



14. **Mellor P.S.** Culicoides biting midges: their role as arbovirus vectors / P.S. Mellor, J. Boorman, M. Baylis // *Annu Rev. Entomol.* – 2000. – Vol. 45. – P. 307–340.
15. **Mellor P.S.** Infection of the vectors and bluetongue epidemiology in Europe / P.S. Mellor // *Veterinaria Italiana.* – 2004. – Vol. 40. – Issue 3. – P. 167–174.
16. **Nolan D.V.** Rapid diagnostic PCR assays for members of the *Culicoides obsoletus* and *Culicoides pulicaris* species complexes, implicated vectors of bluetongue virus in Europe. / D.V. Nolan et al. // *Veterinary microbiology.* – 2007. – Vol. 124. – Issue 1–2. – P. 82–94.
17. **OIE Terrestrial Animal Health Code 2010.** – Vol. 1. – Chap. 1.4, 1.5; Vol. 2. – Chap. 8.3.
18. **Segmented Double-stranded RNA Viruses: Structure and Molecular Biology** / Ed. by J.T. Patton. – Caister Academic Press (USA), 2008. – 374 p.

Одержано 12.05.2014

Научно обоснованная система мониторинга блутанга в Украине. И.Ю. Бисюк

Определены направления исследований по созданию научно обоснованной системы мониторинга блутанга в Украине. Подчеркивается необ-

ходимость использования данных мониторинговых исследований в определении основных зон риска возникновения и распространения заболевания. Автор отметил основные проблемы данного направления и необходимость разработки стандартизированных методов исследований, которые бы соответствовали требованиям МЭБ.

Science based monitoring system of bluetongue in Ukraine. I. Bisyuk

This article outlines the main activities and the role of the entomological surveillance of the vectors within bluetongue surveillance system. The primary purpose of such investigations is to provide data for the risk zone assessment. Also the main challenges and requirements of this activity elucidated. Authors stress the needs that methods of surveillance should be standardized according to the OIE demands. ☉



УДК 619:616.98:616. 2:636.4

О.В. ПРОХОРЯТОВА, канд. вет. наук, пр. наук. співробітник
О.В. КОЛЬЧИК, канд. вет. наук, пр. наук. співробітник
ННЦ «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», Харків

СУЧАСНА ЕТІОЛОГІЧНА СТРУКТУРА ІНФЕКЦІЙНИХ ХВОРОБ З РЕСПІРАТОРНИМ СИНДРОМОМ У СВИНЕЙ

Представлено аналітичні дані результатів лабораторних досліджень біологічних матеріалів від свиней із респіраторним синдромом (РС), які були проведені у 2011–2013 рр. у свиногосподарствах 10 областей України. Показано етіологічну структуру інфекційних респіраторних захворювань свиней, встановлено домінуючі види патогенних бактерій і виявлено велику кількість умовно-патогенних видів бактерій, які раніше не виділялися з біологічних матеріалів свиней при РС.

У сучасному світовому й вітчизняному свинарстві одна з найбільш економічно важливих проблем – респіраторні інфекції свиней. Частота й тяжкість таких хвороб залежать від чисельності поголів'я, імунологічного статусу племінних тварин, санітарного благополуччя й технології їх утримання. Захворювання органів дихальної системи характеризуються одночасним проявом одного або декількох симптомів: лихоманка, витікання з носа, чхання, кашель, задишка, пригнічення, зниження рухливості, можлива втрата апетиту, загибель. Ці захворювання можуть мати безсимптомний

перебіг, а про наявність проблеми в стаді свідчать тільки економічні показники – такі як відставання у рості поросят із групи відлучення та дорощування, збільшення конверсії корму, зниження приростів, збільшення строків вирощування, а також раптова загибель поросят у групі дорощування і свиней на відгодівлі.

Респіраторні захворювання мають складний симптомокомплекс, тому визначаються як респіраторний синдром. Основна роль у виникненні РС належить передусім вірусам, які можуть безпосередньо викликати патологію респіраторного тракту й сприяють

розвитку ураження легеневої тканини (вірус репродуктивно-респіраторного синдрому свиней (РРСС), вірус грипу свиней, респіраторний коронавірус). Є й інша група вірусів, які знижують імунологічний захист тварин і сприяють розвитку секундарної патогенної та умовно-патогенної бактеріальної мікрофлори. До них належать: цирковірус другого типу (ЦВС-2), вірус хвороби Ауєскі (ХА), вірус класичної чуми свиней (КЧС), парвовірус свиней (ПВС), адено- та реовіруси, які знаходяться в організмі тварин частіше в латентній формі [2]. Серед мікроорганізмів, що можуть суттєво впливати на імунологічну систему тварин, є збудник еперитрозоозу, який уражує еритроцити й органи кровотворення.

У науковій літературі досить добре висвітлено етіологічні фактори РС, які викликаються такими бактеріальними збудниками, як *Mycoplasma hyorhineu-*

© О.В. Прохорятова, О.В. Кольчик, 2014



moniae, *Pasteurella multocida*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Haemophilus parasuis* [1, 2].

Проте досі бракує даних про роль різних асоціацій мікроорганізмів (консорціумів), сформованих вірусами, патогенними чи умовно-патогенними бактеріями й грибами, у розвитку інфекційних хвороб з РС свиней.

Мета роботи – вивчити сучасну етіологічну структуру інфекційних хвороб свиней з респіраторним синдромом.

МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ

Упродовж 2011–2013 рр. проводили лабораторні дослідження біологічних матеріалів від свиней з РС із господарств Харківської, Сумської, Донецької, Полтавської, Херсонської, Запорізької, Одеської, Вінницької, Житомирської та Волинської областей.

Клінічний і патолого-анатомічний матеріал досліджували вірусологічно загальноприйнятими методами з використанням перещеплюваних ліній культур клітин РК-15, Mark-145, ПТП з наступною ідентифікацією вірусів у реакції імунофлуоресценції (РІФ), імунопероксидазним методом на культуральному моношарі (ІПМ), РЗГА (ПВІС), РПГА (ХА, КЧС, ЦВС-2, РРСС) в умовах лабораторії вивчення хвороб свиней ННЦ «ІЕКВМ» (зав. лабораторії А.І. Бузун). Для виявлення генетичного матеріалу таких збудників, як вірус РРСС, ЦВС-2, ХА, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Mycoplasma haemosuis*, використовували молекулярно-генетичний метод в умовах лабораторії молекулярної епізootології та діагностики ННЦ «ІЕКВМ» (зав. лабораторії А.П. Герілович). Також для виявлення збудника еперитрозоозу *Mycoplasma haemosuis* у крові й органах (селезінка, печінка) тварин готували мазки-відбитки для подальшого фарбування за Романовським – Гімзою та/або за Грамом.

З метою більш повного виділення бактеріаль-

них патогенів в асоціації, що викликала РС, досліджували як клінічний (носоглоткові змиви, кров або сироватка крові), так і патологічний матеріал від загинув свиней. Для культивування патогенних і умовно-патогенних штамів бактерій, вивчення їх культуральних і морфологічних властивостей використовували живильні середовища: м'ясопептонний бульйон з додаванням 1% глюкози, 2,5% м'ясо-пептонний агар з 1% глюкози, агар Ендо, агар Олькеницького, цитратний агар Симонса, середовище Мюллера, середовище Плоскірева, вісмут-сульфіт агар, сироваткодріжджовий агар з додаванням 10% сироватки крові ВРХ, агар на основі м'ясного гідролізату за Хоттингером.

Для культивування, виділення й ідентифікації патогенних грибів застосовували агар Сабуро, анаеробів – модифіковане середовище Кітта – Тароцці. Гемолітичні властивості бактерій вивчали під час культивування на МПА з додаванням 0,5% дефібринованої крові барана за методикою Н.І. Розанова (1952).

Патогенність виявлених мікроорганізмів визначали за постановкою біопроби на білих нелінійних мишах масою 18–20 г або інших лабораторних тваринах відповідно до загальноприйнятих методів. Вибір виду тварин для біопроби базувався на їх сприйнятливості до досліджуваного збудника.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

За три роки (2011–2013 рр.) дослідженнями було охоплено частину поголів'я свиней 10 областей України. За результатами аналізу видового спектра інфекційних асоціацій, які викликали в поросят груп відлучення, дорощувannya та відгодівлі загибель з ураженням органів дихальної системи або клінічний прояв РС, було ізольовано низку збудників – як патогенних, так і умовно-патогенних. Узагальнені за три роки дані наведено в табл. 1.

Складення повного списку збудників РС свиней упродовж кожного року засвідчило, що за останні три роки кількість патогенів збільшилася за рахунок умовно-патогенної мікрофлори, тоді як класичної патогенної мікрофлори, як-от *E. coli*, *Salmonella spp.*, *Cl. perfringens*, не виявляли. Кількість вірусних збудників під час спалахів захворювань з респіраторним синдромом за 3 роки не змінилася.

У табл. 2 наведено склад деяких консорціумів, які були виявлені протягом строку спостереження з легень загинув свиней різного віку.

Аналіз видового спектра інфекційних збудників, які в асоціативній формі викликають захворювання респіраторного тракту, дозволило виявити особливості структури консорціумів. Було встановлено, що існують домінантні види бактерій, які частіше входять до складу асоціацій і здебільшого є найбільш патогенними за властивостями порівняно з умовно-патогенною мікрофлорою. Для визначення домінантних видів бактеріальних збудників в асоціаціях було встановлено відсоток кожного виду окремо відносно загальної кількості виявлених у консорціумах асоціантів за роками (табл. 3).





Таблиця 1 – Перелік мікроорганізмів, які були виділені з легень, крові хворих або загиблих поросят з респіраторним синдромом

Вид збудника		
2011	2012	2013
Вірус РРСС	Вірус РРСС	Вірус РРСС
Вірус ХА	Вірус КЧС (вакц. штам)	Вірус ПВІС
Вірус ПВІС	Вірус ПВІС	ЦВС-2
ЦВС-2	Вірус ХА	Вірус КЧС (вакц. штам)
<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	ЦВС-2	<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>
<i>Pasteurella multocida</i> A, D.	<i>Pasteurella multocida</i> A, D	<i>Mycoplasma haemosuis</i>
<i>Mycoplasma haemosuis</i>	<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	<i>Fusobacterium</i> spp.
<i>Staphylococcus</i> spp.	<i>Mycoplasma haemosuis</i>	<i>Pasteurella multocida</i> A, D
<i>Salmonella</i> spp.	<i>Cl. perfringens</i>	<i>Actinobacillus suis</i>
<i>Fusobacterium</i> spp.	<i>E. coli</i>	<i>Bordetella bronchiseptica</i>
<i>Cl. perfringens</i>	<i>Staphylococcus</i> spp.	<i>Mycoplasma micoides</i>
<i>E. coli</i>	<i>Sphaerotilus</i> spp.	<i>Streptococcus</i> spp.
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Fusobacterium</i> spp.	<i>Leptotrix</i> spp.
Дріжджі	<i>Leptotrichia</i> spp.	<i>Neisseria</i> spp.
<i>Candida</i> spp.	Дріжджі	<i>Thiocapsa</i> spp.
	<i>Candida</i> spp.	<i>Naumanniella</i> spp.
		<i>Sphaerotilus</i> spp.
		<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
		<i>Leptotrichia</i> spp.
		<i>Veillonella</i> spp.
		Дріжджі

За результатами аналізу структури асоціацій було встановлено, що домінантними бактеріальними видами збудників інфекційних захворювань з РС у свиней протягом останніх трьох років були *Mycoplasma haemosuis* (збудник еперитрозоозу), *Pasteurella multocida* серотипів A, D (від 21,4 до 70 % відпо-

відно). Серед них також домінантними були умовно-патогенні бактерії з роду *Fusobacterium*, від 14,3 до 35 %. Слід зазначити, що в 2011 р. до складу консорціумів входили такі високопатогенні види бактерій, як *Salmonella* spp., *Cl. perfringens*, *E. coli*. У 2013 р. цих видів не виділено, на зміну їм серед асоціантів

з'явилися умовно-патогенні мікроорганізми (і відсоток їх у консорціумах великий): *Naumanniella* spp. – до 60 %, *Sphaerotilus* spp. – 32,1 %, *Leptotrichia* spp. – 17,9 %, *Leptotrix* spp. – 21,4 %. Такий вид збудника, як *Pasteurella multocida* серотипів A і D у 2011–2012 рр. траплявся в асоціаціях у 62,5–70 % випадків, але в 2013 р. відсоток пастерел знизився утричі, до 21,4 %. *Mycoplasma hyopneumoniae* у 2011 р. при респіраторному синдромі свиней виявляли у 100 % випадків захворювання, у 2013 р. лише 7,1 %, що свідчить про широке застосування засобів специфічної профілактики у свиного господарств або зменшення концентрації збудника мікоплазмозної пневмонії в довкіллі.

Згідно з літературними даними умовно-патогенні бактерії частіше є представниками нормальної флори тварин, людини або навколишнього середовища (бактерії водойм, вологе повітря). Вони створюють біоценози (консорціуми) мікроорганізмів з біоплівкою, яка виконує захисну роль [3, 4]. В умовах зниження або руйнування імунної системи тварин умовно-патогенні бактерії з біоплівкою, які колонізують усі слизові поверхні організму або знаходяться в повітрі чи воді, починають накопичуватись у великій

Таблиця 2 – Складові консорціумів, які були виділені при РС від хворих або загиблих свиней

Роки	Складові консорціуми: віруси, бактерії, гриби
2011	РРСС, <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>E. coli</i>
2011	ПВІС, РРСС, <i>Pasteurella multocida</i> D, A, <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Salmonella</i> spp., <i>Cl. perfringens</i> , дріжджі
2011	РРСС, <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
2011	КЧС (вакц. штам), ХА, <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Pasteurella multocida</i> D, A, <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , дріжджі
2011	ЦВС-2, КЧС (вакц. штам), <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Salmonella</i> spp., <i>M. haemosuis</i> , <i>Candida</i> spp.
2012	КЧС (вакц. штам), ЦВС-2, <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>E. coli</i> , дріжджі
2012	РРСС, ЦВС-2, <i>Pasteurella multocida</i> A, <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Fusobacterium</i> spp., <i>M. haemosuis</i>
2012	ХА, КЧС (вакц. штам), <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>Cl. perfringens</i> , дріжджі
2012	ПВІС, РРСС, <i>Sphaerotilus</i> spp., <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>Leptotrichia</i> spp.
2012	РРСС, <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Pasteurella haemolytica</i> , <i>M. haemosuis</i> , <i>Candida</i> spp.
2013	РРСС, КЧС (вакц. штам), <i>Pasteurella multocida</i> D
2013	ПВІС, <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Veillonella</i> spp., дріжджі
2013	ЦВС-2, КЧС (вакц. штам), <i>Mycoplasma micoides</i>
2013	РРСС, ПВІС, <i>Sphaerotilus</i> spp., <i>Thiocapsa</i> spp., <i>Naumanniella</i> spp.
2013	РРСС, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Streptococcus</i> spp.
2013	КЧС (вакц. штам), ЦВС-2, <i>Leptotrichia</i> spp., дріжджі, <i>Leptotrix</i> spp.
2013	ЦВС-2, <i>Neisseria</i> spp., <i>Naumanniella</i> spp., <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> .
2013	ПВІС, <i>Bordetella bronchiseptica</i> , <i>Pasteurella multocida</i> , <i>Naumanniella</i> spp.
2013	ЦВС-2, <i>Actinobacillus suis</i> , <i>Past. multocida</i> , <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Leptotrix</i> spp.



Таблиця 3 – Частота участі патогенних і умовно-патогенних мікроорганізмів у консорціумах

Вид мікроорганізму	Роки, %		
	2011	2012	2013
<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	100,0	35,0	7,1
<i>Mycoplasma haemosuis</i>	37,0	30,0	28,6
<i>Fusobacterium spp.</i>	25,0	35,0	14,3
<i>Pasteurella multocida A, D</i>	62,5	70,0	21,4
<i>Actinobacillus suis</i>	0,5	0,3	0,5
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	Не виділено	0,5	2,0
<i>Mycoplasma micoides</i>	Не виділено	Не виділено	0,3
<i>Streptococcus spp.</i>	0,3	0,7	0,4
<i>Leptotrix spp.</i>	Не виділено	1,5	21,4
<i>Neisseria spp.</i>	0,8	1,2	1,5
<i>Thiocapsa spp.</i>	Не виділено	Не виділено	3,6
<i>Naumannella spp.</i>	Не виділено	7,1	60,0
<i>Sphaerotilus spp.</i>	Не виділено	0,5	32,1
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0,2	Не виділено	0,2
<i>Leptotrichia spp.</i>	Не виділено	Не виділено	17,9
<i>Veillonella spp.</i>	0,6	1,3	1,0
Дріжджі	34,0	27,0	16,0
<i>Staphylococcus spp.</i>	0,1	0,2	2,0
<i>Cl. perfringens</i>	37,5	0,5	0
<i>E. coli</i>	5,0	15,0	Не виділено
<i>Salmonella spp.</i>	25,0	Не виділено	Не виділено
<i>Candida spp.</i>	3,0	2,0	3,6

кількості, викликаючи інфекційне захворювання.

Наприклад, такі мікроорганізми, як *Leptotrix spp.*, *Naumannella spp.*, *Thiocapsa spp.*, мешкають у водних джерелах, забруднених водоймах, болотах. Їх виявляли під час лабораторних досліджень змивів зі стін тваринних приміщень за підвищеної вологості повітря, а також із легень загинувших тварин. На поверхні стін вони утворювали слизовий блискучий наліт – асоціацію бактерії з біоплівкою.

Упродовж трьох років дослідники звертали увагу на те, що в свиногоподарствах, розташованих поблизу відкритих водоймищ, перебіг захворювання з РС був більш тяжкий, загинувших поросят становила понад 20%. Із легень загинувших тварин виділяли консорціями мікроорганізмів з більшою кількістю асоціантів.

ВИСНОВОК

Збільшення в 2013 р. в етіологічній структурі інфекційних захворювань з респіраторним синдромом свиней відсотка умовно-патогенних бактерій пов'язане у першу чергу зі зниженням імунного статусу свиней за участі та-

ких вірусів, як КЧС (вакцинний штам), ЦВС-2, РРСС, які вражають імунні клітини макроорганізму, а також у зв'язку з підвищенням середньої температури у весняний та літній сезони в навколишньому середовищі. Це сприяло розвитку великої кількості бактерій, які беруть участь у природному біоценозі й наповнюють водоймища, внаслідок чого відбувається забруднення повітря.

СПИСОК

ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ

1. Гусев В.В. Мониторинг возбудителей бактериальных инфекций в промышленном свиноводстве [Текст] / В.В. Гусев, С.М. Приходько, С.И. Павлов // Вет. консультант. – 2003. – № 20. – С. 17–18.
2. Палунина В.В. Микрофлора легких поросят, больных бронхопневмонией

[Текст] / В.В. Палунина // Аграр. наука. – 2005. – № 1. – С. 25–26.

3. Хренов П.А. Обзор методов борьбы с микробными биопленками при воспалительных заболеваниях [Текст] / П.А. Хренов // Вестник медицинских технологий. – 2013. – № 1 [электронное издание]. – 4 с.
4. Честнова Т.В. Современные представления о физико-химических особенностях существования бактерий в составе биопленок [Текст] / Т.В. Честнова, Н.В. Серегина // Общественное здоровье и здравоохранение: профилактическая и клиническая медицина. – Тула: ТулГУ, 2009. – С. 138.

Одержано 12.05.2014

Современная этиологическая структура инфекционных болезней с респираторным синдромом у свиней. Е.В. Прохорятובה, Е.В. Кольчик

Представлены аналитические данные результатов лабораторных исследований биологических материалов от свиней с респираторным синдромом (РС), проведенные в 2011–2013 гг. в свиноводческих хозяйствах 10 областей Украины. Показана этиологическая структура инфекционных респираторных болезней свиней, определены доминантные виды патогенных бактерий и выделено большое количество условно-патогенных бактерий, которые раньше не выделялись из биологических материалов свиней при РС.

Contemporary etiological structure of infectious diseases with respiratory syndrome in pigs. E.V. Prohoryatova, E.V. Kolchik

The analytical data of laboratory results of biological materials from pigs with respiratory syndrome (RS), conducted in 2011–2013 in pig farms 10 regions of Ukraine. Shows the etiological structure of infectious respiratory disease of pigs, defined dominant species of pathogenic bacteria and allocated a large number of opportunistic bacteria, which previously were not distinguished from biological materials from pigs in RS. ☉

