

and animals] *Epidemiologija i infeksionnye bolezni – Epidemiology and infectious diseases*, 1, 4-9 [in Russian].

4. Shlopov, V.G., & Volos, L.I. (1999). Prionovi infektsii: pidsumky ta perspectiva doslidzhennja [Prion infections: the results and perspectives of research]. *Infekcijni hvoroby – Infectious diseases*, 2, 5-9 [in Ukrainian].

5. Verbytskij, P.I. (2003). Hubchastopodibna entsefalopatia velykoi pogatoi khudoby [Spongiform encephalopathy of cattle]. *Veterynarna medycyna Ukrai'ny – Veterinary Medicine of Ukraine*, 4, 10-11 [in Ukrainian].

6. Kotsyumbas, I.Ya., & Levitsky, T.R. (2008). Metody laboratorного kontrolju ta identyfikacii' tkanyn tvarynnogo pohodzhennja u kormah [Methods of laboratory control and identification of tissues of animal origin in feeds]. *Efektivni kormy ta godivlja – Effective feed and nutrition*, 8(32), 13-15 [in Ukrainian].

УДК 636.5.09:639.12:616.9-047.36(477)

ПІЦАНСЬКИЙ О.В., e-mail: dndildvse@vetlabresearch.gov.ua,

САПАЧОВА М.А., канд. вет. наук, e-mail: m_sapacheva@meta.ua,

СУШКО М. І., e-mail: m.i.sushko@gmail.com,

УСАЧЕНКО Н.В., e-mail: nataliia.usachenko@gmail.com,

МЕЖЕНСЬКИЙ А.О., канд. вет. наук, e-mail: mezhaavet@gmail.com,

КІЇВСЬКА Г.В., канд. вет. наук, e-mail: vcheny.secretar@gmail.com

Державний науково-дослідний інститут з лабораторної діагностики та ветеринарно-санітарної експертизи

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ МОНІТОРИНГ ГРИПУ СЕРЕД ДИКОЇ ТА ДОМАШНЬОЇ ПТИЦІ В УКРАЇНІ ЗА 2016–2017 РОКИ

Наведено результати моніторингових досліджень щодо пташиного грипу серед дикої та домашньої птиці за 2016–2017 рр. Виявлення РНК, субтипуння вірусу по гемаглютиніну H5, H7 і визначення нейроамінідази проводили методом полімеразної ланцюгової реакції. Проведено аналіз результатів повногеномного секвенування вірусів, виявлених на території України.

Підтверджено, що вірус, який циркулював на території України в 2016–2017 рр. відноситься до субтипу H5N8, є високпатогенним, і є ідентичними з вірусами грипу птиці субтипу H5N8, які циркулюють в теперішній час на території Європи та Азії.

Ключові слова: *грип птиці, діагностика, епізоотична ситуація, моніторинг.*

Вступ. Згідно класифікації Міжнародного епізоотичного бюро(МЕБ) вірус пташиного грипу відноситься до категорії особливо небезпечних хвороб птиці [1, 2]. МЕБ відмічає, що з 2013 року спостерігається друга хвиля грипу птиці. Ситуація ускладнюється циркуляцією різноманітних підтипів вірусу, що створює значні труднощі в організації контролю і ліквідації спалахів. Порівнюючи з першою хвилею (з 2005 по 2012 роки) у теперішній час відмічається зростання числа циркулюючих підтипів вірусу грипу птиці з 4 до 12 [4].

У зв'язку з проходженням через територію України великої кількості міграційних шляхів дикої перелітної птиці і реєстрацією випадків грипу птиці в країнах, які межують з Україною постійно існує високий ризик занесення вірусу грипу птиці на територію України [6].

З метою вивчення епізоотичної ситуації, своєчасного виявлення інфікованої птиці та ліквідації вогнищ захворювань Україна проводить постійний моніторинг поширення вірусу пташиного грипу.

В Державному науково-дослідному інституті з лабораторної діагностики та ветеринарно-санітарної експертизи (ДНДІЛДВСЕ) моніторингові дослідження щодо грипу птиці проводяться впродовж 12 років. Проведення постійного моніторингу поширення вірусу пташиного грипу ґрунтується на використанні сучасних підходів і методів діагностики. Грип птиці діагностується на основі комплексного підходу з урахуванням епізоотологічних даних, клінічних, патологоанатомічних змін та лабораторних досліджень з використанням методів полімеразної ланцюгової реакції в реальному часі (ПЛР-РЧ), імуноферментного аналізу (ІФА) та реакції затримки гемаглютинації (РЗГА) [3, 5].

Молекулярно-генетичний моніторинг поширення вірусу грипу птиці на території, що досліджується, є важливою частиною епізоотологічного нагляду за цією хворобою. Закономірності розповсюдження високопатогенного пташиного грипу дозволили встановити головні території для відбору проб – місця сезонного скупчення дикої та перелітної птиці, яка є носієм вірусу. Використання молекулярно-генетичних досліджень для вивчення генетичної структури вірусів грипу дозволяє провести науково-обґрунтований епізоотичний моніторинг, визначити походження штамів та межі розповсюдження епізоотичного процесу.

Метою роботи було вивчення епізоотичного стану щодо грипу птиці на території України за період 2016–2017 рр.

Матеріали і методи досліджень. У період 2016–2017 рр. проводився молекулярно-генетичний моніторинг циркуляції вірусу грипу А/Н5/Н7 серед дикої та домашньої птиці. Було відібрано 5789 зразків патологічного матеріалу, які були досліджені в науково-дослідному відділі молекулярно-генетичних досліджень ДНДІЛДВСЕ методом ПЛР-РЧ на наявність РНК вірусу грипу птиці типу А та ідентифікації субтипів Н5, Н7 и Н5Н8 в позитивних зразках, використовуючи тест-системи: Avian Influenza Virus RNA Test Kit (VetMax™ - Gold AIV Detection Kit), LSI RT-PCR TaqMan® Avian Influenza H5 Typing Kit; LSI RT-PCR TaqMan® Avian Influenza H7 Typing Kit; набір для виділення РНК: QIAamp cador Pathogen Mini Kit, Qiagen.

Повногеномне секвенування ізолятів вірусів грипу А/Н5Н8, які були відібрані в період спалахів на території України, проводили в Animal and Plant Health Agency (Weybridge). Отримані послідовності нуклеотидів РНК порівнювали із послідовностями нуклеотидів РНК вірусів, які циркулюють на території Європи та Азії, послідовності нуклеотидів РНК вірусів отримували з

баз даних NCBI та GISAID EpiFlu. Порівняння послідовностей проводили за допомогою програми BLAST.

Результати досліджень та їх обговорення. У результаті проведених досліджень проведено аналіз епізоотичної ситуації в Україні щодо грипу птиці за 2016–2017 роки (табл. 1, табл. 2, табл. 3, табл. 4).

Таблиця 1

Результати досліджень патологічного матеріалу від птиці по виявленню вірусу грипу птиці типу А

Рік	Об'єкт дослідження					
	Домашня птиця			Дика птиця		
	Досліджено зразків	Виявлено позитивних	%	Досліджено зразків	Виявлено позитивних	%
2016	1683	22	1,3	11	2	18,1
2017	1672	12	0,71	2423	15	0,61
Всього	3355	34	1,01	2434	17	0,7

Таблиця 2

Результати досліджень по ідентифікації субтипу H5 вірусу грипу птиці типу А

Рік	Об'єкт дослідження			
	Домашня птиця		Дика птиця	
	Досліджено зразків	Виявлено позитивних	Досліджено зразків	Виявлено позитивних
2016	22	22	2	2
2017	12	12	15	15
Всього	34	34	17	17

Таблиця 3

Результати досліджень по ідентифікації субтипів H7 вірусу грипу птиці типу А

Рік	Об'єкт дослідження			
	Домашня птиця		Дика птиця	
	Досліджено зразків	Виявлено позитивних	Досліджено зразків	Виявлено позитивних
2016	22	0	2	0
2017	12	0	15	0
Всього	34	0	17	0

За досліджуваний період (2016–2017 роки) було досліджено 5789 зразків патологічного матеріалу методом ПЛР-РЧ, з них 2434 – від дикої птиці та 3355 – від домашньої. Для дослідження відбирали зразки внутрішніх органів (кишечник, легені, серце, трахеї), клоакальні та трахеальні змиви, а також послід від птиці.

Результати досліджень по ідентифікації нейроамідази 8 (N8) вірусу грипу птиці типу А

Рік	Об'єкт дослідження			
	Домашня птиця		Дика птиця	
	Досліджено зразків	Виявлено позитивних	Досліджено зразків	Виявлено позитивних
2016	22	22	2	2
2017	12	12	15	15
Всього	34	34	17	17

В результаті молекулярно-генетичних досліджень було виявлено 51 позитивний зразок на грип птиці тип А субтип H5N8. З них 17 зразків від дикої птиці в Чернівецькій (5), Тернопільській (5), Миколаївській (5), Херсонській (2) областях та 34 позитивних зразка від домашньої птиці в Чернівецькій (5), Одеській (7) та Херсонській (22) областях.

Порівняння послідовностей нуклеотидів РНК українських ізолятів вірусу грипу А/H5N8 від домашньої та дикої птиці з вірусами, які були виділені в країнах Європи та Азії впродовж 2016–2017 рр. вказує на високий рівень гомології. Послідовності амінокислот в ділянці розщеплення гемаглютиніну, підтверджують, що українські ізоляти вірусу грипу А/H5N8 є високопатогенними.

Висновки та перспективи подальших досліджень:

1. На території України за період 2016–2017 рр. зареєстровано спалахи високопатогенного вірусу грипу птиці.

2. Встановлено, що виділені ізоляти відносяться до типу А субтипу H5N8.

3. Територіальний аналіз свідчить, що вірус поширювався південно-західними та південними областями України.

4. Результати досліджень підтверджують необхідність проведення постійного моніторингу на грип птиці, особливо серед диких перелітних та синантропних птахів, з метою своєчасного виявлення інфікованих птахів, запобіганню поширення грипу птиці серед домашньої птиці та контролю епізоотичної ситуації.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

- Alexander D.J. A review of avian influenza in different bird species / D.J. Alexander. – Vet. Microbiol. – 2000. – Vol. 74. – P. 3–13.
- Capua I. Avian Influenza in Italy 1997-2001 / I. Capua, S. Marangon, M. Dalla Pozza [et al.] // Avian Dis. – 2003. – Vol. 47. – P. 839–843.
- Highly pathogenic avian influenza // Manual of Standards for Diagnostic Tests and Vaccines 2018 [Electronic resource – Mode of access: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/2.03.04_AI.pdf
- OIE situation report for Avian Influenza. Electronic resource- Mode of access: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/OIE_AI_situation_report/OIE_SituationReport_AI_January2018_01.pdf
- Swayne D. E. Avian Influenza. Ames, Iowa, USA etc. D. E. Swayne // Blackwell Publ, 2008. – 605 p.

6. Wild birds and avian influenza [Electronic resource]. – Mode of access: <http://www.fao.org/3/a-a1521e.pdf>.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ГРИППА СРЕДИ ДИКОЙ И ДОМАШНЕЙ ПТИЦЫ В УКРАИНЕ ЗА 2016–2017 ГОДА / Песчанский А.В., Сапачова М.А., Сушко Н.И., Усаченко Н.В., Меженский А.А., Киевская А.В.

Представлены результаты мониторинговых исследований по птичьему гриппу среди дикой и домашней птицы за 2016–2017 гг. Обнаружение РНК, субтипирование вируса по гемагглютиниnam H5, H7 и определение нейраминидазы проводили методом полимеразной цепной реакции. Проведен анализ результатов полногеномного секвенирования вирусов, обнаруженных на территории Украины.

Подтверждено, что вирус, который циркулировал на территории Украины в 2016–2017 гг. Относится к субтипу H5N8, является высокопатогенным и идентичный с вирусами гриппа птицы субтипа H5N8, циркулирующих в настоящее время на территории Европы и Азии.

Ключевые слова: *грипп птицы, диагностика, эпизоотическая ситуация, мониторинг.*

MOLECULAR GENETICS MONITORING OF INFLUENZA IN WILD AND DOMESTIC BIRDS IN UKRAINE IN 2016–2017 / Pishchanskyi O., Sapachova M., Sushko M., Usachenko N., Mezhenskyi A., Kyivska G.

Introduction. *Continuous monitoring of the Avian influenza (AI) is carried out with the aim of studying of epizootic situation, the timely detection of infected birds and the elimination of outbreaks of the disease.*

Molecular genetics monitoring of AI in Ukraine, that is a subject of research, is an important part of the epizootic surveillance of the disease. Main areas for sampling are places of seasonal accumulation of wild and migratory birds, which are carriers of the virus.

The goal of the work *was to study the epizootic state concerning of AI in Ukraine in 2016–2017.*

Materials and methods. *Tests of the pathological / biological material from the birds and typing of AI virus were carried out by PCR-RT. At first, the detection of AI RNA virus (detection of the M-gene) was performed. If the sample was positive for AI, the subtyping on haemagglutinins H5, H7 and neuraminidase N8 was carried out.*

Samples containing AI virus type A subtype H5N8 were submitted to OIE reference laboratory for AI pathogenicity determination and full genome sequencing.

Results of research and discussion. *In 2016–2017 5789 samples of pathological / biologicals materials were tested, 2434 samples from wild birds and 3355 samples from domestic ones. AI virus type A subtype H5N8 was detected in 51 samples: 17 samples from wild birds, and 34 samples from domestic birds.*

Comparison of RNA nucleotide sequences of Ukrainian isolates of influenza A / H5N8 virus from domestic and wild birds with viruses that were isolated in countries of Europe and Asia during 2016–2017. indicates a high level of homology. Sequences of amino acids in the cleavage site of hemagglutinin confirm that the Ukrainian isolates of the influenza A / H5N8 virus are highly pathogenic.

Conclusions and prospects for further research:

1. *In 2016–2017 outbreaks of AI were registered in Ukraine. The disease was caused by highly pathogenic AI virus type A subtype H5N8.*

2. *It was found that isolated viruses belong to type A subtype H5N8.*

3. *Territorial analysis shows that the virus spreads to the south-western and southern regions of Ukraine.*

4. *The results of the studies confirm the need for continuous monitoring of AI, especially among wild migratory birds and sinanthropic birds, in order to detect infection in a timely manner, to prevent the spread of AI in poultry and to control the epizootic situation.*

Keywords: Avian influenza, diagnostics, epizootic situation, monitoring.

REFERENCES

1. Alexander, D.J. (2000). A review of avian influenza in different bird species. *Veterinary Microbiology*. Issue 1-2, Vol. 74, 3 – 13.
2. Capua, I., Marangon, S., Dalla Pozza, M., Terregino, C., & Cattoli, G. (2003). Avian Influenza in Italy 1997-2001. *Avian Diseases*, Vol. 47, 839-843.
3. Manual of Standards for Diagnostic Tests and Vaccines 2018. Chapter 2.3.4. Highly pathogenic avian influenza. *oie.int* Retrieved from: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/2.03.04_AI.pdf
4. OIE situation report for Avian Influenza. *oie.int* Retrieved from: http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/7. OIE_AI_situation_report/OIE_SituationReport_AI_January2018_01.pdf
5. Swayne, D.E. (2008). *Avian Influenza*. Ames, Iowa, USA.
6. Wild birds and avian influenza. *fao.org*. Retrieved from: <http://www.fao.org/3/a-a1521e.pdf>.

УДК 619:616.98

РЕБЕНКО Г.І., канд. вет. наук, e-mail: rebenko.halina@gmail.com,

ТИТОВА Т.В., канд. біол. наук, e-mail: 7375388@gmail.com

Сумський національний аграрний університет

АЛГОРИТМ ЕПІЗООТОЛОГІЧНОГО АУДИТУ СВИНАРСЬКИХ ГОСПОДАРСТВ ДЛЯ ВИЯВЛЕННЯ РИЗИКІВ ЗАНЕСЕННЯ ВІРУСУ АФРИКАНСЬКОЇ ЧУМИ СВИНЕЙ

В статті наведена актуальна епізоотична ситуація з африканської чуми свиней в Україні, її динаміка та аналіз причин загострення. Представлено розроблений алгоритм виявлення ризиків занесення збудників емерджентних хвороб при проведенні епізоотологічного аудиту свинарських господарств щодо готовності реагування на загрозу виникнення африканської чуми серед свиней. Представлено результати застосування анкет для опитування керівників (відповідальних працівників) у свинарських господарствах різного рівня біобезпеки.

Ключові слова: свині, африканська чума свиней, біобезпека свинарських господарств, аналіз ризиків.

Вступ. Емерджентні хвороби, які мають значний вплив на економіку, торгівлю та продовольчу безпеку країн, можуть легко поширюватися з однієї території на іншу і досягати масштабів епізоотії та панзоотії [1–3]. У випадку охоплення територій суміжних країн хворобу вважають транскордонною, тобто, для контролю та викорінення такої хвороби необхідне міжнародне співробітництво. Африканська чума свиней (АЧС) є однією з так званих емерджентних транскордонних хвороб, від якої сьогодні потерпають свинарі усіх регіонів України [4, 5].