unggas, tetapi strain tertentu seperti APEC (*Avian pathogenic Escherichia coli*), menyebar ke berbagai organ dalam dan menyebabkan kolibasilosis yang ditandai dengan penyakit sistemik yang fatal (Li et al, 2015). *E. coli* dengan resistensi terhadap beberapa jenis antibiotik ditemukan dengan prevalensi sebesar 61,67% dari total sampel 60 ekor pada pasar hewan di Bangladesh melalui swab kloaka (Sarker et al., 2019). Organ-organ yang dikolonisasi oleh bakteri *E. coli* ditemukan pada hati, jantung, paru, dan sekum (Saeed et al, 2025). *E. coli* terdeteksi pada 33% sampel, dengan prevalensi tertinggi pada ampela (12/20; 60%) dan hati (10/20; 50%). Selain itu, 11 dari 33 isolat *E. coli* (33,3%) merupakan penghasil

Extended-Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) dengan sampel hati yang menunjukkan insidensi tertinggi (5/33; 15,15%) (Ahmed et al, 2025).

Mekanisme *E. coli* menjadi resisten disebabkan oleh penggunaan antibiotik dalam skala besar dan dosis yang tidak memadai pada peternakan. Ini merupakan hal alami bagi bakteri untuk membentuk resistensi terhadap kelangsungan hidup mereka dan tidak hanya terhadap satu jenis antibiotik, tetapi juga terhadap berbagai kelas antibiotik (Ježak & Kozajda, 2022; Nurjanah et al., 2020). Namun, hal yang berbeda dari laporan Hess et al. (2022) adalah bahwa hasil penelitiannya menunjukkan resistensi tinggi ditemukan pada isolat *E. coli* yang berasal dari kawanan unggas petelur organik, yang membuktikan *multidrug resistance* meskipun tidak ada pengobatan antimikroba. Temuan ini berkaitan dengan heterogenitas pola kerentanan yang tinggi, tidak hanya dalam kawanan tetapi juga dalam unggas, dan bahkan dalam suatu organ. Adapun jumlah isolat resisten meningkat seiring bertambahnya usia unggas. Hasil penelitian ini menunjukkan kemungkinan bahwa lingkungan memainkan peran penting sebagai habitat utama akumulasi bakteri resisten antibiotik dalam sistem peternakan organik. Laporan-laporan penelitian ini menguatkan pola penyebaran dan kolonisasi bakteri *E. coli* yang luas sebagai patogen oportunistik dan reservoir gen resisten.

Bakteri *Salmonella* sp. merupakan bakteri patogen bawaan makanan dari keluarga Enterobacteriaceae yang menyebabkan gastroenteritis pada manusia. Infeksi *Salmonella* sp. melalui daging maupun telur. *Salmonella* mampu bertahan hidup di salah satu atau beberapa relung inang usus, saluran reproduksi, atau telur agar dapat menyebabkan penularan zoonosis. Semua ini dapat dianggap sebagai lingkungan yang tidak bersahabat. Lokasi utama kolonisasi *Salmonella* di usus adalah di dalam dua sekum besar yang terletak di persimpangan antara usus halus dan usus besar pendek. Untuk mempertahankan kolonisasi di lokasi ini, setiap spesies bakteri harus mampu mengatasi tekanan oksigen rendah, menghindari terbuangnya bakteri oleh aliran usus, memiliki fleksibilitas nutrisi, serta memiliki kemampuan untuk mengatasi respons inang apa pun (Wigley, 2024). *Salmonella* dapat mengkolonisasi usus, mengubahnya menjadi reservoir tanpa gejala

(Shaji et al., 2023). Prevalensi keseluruhan *Salmonella* spp. dalam sampel hati adalah 36,5% dari 104 sampel hati yang dikumpulkan (Palat et al, 2025). Laporan dari penelitian Adhikari et al (2020) dan Choi et al (2022) tentang penyebaran *Salmonella* bahwa bakteri tersebut menyebar ke bagian tubuh ayam pedaging dengan prevalensi yang tinggi di hati atau limfa sebagai indikator utama pergerakan dan persistensi.

Patogenesis *Salmonella* dapat dibagi menjadi beberapa tahap yaitu adhesi dan invasi sel epitel usus, kelangsungan hidup, multiplikasi di dalam sel inang, dan penyebaran ekstraintestinal. *Salmonella* sebagai patogen enterik mencapai usus melalui konsumsi oral (penularan horizontal) dari lingkungan, pakan, dan air yang terkontaminasi. Bahkan dosis infeksi *Salmonella enteritidis* yang sangat rendah, yaitu 1–5 sel bakteri, dapat menyebabkan infeksi pada anak ayam umur sehari. Masa inkubasi *Salmonella* biasanya 7 hingga 14 hari. Kemampuan bakteri untuk bertahan pada pH 3.7 di lambung membantu bakteri melewati lingkungan lambung yang asam. Setelah mencapai usus halus, *Salmonella* menginvasi dan melekat pada sel-sel epitel usus menggunakan adhesin fimbria. Masuknya *Salmonella* ke dalam mukosa usus terutama difasilitasi oleh sel-sel M yang terletak di atas bercak Peyer (jaringan limfoid terkait mukosa) (Higgison et al, 2016). Temuan ini menegaskan bahwa *Salmonella* spp. merupakan bakteri dengan kapasitas kolonisasi paling invasif, yang mendukung perannya sebagai patogen zoonotik utama.

Enterococcus sp. merupakan bakteri Gram positif berbentuk coccus (bulat), tanpa spora dengan patogenitas yang menyebabkan endokarditis yang fatal. Lebih dari 50 spesies Enterococci yang berbeda telah dideskripsikan, dan *E. faecalis*, *E. faecium*, *E. hirae*, dan *Enterococcus durans* adalah spesies yang paling umum di saluran pencernaan sekum ayam (O’Dea et al, 2019). Pada unggas, *Enterococcus* spp. dapat menyebabkan beberapa penyakit seperti osteomielitis, nekrosis kepala femoralis, spondilitis, penyakit rangka, dan artritis. Lebih lanjut, organisme ini telah dikaitkan dengan penyakit muskuloskeletal pada peternak ayam pedaging (Roy et al, 2022). Infeksi bakteri *C. cecorum* menyebabkan kematian pada ayam broiler yang sudah tua akibat septikemia dini, diikuti oleh kepincangan, sehingga

mengakibatkan dehidrasi dan kelaparan pada ayam yang lumpuh (Jung et al, 2018). Terdapat dua fase yang berbeda yaitu fase septik yang terjadi dalam 3 minggu pertama kehidupan dan fase kerangka yang terjadi pada kawanan yang lebih tua (Sachrier, 2022). Keberadaan bakteri *Enterococcus* sp. pada ayam berkaitan erat dengan tingkat produktifitas pada peternakan dan terhadap rantai pasok pangan.

Studi ini menawarkan cara baru untuk memahami penyebaran bakteri patogen pada ayam. Melalui penggabungan informasi tentang seberapa luas bakteri menyebar di berbagai organ dan mempertimbangkan banyaknya penelitian yang sudah dilakukan, kita bisa mendapatkan gambaran yang lebih lengkap tentang pola penyebarannya. Ini menunjukkan juga bahwa perbedaan pola kolonisasi antar bakteri tidak hanya mencerminkan karakter biologis masing-masing mikroorganisme, tetapi juga menentukan tingkat risiko zoonosis dan penyebaran resistensi antibiotik. Pendekatan integratif yang digunakan dalam studi ini memberikan kontribusi baru dalam memahami dinamika bakteri patogen pada ayam sebagai reservoir utama dalam rantai pangan.

Gen Resisten Antibiotik Bakteri pada Ayam

Penyebaran massif dari bakteri resisten antibiotik dipengaruhi oleh kemampuan bakteri beradaptasi dengan organ internal ayam dan lingkungan luar dalam hal ini di peternakannya. Mekanisme ini juga terjadi karena frekuensi paparan dan dosis dari antibiotik yang diberikan (Galgano et al, 2025). Bakteri telah mengembangkan mekanisme resistensi terhadap antibiotik ini yang canggih, yang kemungkinan besar telah berkembang selama jutaan tahun evolusi. Strategi ini mencakup jalur biokimia secara spesifik dan secara umum. Mekanisme resistensi antimikroba didasarkan pada pembatasan penyerapan obat, inaktivasi obat, dan efluks obat, yang merupakan contoh khas resistensi intrinsik (Nguyen et al, 2020). Adapun resistensi yang “diperoleh” terjadi karena transfer lateral gen resistensi antibiotik antara bakteri yang berbeda secara ekologi dan taksonomi. Ini mengarah pada kemampuan bakteri resisten terhadap berbagai jenis antibiotik (Sharma et al., 2023). Transfer lateral ini meliputi transfer genetik secara langsung dengan cara konjugasi, transformasi dan transduksi.

Ulasan ini menunjukkan bahwa bakteri memiliki kesamaan dalam gen yang membuat mereka resisten terhadap antibiotik (Tabel 2). Gen *gyrA* dan kelompok tet memiliki gen resisten pada hampir semua bakteri. Ini menunjukkan bahwa bakteri-bakteri tersebut memiliki tekanan seleksi untuk beradaptasi dengan antibiotik yang sama atau mirip, dan

memungkinkan terjadinya transfer gen resisten secara horizontal antarspesies melalui plasmid atau elemen genetik bergerak lainnya pada lingkungan peternakan atau ekosistem. Bakteri-bakteri tersebut juga menunjukkan pola *multidrug resistance* dengan adanya gen resisten pada beberapa kelas antibiotik.

Tabel 2. Jenis antibiotik dan gen resisten pada bakteri dari ayam

Nama Bakteri	Jenis Antibiotik	Gen Resisten	Sumber
<i>Campylobacter</i> spp.	Fluoroquinolones; Tetracycline; Beta-lactam; Macrolide; Aminoglycosides; Multidrug	<i>gyrA</i> & <i>gyrB</i> ; tet O, tetA, tet(W), & <i>ykkCD</i> ; <i>blaOXA-61</i> ; <i>Erm(B)</i> , <i>cmeC</i> , & <i>macB</i> ; <i>aph(3')-III</i> , <i>aphA-3</i> , & <i>ph(2'')-Ic</i> ; <i>cmeB</i> & <i>cmeG</i>	Tang et al, 2020; Dantroliya et al, 2025; Yanestria et al, 2024; Wei et al, 2024; Ramatla et al, 2020; Wanja et al, 2023; Kleinubing et al, 2021; Oejo et al, 2021
<i>E. coli</i>	Fluoroquinolones; Tetracycline; Beta-lactam; Macrolide; Aminoglycosides; Sulfonamide	<i>gyrA</i> ; tetA, tetB, & tetC; <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> , <i>blaCTX-M</i> , <i>blaCMY</i> , & <i>blaDHA</i> ; <i>ermB</i> ; Aminoglycosides; <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , & <i>sul3</i>	Hardiati et al, 2024; Rawat et al, 2024; Indrawati et al, 2021; Abbasi et al, 2020; Martínez-Álvarez et al, 2022
<i>Salmonella</i> sp.	Quinolones; Tetracyclines; Beta-lactams; Aminoglycosides (streptomycin) ; Amigloside Fluoroquinolones	<i>qnrS1</i> ; tetA, tetB; <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> , & <i>blaCTX-M</i> ; <i>strA/B</i> ; <i>aph(3')-Ia</i> & <i>aph(3'')-Ib</i> ; Sulfonamide	Piryaei et al, 205; Jiang et al, 2025
<i>Enterococcus</i> sp.	(Ciprofloxacin); Tetracycline; Macrolide-lincosamide- streptogramin b (<i>mlsb</i>); Aminoglycoside (Gentamicin)	<i>gyrA</i> ; tet M, tet L; <i>erm(B)</i> & <i>erm(A)</i> ; <i>aac(6'')Ie-</i> & <i>aph(2'')-Ia</i>	Huang et al, 2024; Rehman et al, 2018; Noh et al, 2020

Pola resistensi menunjukkan hubungan spesifik antara jenis antibiotik dan cara kerja genetiknya. Pada resistensi fluoroquinolon terjadi karena adanya mutasi pada gen *gyrA*, sedangkan produksi enzim β -laktamase dipengaruhi oleh gen *bla*. Hal ini kemungkinan menunjukkan bahwa resistensi tidak terjadi secara kebetulan, melainkan melalui proses molekuler tertentu dan terarah. Pola resistensi ini pada bakteri *Campylobacter* sp. terjadi karena adanya mekanisme pompa *efflux*. Hal ini kemungkinan terjadi karena bakteri beradaptasi dengan tekanan antibiotik di saluran pencernaan. *E. coli* diketahui memiliki variasi gen yang resisten terhadap antibiotik paling banyak dan menjadi sumber utama gen resisten antibiotik. Adapun *Salmonella* sp. memiliki kombinasi resistensi yang dapat bertahan dalam rantai makanan dan ini meningkatkan risiko penularan penyakit dari hewan ke manusia. *Enterococcus* sp. memiliki pola resistensi yang umum terjadi

pada bakteri Gram positif. Pola ini ditandai dengan adanya gen *erm* dan *tet* yang dominan sehingga terjadi infeksi oportunistik.

Campylobacter spp. merupakan kelompok patogen bawaan makanan yang telah dikenal dan bertanggung jawab sebagai penyebab gastroenteritis yang sembuh sendiri pada manusia, namun terkadang memerlukan pengobatan antibiotik karena potensi komplikasi serius (Lope2 et al, 2021). Resistensi antibiotik pada *Campylobacter* diperoleh melalui berbagai mekanisme, termasuk inaktivasi obat, perubahan target, modifikasi pompa pengeluaran antibiotik, dan penurunan permeabilitas membran (Yang et al, 2019). Mekanisme resistensi pada *Campylobacter*, termasuk mutasi titik dan akuisisi gen, memungkinkan bakteri ini untuk bertahan terhadap antibiotik yang umum digunakan, sehingga menimbulkan tantangan kesehatan masyarakat yang signifikan (Munita & Arias, 2016).

Jenis antibiotik yang telah resisten dan bakteri *Campylobacter* juga telah memiliki gen resistennya, yaitu kelompok antibiotik dari fluorokuinolon, tetrasiklin, beta-laktam, makrolida, aminoglikosida, serta *multidrugs* dari beberapa antibiotik secara bersamaan (Tabel 2). Resistensi terhadap fluorokuinolon seringkali berkaitan dengan mutasi titik pada gen DNA gyrase (*gyrA*) di dalam daerah penentu resistensi quinolon (QRDR) (Gharbi et al, 2021). Mutasi titik tunggal pada gen DNA gyrase (*gyrA*), yang mengkode topoisomerase tipe II yang berperan penting untuk replikasi, transkripsi, dan perbaikan DNA, memberikan resistensi terhadap fluoroquinolone (FQ-R) dengan mengurangi afinitas pengikatan obat. Quinolon sebagai bagian dari Fluorokuinolones bekerja dengan menghambat sintesis DNA bakteri dan menyebabkan kematian sel. Cara kerjanya meliputi penghambatan DNA gyrase dan DNA topoisomerase IV, dua enzim yang bertanggung jawab atas superkoiling kromosom selama sintesis DNA bakteri sehingga mengganggu replikasi, perbaikan, rekombinasi, dan transkripsi DNA (Shen et al, 2018; Pham et al, 2019; Millanao et al, 2021).

Resistensi *Campylobacter* spp. terhadap tetrasiklin dikaitkan dengan tet(O), protein pelindung ribosom (RPP), dan pompa efluks *cmeABC* dan *cmeG* (Shen et al, 2018; Tang et al, 2020). Tet(O) memberikan resistensi melalui pengikatan ke situs A ribosom bakteri, yang pada gilirannya memfasilitasi perubahan konformasi yang mengganggu pengikatan tetrasiklin dan mengeluarkan molekul antimikroba tersebut. Gen tet(O) banyak ditemukan pada *C. jejuni* dan *C. coli*, baik terdapat di dalam DNA kromosom atau diberikan melalui plasmid seperti pCC31 atau pTet. Melalui rekombinasi, dua atau lebih gen pengkode RPP dapat membentuk *chimera* fungsional yang disebut gen mosaik (Warburton et al, 2016). Sebagian besar gen mosaik resisten tetrasiklin terdiri dari rekombinasi gen RPP tet(O), tet(W), dan tet(32), dengan gen lain yang mencakup segmen tet(M) dan tet(S) (Hormeno et al, 2020). Adapun gen tet(O) dan gen *cmeABC* yang berfungsi dalam pompa efluks antibiotik dapat bertindak secara sinergis menyebabkan penurunan kerentanan terhadap tetrasiklin (Vieira et al, 2017).

Beta-laktam merupakan golongan antimikroba yang meliputi penisilin,

sefalosporin, karbapenem, dan monobaktam. Beta-laktam menghambat sintesis dinding sel bakteri melalui pengikatan protein pengikat penisilin dan mengganggu pengikatan silang peptida yang diperlukan dalam biosintesis peptidoglikan. β -laktamase adalah enzim yang menghidrolisis ikatan amida dari cincin β -laktam dalam struktur antimikroba β -laktam, sehingga menonaktifkannya (Tooke et al, 2019). Mekanisme utama resistensi β -laktam pada *Campylobacter* spp. adalah melalui produksi β -laktamase kelas D, yang juga disebut oksasilinase, yang bertindak untuk menghidrolisis molekul β -laktam secara enzimatik. *Campylobacter jejuni* dan *C. coli* memiliki gugus gen yang terletak di kromosom untuk salah satu β -laktamase, seperti *blaOXA-61-like*, *blaOXA-184-like*, *blaOXA-493-like*, dan *blaOXA-576-like* (Yoon & Jeon, 2020).

Dikodekan oleh gen *blaOXA-61*, OXA-61 adalah β -laktamase kelas D yang paling banyak dipelajari dan paling umum ditemukan pada *C. jejuni* yang memberikan resistensi terhadap ampicilin, amoksisilin, dan tikarsilin. Terlepas dari aktivitas β -laktamase, hampir 50% isolat *C. jejuni* positif *blaOXA-61* sensitif terhadap ampicilin. Tingkat ekspresi gen *blaOXA-61* diduga memengaruhi fenotipe resistensi. Mutasi titik transversasi G \rightarrow T di region promotor -57- pada *upstream* *blaOXA-61* yang dikaitkan dengan peningkatan ekspresi OXA-61. Ini meningkatkan resistensi β -laktam. Delesi pada posisi A69 dari promotor *blaOXA-61* menginduksi peningkatan ekspresi *blaOXA-61*. Ketika mutasi G57T dan penghapusan A69 hadir bersamaan, ekspresi berlebih *blaOXA-61* yang signifikan terlihat pada *C. coli* (Deforet et al, 2024). Meskipun OXA-61-like dan OXA-184-like adalah β -laktamase yang paling umum ditemukan pada *C. jejuni* dan *C. coli*, β -laktamase famili OXA lainnya juga terdapat pada berbagai spesies dan strain *Campylobacter*. OXA-493 dan OXA-518 telah diidentifikasi pada isolat *C. lari* yang memberikan resistensi tingkat dasar terhadap antibiotik β -laktam (Gourmen et al, 2020).

Makrolida adalah kelompok bakteri yang bekerja pada subunit ribosom 50S dan menghambat sintesis protein. Tiga mekanisme utama resistensi makrolida pada *Campylobacter* meliputi mutasi pada gen target (23S rRNA dan protein ribosom L4 dan L22), pompa

pengeluaran antibiotik (CmeABC dan CmeABC peningkat resistensi (RE-CmeABC), dan metilasi ribosom yang dilakukan oleh metilase ribosom yang dikodekan oleh erm(B) (Bolinger & Kathariou, 2017). Dalam penelitian Wei & Kang (2018) melaporkan bahwa 11 strain *Campylobacter* memiliki mutasi titik pada posisi 2075 di domain V gen 23S rRNA berkontribusi pada resistensi azitromisin dan eritromisin tingkat tinggi terhadap azitromisin dan eritromisin. Mutasi gen 23S rRNA bertindak secara sinergis dengan pengeluaran obat untuk menyebabkan resistensi eritromisin.

Hasil amplifikasi gen ermB pada isolat *E. coli* resisten eritromisin menunjukkan 13% (3/23) isolat positif gen ermB dengan produk amplifikasi 639 bp (Hardiati et al, 2021). Resistensi eritromisin disebabkan oleh sifat bakteri Gram-negatif yang tidak permeabel terhadap makrolida yang memiliki sifat hidrofobik. Aksi antibiotik makrolida adalah menghambat sintesis protein. Eritromisin mengikat subunit ribosom 50S pada bakteri sehingga sintesis protein terhambat. Gen erm (eritromisin ribosom metilase) mengkodekan kelompok enzim metiltransferase Erm. Enzim metiltransferase Erm memodifikasi satu rRNA 23S pada subunit ribosom 50S. Karena alasan ini, hal itu menyebabkan penurunan afinitas ikatan antibiotik (Wendlant et al, 2015).

Rehman et al (2018) melaporkan hasil penelitian yang menunjukkan lima puluh dari 57 isolat *Enterococcus* sp. yang resisten terhadap eritromisin (makrolida) hanya mengandung gen ermB atau ermA, sementara tiga isolat mengandung kedua gen tersebut. Lima isolat mengandung gen mefA, tiga isolat mengandung kedua gen ermB dan mefA, sementara dua isolat memiliki kombinasi gen ermA, ermB, dan mefA. *E. faecalis* secara intrinsik resisten terhadap lincomycin dan streptogramin B dan 100% dan 83,3% isolat dari spesies ini masing-masing membawa gen lsaA/E dan erm(A/B). Stępień-Pyśniak et al, (2016) melaporkan bahwa *Enterococcus* dari organ dalam unggas sehat dan sakit telah menunjukkan tingkat resistensi yang tinggi terhadap makrolida-linkosamida-streptogramin B (MLSB). Selain itu, *Enterococcus* yang mengekspresikan gen ermB juga dapat menunjukkan resistensi terhadap tetrasiklin.

Mekanisme resistensi aminoglikosida pada

Campylobacter spp. meliputi modifikasi obat enzimatis dan mutasi pada situs pengikatan ribosom (Fabre et al, 2018). Gen yang mengode enzim pengubah aminoglikosida dari dua famili berbeda ditemukan dalam penelitian Ocejó et al (2021), yaitu aminoglikosida fosfotransferase dan aminoglikosida nukleotidiltransferase, bersama dengan deteksi sporadis mutasi titik pada gen rpsL. Aminoglikosida fosfotransferase pada *Campylobacter* terutama dikode oleh aph(3')-III, yang memberikan resistensi terhadap amikasin, dan gen aph(2')-Ic, yang memberikan resistensi terhadap gentamisin. Dalam penelitian tersebut, gen aph(2')-Ic ditemukan pada 6 isolat *C. coli* resisten gentamisin (MIC > 16 mg/L), bersama dengan aph(3')-III pada 5 di antaranya. Gen aph(2')-Ic ini menunjukkan celah 3 nukleotida (nt) pada keenam isolat dibandingkan dengan sekuens referensi di GenBank, yang mengakibatkan hilangnya tirosin (Y) pada posisi asam amino ke-8. Semuanya resisten terhadap gentamisin.

Resistensi aminoglikosida pada strain *E. coli* patogen terutama disebabkan oleh keberadaan gen aac(3')-IIc dan aac(6')-Ib (Djagbare et al, 2023). Mereka menghambat sintesis protein dengan mengikat dengan afinitas tinggi ke situs A dari RNA ribosom 16S dari ribosom 30S. Resistensi bakteri terhadap aminoglikosida dapat disebabkan oleh mutasi kromosom dan perolehan elemen genetik bergerak (plasmid, integron, dan transposon). Hal ini dapat disebabkan oleh satu atau lebih mekanisme berikut: enzim pengubah aminoglikosida, penurunan permeabilitas membran, aksesibilitas aminoglikosida yang terbatas ke dalam sel, perubahan struktural pada target yang menunda pelekatan obat ke tempat kerjanya, dan ekstrusi obat dari sel oleh pompa efluks (Djagbare et al, 2023).

Bakteri memperoleh resistensi antibiotik melalui transfer gen horizontal atau mutasi spontan. Pada inang hewan, strain *Salmonella* yang resisten terhadap Str sering muncul melalui perolehan gen strA dan strB (yang mengode enzim penonaktif Str) dari spesies bakteri lain (Baym et al, 2016). Analisis struktural menunjukkan bahwa Str berikatan dengan pusat dekoding subunit kecil ribosom yang terdiri dari rRNA 16S dan protein ribosom uS12 (RpsL) dan menstabilkan konformasi tertutup untuk mendorong ketidaksesuaian kodon-

antikodon. Mutasi yang menyebabkan resistensi Str telah dipetakan ke gen rpsL, rrs, dan rsmG (gidB) (Wistrand-Yuan et al, 2018). Strain (HLAR) yang resisten terhadap aminoglikosida tingkat tinggi semakin banyak ditemukan, sebagian besar karena enzim pengubah aminoglikosida (AME) yang dikodekan dalam elemen genetik bergerak, yang tersebar luas di antara *Enterococcus* sp.. Di antara AME, gen yang paling umum adalah aac(6)-Ie-aph(2''), yang mengkodekan enzim bifungsional, AAC(6'')-APH(2''), yang memberikan resistensi terhadap spektrum luas aminoglikosida (Li et al, 2015).

Sulfonamida adalah antimikroba sintesis yang digunakan sebagai obat bakteriostatik terhadap infeksi bakteri (van Duijkeren et al., 2018). Resistensi terhadap sulfonamida pada bakteri Gram-negatif umumnya disebabkan oleh keberadaan gen sul1, sul2, dan sul3. Pada ketiga gen tersebut, gen sul2 merupakan gen sul yang paling banyak tersebar pada isolat *E. coli* unggas dan berperan penting dalam resistensi sulfonamida (Racewicz et al., 2022). Resistensi sulfonamida berkembang karena dihidropteroat sintase (DHPS) gen sul. Penyebaran resistensi antibiotik bersifat vertikal atau horizontal (Ben et al., 2017) karena gen sul terletak pada kromosom maupun plasmid. *Mobile Genetic Element* (MGE) memfasilitasi translokasi gen resistensi sulfonamida antara plasmid dan DNA kromosom (Rehman et al., 2017). Selain itu, plasmid yang membawa gen resistensi sulfonamida dapat menyebar di antara patogen bakteri yang serupa atau berbeda melalui transformasi atau konjugasi.

Hasil penelitian dari Zahoor et al (2024) dari sampel ayam pedaging komersial menunjukkan bahwa 42,85% (9/21) strain mengandung gen sul-1, sedangkan 38,09% (8/21) membawa gen sul-2, dan 19,04% (4/21) memiliki kedua gen tersebut. Tidak ada isolat yang menunjukkan keberadaan gen sul-3. Selanjutnya, integron kelas 1 dan kelas 2 diidentifikasi masing-masing pada 80,95% (17/21) dan 19,04% (4/21) strain. *E. coli* dapat membawa integron yang memfasilitasi penyebaran resistensi di antara hewan penghasil makanan (Zulqarnain et al., 2021). Integron dapat mentransmisikan gen resistensi dari bakteri komensal ke bakteri patogen, dan dapat membawa beberapa gen resistensi secara

bersamaan (Khan et al., 2021; Zulqarnain et al., 2021; Sagor et al., 2022).

Penelitian dari Lozano-Villegas & Rondon-Barragan (2024) melaporkan bahwa terdapat gen resistensi *sulfamethoxazole* (sul), tingkat positif yang tinggi untuk sul1 (50%), dan sul2 (50%) pada *Salmonella* spp. yang diisolasi dari daging ayam. Deteksi gen sul pada strain *Salmonella* yang diisolasi dari bangkai hewan relevan karena potensi transfer gen-gen ini dari bakteri komensal ke bakteri yang lebih virulen melalui integron, transposon, atau plasmid (Xu et al, 2020). Gen sul1 biasanya ditemukan pada integron kelas 1 dan terkait dengan gen resistensi lainnya, sedangkan gen sul2 biasanya terkait dengan plasmid multikopi kecil atau plasmid multiresistensi *transmissible* besar (Sánchez-Osuna et al, 2019; Jiang et al, 2019]. Gen sul3 diidentifikasi pada plasmid konjugatif di *E. coli*, sedangkan gen sul4 diidentifikasi dalam prospeksi sistematis gen integron kelas 1 (Sánchez-Osuna et al, 2019). Potensi transfer gen-gen ini dapat terjadi ke bakteri lain, lingkungan, hewan, dan manusia (Santos Pavelquesi et al, 2021).

Keberadaan gen resistensi pada bakteri zoonotik membuat risiko kegagalan terapi antibiotik pada manusia meningkat, sehingga pengobatan menjadi lebih lama. Ayam memiliki potensi besar sebagai reservoir dalam penyebaran antimicrobial resistance dan berpotensi ditransmisikan ke manusia. Pola gen resistensi yang ditemukan menunjukkan tingginya tingkat resistensi multidrug dan mengindikasikan adanya dinamika evolusi dan transfer gen yang kompleks dalam ekosistem unggas. Namun, karena studi ini menggunakan pendekatan sintesis literatur, hasilnya tidak merepresentasikan prevalensi absolut gen resistensi.

Kesimpulan

Berdasarkan ulasan pada naskah ini ditemukan bahwa hampir seluruh bagian ayam telah dikolonisasi oleh bakteri resisten antibiotik *Campylobacter* sp. *E. coli*, *Salmonella* spp. dan *Enterococcus* sp. Bukti yang ditinjau menunjukkan distribusi luas gen resistensi antibiotik di antara patogen utama yang terkait dengan ayam broiler, termasuk *E. coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., dan

Enterococcus spp. Resistensi terutama dikaitkan dengan mutasi gyrA (fluorokuinolon), gen tet (tetrasiklin), dan gen bla (β -laktam), bersama dengan determinan resistensi aminoglikosida dan sulfonamida. Keberadaan gen efusi *multidrug* menyoroti kekhawatiran yang meningkat terhadap strain MDR (*Multi Drug Resistant*) dalam produksi unggas. Temuan ini menggarisbawahi peran ayam sebagai reservoir signifikan gen resistensi antimikroba dan menekankan perlunya pengawasan berbasis *One Health* yang terintegrasi dan strategi pengelolaan antibiotik.

Ucapan Terima Kasih

Terima kasih kepada Fakultas Kedokteran dan Ilmu Kesehatan Universitas Mataram telah mendanai biaya publikasi ini

Referensi

- Ahmed, H. A., El-tahlawy, A. S., El Bayomi, R. M., Ahmed, M. A., Abd Elazeem, M. A., Alahmad, W., & Hafez, A. E. S. E. (2025). Prevalence, antimicrobial resistance, and genetic profile of *Escherichia coli* in retail chicken parts in Zagazig City, Egypt. *International Journal of Food Microbiology*, 436, 111211. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111211>
- Abbassi, M. S., Kilani, H., Abid, I., Sáenz, Y., Hynds, P., Lengliz, S., Chehida, N. B., & Boutiba-Ben Boubaker, I. (2020). Genetic background of antimicrobial resistance in multiantimicrobial-resistant *Escherichia coli* isolates from feces of healthy broiler chickens in Tunisia. *BioMed Research International*, 2021(1), 1269849. <https://doi.org/10.1155/2021/1269849>
- Ali, H. R., Hefny, E. G., Koraney, N. F., Ali, S. F., AbdAllah, M. I., Fadel, M. A., Elnomrosy, S. M., & Shahein, M. A. (2025). Antibiotic residues correlate with antibiotic resistance of *Salmonella typhimurium* isolated from edible chicken meat. *Scientific Reports*, 15(1), 1-12. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-98189-4>
- Antimicrobial Resistance Collaborators. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *The Lancet*, 399(10325), 629-655. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)
- Baym, M., Stone, L. K., & Kishony, R. (2016). Multidrug evolutionary strategies to reverse antibiotic resistance. *Science (New York, N.Y.)*, 351(6268), aad3292. <https://doi.org/10.1126/science.aad3292>
- Ben, W., Wang, J., Pan, X., & Qiang, Z. (2016). Dissemination of antibiotic resistance genes and their potential removal by on-farm treatment processes in nine swine feedlots in Shandong Province, China. *Chemosphere*, 167, 262-268. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2016.10.013>
- Berrang, M. E., Meinersmann, R. J., & Cox, N. A. (2019). *Campylobacter* subtypes detected in broiler ceca and livers collected at slaughter. *Poultry Science*, 98(11), 5908-5912. <https://doi.org/10.3382/ps/pez340>
- Bertagnolio, S., Dobрева, Z., Centner, C. M., Oлару, I. D., Donà, D., Burzo, S., Huttner, B. D., Chaillon, A., Gebreselassie, N., Wi, T., Hasso-Agopsowicz, M., Allegranzi, B., Sati, H., Ivanovska, V., Kothari, K. U., Balkhy, H. H., Cassini, A., Hamers, R. L., Weezenbeek, K. V., & WHO Research Agenda for AMR in Human Health Collaborators. (2024). WHO global research priorities for antimicrobial resistance in human health. *The Lancet Microbe*, 5(11), 100902. [https://doi.org/10.1016/S2666-5247\(24\)00134-4](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(24)00134-4)
- Bolinger, H., & Kathariou, S. (2017). The current state of macrolide resistance in *Campylobacter* spp.: trends and impacts of resistance mechanisms. *Appl Environ Microbiol.* 83(12). <https://doi.org/10.1128/aem.00416-17>
- Cagnoli, G., Paolo, A. D., Bertelloni, F., Salvucci, S., Buccioni, A., & Ebani, V. V. (2024). Occurrence of antimicrobial-resistant *Enterococcus* spp. in healthy chickens never exposed to antimicrobial agents in Central Italy. *Antibiotics*, 13(5), 417. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13050417>

- Dantroliya, S., Chavan, M., Pandit, R., Joshi, C., Tomley, F., Blake, D., Stabler, R., Joshi, C., & Joshi, M. (2025). Understanding antimicrobial resistance in *Campylobacter* isolates from poultry environments in Gujarat, India. *Applied Food Research*, 5(1).
<https://doi.org/10.1016/j.afres.2025.100740>
- Deforet, F., Jehanne, Q., Bénéjat, L., Aptel, J., Prat, R., Desbiolles, C., Ducournau, A., Jauvain, M., Bonnet, R., Vandenesch, F., Lemoine, J., & Lehours, P. (2023). Combined genomic-proteomic approach in the identification of *Campylobacter coli* amoxicillin-clavulanic acid resistance mechanism in clinical isolates. *Frontiers in microbiology*, 14, 1285236.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1285236>
- Djabare, P., Nadembega, N., Sagna, T., Ouattara, A. K., Sampo, E., Zohoncon, T., Ouedraogo, M., Belemgnere, M., Yeboah, D. O., & Sampore, J. (2023). Detection of *aac(3)IIC*, *aac(6)Ib*, *armA* genes coding for *Escherichia coli* resistance to aminoglycosides in Burkina Faso. *Advances in Infectious Diseases*, 13(4).
<https://doi.org/10.4236/aid.2023.134047>
- EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control). (2016). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2016. *EFSA Journal*, 15(12), 231.
<https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.5077>
- Fabre, A., Oleastro, M., Nunes, A., Santos, A., Sifré, E., Ducournau, A., Bénéjat, L., Buissonnière, A., Floch, P., Mégraud, F., Dubois, V., & Lehours, P. (2018). Whole-genome sequence analysis of multidrug-resistant *Campylobacter* isolates: a focus on aminoglycoside resistance determinants. *Journal of clinical microbiology*, 56(9), e00390-18.
<https://doi.org/10.1128/JCM.00390-18>
- Firleyanti, A. S., Connerton, P. L., & Connerton, I. F. (2016). *Campylobacter* and their bacteriophages from chicken liver: The prospect for phage biocontrol. *International journal of food microbiology*, 237, 121–127.
<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.08.026>
- Galgano, M., Pellegrini, F., Catalano, E., Capozzi, L., Del Sambro, L., Sposato, A., Lucente, M. S., Vasinioti, V. I., Catella, C., Odigie, A. E., Tempesta, M., Pratelli, A., & Capozza, P. (2025). Acquired bacterial resistance to antibiotics and resistance genes: from past to future. *Antibiotics*, 14(3), 222.
<https://doi.org/10.3390/antibiotics14030222>
- Gharbi, M., Béjaoui, A., Ben Hamda, C., Ghedira, K., Ghram, A., & Maaroufi, A. (2021). Distribution of virulence and antibiotic resistance genes in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated from broiler chickens in Tunisia. *J. Microbiol. Immunol. Infect*, 55(6), 1273–1282.
<https://doi.org/10.1016/j.jmii.2021.07.001>
- Gourmelon M, Boukerb AM, Nabi N, Banerji S, Joensen KG, Serghine J, Cormier A, Megr aud F, Lehours P, Alter T, Ingle DJ, Kirk MD, Nielsen EM. 2022. Genomic diversity of *Campylobacter lari* group isolates from Europe and Australia in a one health context. *Appl Environ Microbiol*, 88(23),
<https://doi.org/10.1128/aem.01368-22>
- Halfaoui, Z., Menoueri, N. M., & Bendali, L. M. (2017). Serogrouping and antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from broiler chicken with colibacillosis in center of Algeria. *Veterinary World*, 10(7): 830-835.
<https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.830-835>
- Hardiati, A., Safika, S., Teguh Wibawan, I. W., Indrawati, A., & Pasaribu, F. H. (2021). Isolation and detection of antibiotics resistance genes of *Escherichia coli* from broiler farms in Sukabumi, Indonesia. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 8(1), 84.
<https://doi.org/10.5455/javar.2021.h489>
- Hess, C., Troxler, S., Jandreski-Cvetkovic, D., Zloch, A., & Hess, M. (2022). *Escherichia coli* isolated from organic laying hens reveal a high level of antimicrobial

- resistance despite no antimicrobial treatments. *Antibiotics*, 11(4), 467. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11040467>
- Higginson, E. E., Simon, R., & Tennant, S. M. (2016). Animal models for salmonellosis: applications in vaccine research. *Clinical and vaccine immunology: CVI*, 23(9), 746–756. <https://doi.org/10.1128/CVI.00258-16>
- Hormeño, L., Campos, M. J., Vadillo, S., & Quesada, A. (2020). Occurrence of *tet(O/M/O)* mosaic gene in tetracycline resistant *Campylobacter*. *Microorganisms*, 8(11), 1710. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111710>
- Huang, Y., Boyen, F., Antonissen, G., Vereecke, N., & Van Immerseel, F. (2024). The genetic landscape of antimicrobial resistance genes in *Enterococcus cecorum* broiler isolates. *Antibiotics*, 13(5), 409. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13050409>
- Indrawati, A., Khoirani, K., Setiyaningsih, S., Affif, U., Safika, & Ningrum, S. G. (2021). Detection of tetracycline resistance genes among *Escherichia coli* isolated from layer and broiler breeders in West Java, Indonesia. *Tropical Animal Science Journal*, 44(3), 267-272. <https://journal.ipb.ac.id/tasj/article/view/31835>
- Jeżak, K., & Kozajda, A. (2022). Occurrence and Spread of Antibiotic-resistant bacteria on animal farms and in their vicinity in Poland and Ukraine—review. *Environmental Science and Pollution Research* 29(7), 9533–59. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-17773-z>
- Jiang, H., Cheng, H., Liang, Y., Yu, S., Yu, T., Fang, J., & Zhu, C. (2019). Diverse mobile genetic elements and conjugal transferability of sulfonamide resistance genes (*sul1*, *sul2*, and *sul3*) in *Escherichia coli* isolates from *Penaeus vannamei* and pork from large markets in Zhejiang, China. *Frontiers in microbiology*, 10, 1787. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01787>
- Jiang, X., Siddique, A., Zhu, L., Teng, L., Umar, S., Li, Y., & Yue, M. (2025). Ecological prevalence and genomic characterization of *Salmonella* isolated from selected poultry farms in Jiangxi province, China. *Poultry Science*, 104(7), 105197. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.105197>
- Jung, A., Chen, L. R., Suyemoto, M. M., Barnes, H. J., & Borst, L. B. (2018). A review of *Enterococcus cecorum* infection in poultry. *Avian diseases*, 62(3), 261–271. <https://doi.org/10.1637/11825-030618-Review.1>
- Jung, A., Petersen, H., Teske, L., & Rautenschlein, S. (2017). Colonization patterns of *Enterococcus cecorum* in two different broiler production cycles detected with a newly developed quantitative real-time PCR. *BMC Microbiol*, 17(106). <https://doi.org/10.1186/s12866-017-1021-7>
- Khan, M. U. Z., Liu, B., Yang, S., Xu, X., Wang, Y., & Cai, J. (2021). Genetic diversity of *Clostridium perfringens* strains isolated from broiler chickens revealed by PFGE analysis in China and Pakistan. *Pak Vet J*, 41(1): 85-91. [10.29261/pakvetj/2020.087](https://doi.org/10.29261/pakvetj/2020.087)
- Klein, E. Y., Van Boeckel, T. P., Martinez, E. M., Pant, S., Gandra, S., Levin, S. A., Goossens, H., & Laxminarayan, R. (2018). Global increase and geographic convergence in antibiotic consumption between 2000 and 2015. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115(15), E3463–E3470. <https://doi.org/10.1073/pnas.1717295115>
- Kleinubing, N. R., Ramires, T., Würfel, S. D. F. R., Haubert, L., Scheik, L. K., Kremer, F. S., Lopes, G. V., & Silva, W. P. D. (2021). Antimicrobial resistance genes and plasmids in *Campylobacter jejuni* from broiler production chain in Southern Brazil. *LWT*, 144, 111202. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111202>
- Koonin, E. V., & Makarova, K. S. (2017). Mobile genetic elements and evolution of CRISPR-Cas systems: all the way there and back. *Genome biology and evolution*, 9(10), 2812–2825. <https://doi.org/10.1093/gbe/evx192>

- Li, B., Qiu, Y., Song, Y., Lin, H., & Yin, H. (2019). Dissecting horizontal and vertical gene transfer of antibiotic resistance plasmid in bacterial community using microfluidics. *Environment international*, 131, 105007. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.105007>
- Li, W., Li, J., Wei, Q., Hu, Q., Lin, X., Chen, M., Ye, R., & Lv, H. (2015). Characterization of aminoglycoside resistance and virulence genes among *Enterococcus* spp. isolated from a hospital in China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 12(3), 3014-3025. <https://doi.org/10.3390/ijerph120303014>
- Li, Y., Chen, L., Wu, X., & Huo, S. (2015). Molecular characterization of multidrug-resistant avian pathogenic *Escherichia coli* isolated from septicemic broilers. *Poultry Science*, 94(4), 601-611. <https://doi.org/10.3382/ps/pev008>
- Lopes, G.V., Ramires, T., Kleinubing, N. R., Scheik, L. K., Fiorentini, Â. M., & da Silva, W. P. (2021). Virulence factors of foodborne pathogen *Campylobacter jejuni*. *Microbial Pathogenesis*, 161, 105265. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.105265>
- Lozano-Villegas, K. J., & Rondon-Barragan, J. S. (2024). virulence and antimicrobial-resistant gene profiles of *Salmonella* spp. isolates from chicken carcasses markets in Ibagué City, Colombia. *International Journal of Microbiology*. 2024(1). <https://doi.org/10.1155/2024/4674138>
- Martínez-Álvarez, S., Sanz, S., Olarte, C., Hidalgo-Sanz, R., Carvalho, I., Fernández-Fernández, R., Campaña-Burguet, A., Latorre-Fernández, J., Zarazaga, M., & Torres, C. (2022). Antimicrobial resistance in *Escherichia coli* from the broiler farm environment, with detection of SHV-12-producing isolates. *Antibiotics*, 11(4), 444. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11040444>
- Millanao, A. R., Mora, A. Y., Villagra, N. A., Bucarey, S. A., & Hidalgo, A. A. (2021). Biological effects of quinolones: a family of broad-spectrum antimicrobial agents. *Molecules (Basel, Switzerland)*, 26(23), 7153. <https://doi.org/10.3390/molecules26237153>
- Munita, J. M., & Arias, C. A. (2016). Mechanisms of antibiotic resistance. *Microbiology spectrum*, 4(2), 1-11. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.vm-bf-0016-2015>
- Nacer, N., El Ftouhy, F. Z., Derqaoui, S., Khayli, M., Nassik, S., & Lkhider, M. (2022). Prevalence and antibiotic resistance of *Salmonella* spp. and *Staphylococcus aureus* isolated from broiler chicken meat in modern and traditional slaughterhouses of Morocco. *World's Veterinary Journal*, 12(4), 430-439. <https://dx.doi.org/10.54203/scil.2022.vwj53>
- Nguyen, B. T., Chen, Q., He, J., & Hu, H. (2020). Microbial regulation of natural antibiotic resistance: understanding the protist-bacteria interactions for evolution of soil resistome. *Science of The Total Environment*, 705, 135882. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.135882>
- Nhung, N. T., Chansiripornchai, N., & Carrique-Mas, J. J. (2017). Antimicrobial resistance in bacterial poultry pathogens: a review. *Front. Vet. Sci*, 4, 1-10. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00126>
- Noh, E. B., Kim, Y. B., Seo, K. W., Son, S. H., Ha, J. S., & Lee, Y. J. (2020). Antimicrobial resistance monitoring of commensal *Enterococcus faecalis* in broiler breeders. *Poultry Science*, 99(5), 2675. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.01.014>
- Nurjanah, G. S., Cahyadi, A. I., & Windria, S. (2020). *Escherichia coli* Resistance to various kinds of antibiotics in animals and humans: a literature study. *Indonesia Medicus Veterinus*, 9(6), 970-983. <https://doi.org/10.19087/imv.2020.9.6.967>
- Ocejo, M., Oporto, B., Lavín, J.L., Hurtado, A. (2021). Whole genome-based characterisation of antimicrobial resistance and genetic diversity in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* from ruminants. *Sci Rep*, 11, 1-11. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-88318-0>
- O'Dea, M., Sahibzada, S., Jordan, D., Laird, T.,

- Lee, T., Hewson, K., Pang, S., Abraham, R., Coombs, G. W., Harris, T., Pavic, A., & Abraham, S. (2019). Genomic, antimicrobial resistance, and public health insights into *Enterococcus* spp. from Australian chickens. *Journal of clinical microbiology*, 57(8), e00319-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.00319-19>
- Pham, T. D. M., Ziora, Z. M., & Blaskovich, M. A. T. (2019). Quinolone antibiotics. *MedChemComm*, 10(10), 1719–1739. <https://doi.org/10.1039/c9md00120d>
- Piryaei., M.R., Peighambari, S. M., Razmyar, J. (2025). Drug resistance and genotyping studies of *Salmonella enteritidis* isolated from broiler chickens in Iran. *Front. Vet. Sci*, 12(1-3) <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1542313>
- Polat, I., Güngör, I., & Şen, B. (2025). Prevalence of *Salmonella enterica* serotypes isolated from broiler liver and their antibiotic resistance profiles. *Journal of Food Protection*, 88(7). <https://doi.org/10.1016/j.jfp.2025.100535>
- Popa, S. A., Herman, V., Tîrziu, E., Morar, A., Ban-Cucerzan, A., Imre, M., Pătrînjan, R.-T., & Imre, K. (2025). Public health risk of *Campylobacter* spp. isolated from slaughterhouse and retail poultry meat: prevalence and antimicrobial resistance profiles. *Pathogens*, 14(4), 316. <https://doi.org/10.3390/pathogens14040316>
- Raciewicz, P., Majewski, M., Biesiada, H. Nowaczewski, S., Wilczynski., Wystalska, D., Kubiak, M., Pszczola, M., & Madeja, Z. E. (2022). Prevalence and characterisation of antimicrobial resistance genes and class 1 and 2 integrons in multiresistant *Escherichia coli* isolated from poultry production. *Sci Rep*, 12. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09996-y>
- Ramatla, T., Mileng, K., Ndou, R., Tawana, M., Mofokeng, L., Syakamila, M., Lekota, K. E., & Thekiso, O. (2022). *Campylobacter jejuni* from slaughter age broiler chickens: genetic characterization, virulence, and antimicrobial resistance genes. *International Journal of Microbiology*, <https://doi.org/10.1155/2022/1713213>
- Ranasinghe, R. A. S. S., Satharasinghe, D. A., Anwarama, P. S., Parakatawella, P. K. S. D., Jayasooriya, L. J. P. A. P., Ranasinghe, K. S. B., Rajapakse, J. P. V., Huat, Y. J. T., Rukayadi, Y., Nakaguchi, Y., Nishibuchi, M., Radu, S., & Premarathne, K. K. J. (2021). Prevalence and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* in chicken meat and edible poultry organs collected from retail shops and supermarkets of North Western Province in Sri Lanka. *Journal of Food Quality*, 2022(1), 8962698. <https://doi.org/10.1155/2022/8962698>
- Rawat, N., Sabu, B., Bandyopadhyay, A., & Rajagopal, R. (2024). Assessment of antibiotic resistance in chicken meat labelled as antibiotic-free: a focus on *Escherichia coli* and horizontally transmissible antibiotic resistance genes. *LWT*, 194, 115751. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.115751>
- Rebello, A., Duarte, B., Ferreira, C., Mourão, J., Ribeiro, S., Freitas, A. R., Coque, T. M., Willems, R., Corander, J., Peixe, L., Antunes, P., & Novais, C. (2023). *Enterococcus* spp. from chicken meat collected 20 years apart overcome multiple stresses occurring in the poultry production chain: antibiotics, copper, and acids. *International Journal of Food Microbiology*, 384, 109981. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109981>
- Rehman, M. A., Yin, X., Zaheer, R., Goji, N., Amoako, K. K., McAllister, T., Pritchard, J., Topp, E., & Diarra, M. S. (2018). Genotypes and phenotypes of enterococci isolated from broiler chickens. *Front. Sustain. Food Syst*, 2(83). <https://doi.org/10.3389/fsufs.2018.00083>
- Rehman, M. U., Zhang, H., Huang, S., Iqbal, M. K., Mehmood, K., Luo, H., & Li, J. (2017). Characteristics of integrons and associated gene cassettes in antibiotic-resistant *Escherichia coli* isolated from free-ranging food animals in China. *Journal of food science*, 82(8), 1902-1907. [10.1111/1750-3841.13795](https://doi.org/10.1111/1750-3841.13795)

- Ribeiro, J., Silva, V., Monteiro, A., Igrejas, G., Reis, F. S., Barros, L., & Poeta, P. (2022). Antibiotic resistance among gastrointestinal bacteria in broilers: a review focused on *Enterococcus* spp. and *Escherichia coli*. *Animals*, 13(8), 1362. <https://doi.org/10.3390/ani13081362>
- Robé, C., Blasse, A., Merle, R., Friese, A., Roesler, U., & Guenther, S. (2019). Low dose colonization of broiler chickens with ESBL-/AmpC- producing *Escherichia coli* in a seeder-bird model independent of antimicrobial selection pressure. *Frontiers in Microbiology*, 10, 459384. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02124>
- Saad, M., Hamoud, M. M., Orabi, A., Amin, R., & Samir, A. (2024). Virulence determinants and antimicrobial resistance in *Enterococcus faecalis* isolated from hatcheries. *VMJ-G*, 70: 1-17. [10.21608/vmjg.2024.279451.1031](https://doi.org/10.21608/vmjg.2024.279451.1031)
- Saeed MA, Asif H, Ehtisham-ul-Haque S, Khan AU, Rehman Au, Rehman A, Rafique MK, Ahmed I, Qamar MF, Tomaso H and El-Adawy H. (2025). Detection and risk factor analysis of avian colibacillosis associated with colistin-resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae*. *Front. Vet. Sci.* 12:1612542. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1612542>
- Sagor, M. S., Hossain, M. S., Islam, T., Mahmud, M. A., Miah, M. S., Karim, M. R., Giasuddin, M., & Samad, M. A. (2022). Phenotypic and genotypic antibiotic resistance and virulence profiling of *Enterococcus faecalis* isolated from poultry at two major districts in Bangladesh. *Pak Vet J*, 42(2): 153-160. <http://dx.doi.org/10.29261/pakvetj/2022.019>
- Sahin, O., Pang, J., Pavlovic, N., Tang, Y., Adiguzel, M. C., Wang, C., Zhang, Q. (2023). A longitudinal study on *Campylobacter* in conventionally reared commercial broiler flocks in the United States: prevalence and genetic diversity. *Avian Diseases*, 67(4), 317-325. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-23-00004>
- Sanchez, H. M., Whitener, V. A., Thulsiraj, V., Amundson, A., Collins, C., Giragossian, E., Hornstra, A., Kamel, S., Maben, A., Reynolds, A., Roswell, E., Schmidt, B., Sevigny, L., Xiong, C., & Jay, J. A. (2020). Antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from conventional, no antibiotics, and humane family owned retail broiler chicken meat. *Animals*, 10(12), 2217. <https://doi.org/10.3390/ani10122217>
- Sánchez-Osuna, M., Cortés, P., Barbé, J., & Erill, I. (2019). Origin of the mobile di-hydropteroate synthase gene determining sulfonamide resistance in clinical isolates. *Frontiers in microbiology*, 9, 3332. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03332>
- Santos Pavelquesi, S. L., Ferreira, O., Magalhães Rodrigues, A. R., Silva, S., & Orsi, D. C. (2021). Presence of tetracycline and sulfonamide resistance genes in *Salmonella* spp.: literature review. *Antibiotics*, 10(11), 1314. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10111314>
- Sarker, M. S., Mannan, M. S., Ali, M. Y., Bayzid, M., Ahad, A., & Bupasha, Z. B. (2019). Antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from broilers sold at live bird markets in Chattogram, Bangladesh. *Journal of advanced veterinary and animal research*, 6(3), 272–277. <https://doi.org/10.5455/javar.2019.f344>
- Schreier, J., Rychlik, I., Karasova, D., Crhanova, M., Breves, G., Rautenschlein, S., & Jung, A. (2022). Influence of heat stress on intestinal integrity and the caecal microbiota during *Enterococcus cecorum* infection in broilers. *Veterinary research*, 53(1), 110. <https://doi.org/10.1186/s13567-022-01132-y>
- Shaji, S., Selvaraj, R. K., & Shanmugasundaram, R. (2023). *Salmonella* infection in poultry: a review on the pathogen and control strategies. *Microorganisms*, 11(11), 2814. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11112814>
- Shalaby, A., Ismail, M. M., & El-Sharkawy, H. (2021). Isolation, identification, and genetic characterization of antibiotic resistance of *Salmonella* species isolated from chicken farms. *Journal of Tropical*

- Medicine*, 2022(1), 6065831.
<https://doi.org/10.1155/2022/6065831>
- Sharma, S., Mohler, J., Mahajan, S. D., Schwartz, S. A., Bruggemann, L., & Aalinkeel, R. (2023). Microbial biofilm: a review on formation, infection, antibiotic resistance, control measures, and innovative treatment. *Microorganism*, 11(6). 1614
<https://doi.org/10.3390/microorganisms11061614>
- Shen, Z., Wang, Y., Zhang, Q., & Shen, J. (2018). Antimicrobial resistance in *Campylobacter* spp. *Microbiology spectrum*, 6(2),
<https://doi.org/10.1128/microbiolspec.arb-a-0013-2017>
- Stevenson, C., Hall, J. P., Harrison, E., Wood, A., & Brockhurst, M. A. (2017). Gene mobility promotes the spread of resistance in bacterial populations. *The ISME journal*, 11(8), 1930–1932.
<https://doi.org/10.1038/ismej.2017.42>
- Syarifah, I. K., Latif, H., Basri, C., & Rahayu, P., (2020). Identification and differentiation of *Campylobacter* isolated from chicken meat using real-time polymerase chain reaction and high resolution melting analysis of *hipO* and *glyA* genes. *Veterinary World*, 13(9): 1875-1883.
<http://www.doi.org/10.14202/vetworld.2020.1875-1883>
- Tang, M., Zhou, Q., Zhang, X., Zhou, S., Zhang, J., Tang, X., Lu, J., & Gao, Y. (2020). Antibiotic resistance profiles and molecular mechanisms of *Campylobacter* from chicken and pig in China. *Front.Microbiol*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.592496>
- Tao, S., Chen, H., Li, N., Wang, T., & Liang, W. (2021). The spread of antibiotic resistance genes in vivo model. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*, 2022(1), 3348695.
<https://doi.org/10.1155/2022/3348695>
- Tooke, C. L., Hinchliffe, P., Bragginton, E. C., Colenso, C. K., Hirvonen, V. H. A., Takebayashi, Y., & Spencer, J. (2019). β -Lactamases and β -Lactamase inhibitors in the 21st century. *Journal of Molecular Biology*, 431(18), 3472-3500.
<https://doi.org/10.1016/j.jmb.2019.04.002>
- van Duijkeren, E., Schink, A., Roberts, M. C., Wang, Y., & Schwarz, S. (2018). Mechanisms of bacterial resistance to antimicrobial agents. *Microbiol Spectr*, 6(10).
<https://doi.org/10.1128/microbiolspec.arb-a-0019-2017>
- Vieira A, Ramesh A, Seddon AM, Karlyshev AV.2017.CmeABC multidrug efflux pump contributes to antibiotic resistance and promotes *Campylobacter jejuni* Survival and multiplication in *Acanthamoeba polyphaga*. *Appl Environ Microbiol*, 83(22)
<https://doi.org/10.1128/AEM.01600-17>
- Vivekanandan, K., Kumar, P. V., Jaysree, R., & Rajeshwari, T. (2025). Exploring molecular mechanisms of drug resistance in bacteria and progressions in CRISPR/Cas9-based genome expurgation solutions. *Global Medical Genetics*, 12(2), 100042.
<https://doi.org/10.1016/j.gmg.2025.100042>
- Wanja, D. W., Mbuthia, P. G., Bebor, L. C., Aboge, G. O., & Ogoti, B. (2023). Antimicrobial usage, susceptibility profiles, and resistance genes in *Campylobacter* isolated from cattle, chicken, and water samples in Kajiado County, Kenya. *International journal of microbiology*, 2023, 8394605.
<https://doi.org/10.1155/2023/8394605>
- Warburton, P. J., Amodeo, N., & Roberts, A. P. (2016). Mosaic tetracycline resistance genes encoding ribosomal protection proteins. *J. Antimicrob. Chemother*, 71(21), 3333–3339
<https://doi.org/10.1093/jac/dkw304>
- Wei, B., & Kang, M. (2018). Molecular basis of macrolide resistance in *campylobacter* strains isolated from poultry in South Korea. *BioMed Research International*. 2018.
<https://doi.org/10.1155/2018/4526576>
- Wei, H. L., Liao, Y. S., Chen, B. H., Teng, R. H., Wang, Y. W., Chang, J. H., & Chiou, C. S. (2024). Antimicrobial resistance and genetic relatedness among *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* from humans and retail chicken meat in Taiwan. *Journal of global antimicrobial*

- resistance, 38, 27–34.
<https://doi.org/10.1016/j.jgar.2024.05.013>
- Wendlandt, S., Shen, J., Kadlec, K., Wang, Y., Li, B., Zhang, W. J., Feßler, A. T., Wu, C., & Schwarz, S. (2015). Multidrug resistance genes in staphylococci from animals that confer resistance to critically and highly important antimicrobial agents in human medicine. *Trends in microbiology*, 23(1), 44–54.
<https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.10.002>
- Wigley, P. (2024). *Salmonella* and the chicken: reflections on salmonellosis and its control in the United Kingdom. *Poult. Sci. Manag*, 1(1), 1-10.
<https://doi.org/10.1186/s44364-024-00001-y>
- Wisstrand-Yuen, E., Knopp, M., Hjort, K., Koskiniemi, S., Berg, O. G., & Andersson, D. I. (2018). Evolution of high-level resistance during low-level antibiotic exposure. *Nature communications*, 9(1), 1599. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-04059-1>
- World Bank Group. (2017). *Final report: drug-resistant infection: a threat to our economic future*. World Bank. License: Creative Commons Attribution CC BY 3.0 IGO. Washington, DC.
- Xu, F., Min, F., Wang, J., Luo, Y., Huang, S., Chen, M., Wu, R., & Zhang, Y. (2020). Development and evaluation of a Luminex xTAG assay for sulfonamide resistance genes in *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates. *Molecular and cellular probes*, 49, 101476.
<https://doi.org/10.1016/j.mcp.2019.101476>
- Yanestria, S. M., Effendi, M. H., Tyasningsih, W., Moses, I. B., Khairullah, A. R., Kurniawan, S. C., Aini Eka Puji Dameanti, F. N., Ikaratri, R., Adi Pratama, J. W., Sigit, M., Hasib, A., & Martua Silaen, O. S. (2024). Antimicrobial resistance patterns and genes of *Campylobacter jejuni* isolated from chickens in Pasuruan, Indonesia. *Open Veterinary Journal*, 14(3), 759.
<https://doi.org/10.5455/OVJ.2024.v14.i3.2>
- Yang, Y., Feye, K. M., Shi, Z., Pavlidis, H. O., Kogut, M., Ashworth, A. J., & Ricke, S. C. (2019). A historical review on antibiotic resistance of foodborne *Campylobacter*. *Front. Microbiol*, 10.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01509>
- Yoon, E. J., & Jeong, S. H. (2021). Class D β -lactamases. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 76(4), 836-864.
<https://doi.org/10.1093/jac/dkaa513>
- Zahoor, M. A., Nawaz, Z., Jamil, A., Yasmin, A., Alagawany, M., Othman, S. I., Allam, A. A., & El-Shall, N. A. (2024). Determining the prevalence and genetic diversity of plasmid-mediated sulfonamide resistance in *Escherichia coli* from commercial broiler samples. *Poultry Science*, 103(2), 103258.
<https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103258>
- Zheng, D., Yin, G., Liu, M., Chen, C., Jiang, Y., Hou, L., & Zheng, Y. (2021). A systematic review of antibiotics and antibiotic resistance genes in estuarine and coastal environments. *The Science of the total environment*, 777, 146009.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146009>
- Zulqarnain, M., Sarwar, N., Anjum, A. A., Firyal, S., Yaqub, T., & Rabbani, M. (2021). Molecular detection of colistin resistance gene (MCR-1) in *E. coli* isolated from cloacal swabs of broilers. *Pak Vet J*, 41(2): 284-288.
<http://dx.doi.org/10.29261/pakvetj/2021.016>