

Список літератури

1. Апатенко, В.М. О диагностике паразитоценозов [Текст] / В.М. Апатенко // Вет. консультант. – 2005. – № 17. – С. 17. 2. Білоконь, В. Дослідження поствакцинального імунітету у свиней [Текст] / В. Білоконь, Б. Берус, В. Попов // Вет. медицина України. – 1999. – № 11. – С. 20–21. 3. 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. 4. Доценко, В.А. Асоціації умовно-патогенних мікроорганізмів у загинувших і мертворождалих поросят [Текст] / В.А. Доценко, В.М. Симонович, Н.А. Головачева // 36. наук. пр. Луган. НАУ. Ветеринарні науки. – Луганськ, 2006. – № 70/93. – С. 53–58. 5. Джупина, С.И. Факторные инфекционные болезни животных [Текст] / С.И. Джупина // Ветеринария. – 2001. – № 5. – С. 14–16. 6. Заволока, А. Желудочно-кишечные заболевания поросят [Текст] / А. Заволока, А. Руденко, В. Смолянинов // Свиноводство. – 1999. – № 3. – С. 19–22. 7. Калініна, О.С. Діагностика асоційованих респіраторних інфекцій свиней [Текст] / О.С. Калініна, І.К. Авдосьєва // Наук. вісн. Львів. нац. ун-ту вет. медицини та біотехнологій ім. С.З. Гжицького. – Львів, 2008. – № 10/2, ч.1. – С. 113–116. 8. Кліменко, С.С. Умовно-патогенні бактерії в етіології шлунково-кишкових захворювань поросят [Текст] / С.С. Кліменко // Наук. вісн. Львів. нац. ун-ту вет. медицини та біотехнологій ім. С.З. Гжицького. – Львів, 2008. – № 10/2, ч. 1. – С. 113–116. 9. Маркевич, А.П. Микропаразитоценоз как этиологический фактор [Текст] / А.П. Маркевич, В.М. Апатенко // Матеріали IV з'їзду паразитологів України. – Х., 1995. – С. 79–80. 10. Палунина, В.В. Микрофлора легких поросят, больных бронхопневмонией [Текст] / В.В. Палунина // Аграр. наука. – 2005. – № 1. – С. 25–26. 11. Прискока, В.А. Основы паразитологии вирусів та бактерій [Текст] / В.А. Прискока. – К. : Колос, 1999. – 84 с.

LOCALIZATION OF OPPORTUNISTIC BACTERIA IN PIGS AT THE GASTRO-INTESTINAL AND RESPIRATORY DISEASES, COMPLICATED BALANTIDIOSIS**Pelenio R.A.***National University of Veterinary Medicine and Biotechnology named after S.Z. Gzhitskyi, Lviv*

There were shown the results of studies on the localization of opportunistic bacteria in infected animals associated with bacterial balantidiosis parasitocenoses the gastrointestinal tract of pigs. Of the internal organs of infected animals conventionally isolated 13 species of pathogenic bacteria, of which 74.9 % were isolated as monocultures and association (25,1 %).

УДК 619:578.824.11:616-036.22 (477)

МОЛЕКУЛЯРНА ЕПІДЕМІОЛОГІЯ СКАЗУ НА ТЕРИТОРІЇ УКРАЇНИ**Пікар-Мейер Е., Робарде Е., Бьярне М., Кліке Ф.**

АНСЕС-Нансі Лабораторія зі сказу та диких тварин, Референс-Лабораторія Євросоюзу зі сказу – Референс-Інститут Євросоюзу з Серології Сказу – Референс-Лабораторія МЕБ зі сказу – Центр Співробітництва ВООЗ з Дослідження та Управління при Боротьбі із Зоонозами, Французьке Агентство з Продовольства, Екологічної Безпеки та Професійної зігнети праці, Сільськогосподарський та Ветеринарний Технополіс, Мальзевіль, Франція

Мороз Д., Солодчук В.*Ветеринарна та фітосанітарна служба України, м. Київ, Україна***Троценко З., Джоже Ж.***Державний науково-дослідний інститут з лабораторної діагностики та ветеринарно-санітарної експертизи, м. Київ, Україна***Смерчак М.***Національний ветеринарний дослідний інститут, відділ вірусології, Пулави, Польща*

Сказ – найбільш розповсюджений вірусний зооноз, спричиняється різними видами вірусу в межах роду Лісавірусів [8]. На сьогодні, рід Лісавірусів включає в себе одинадцять видів, визначених на основі генетичного аналізу вірусного геному: Вірус сказу (RV), Лагоський вірус летючої миші (LBV), Вірус Мокола (MOKV), Вірус Дювенаж (DUVV), Європейський Лісавірус летючої миші тип 1 (EBLV-1), Європейський Лісавірус летючої миші тип 2 (EBLV-2), Австралійський Лісавірус летючої миші (ABLV), Іркутський вірус (IRKV), Араванський вірус (ARAV), Хужандський вірус (KHUV) та Західно-Кавказький вірус летючої миші (WCBV). Летючі миші є головними резервуарами для 10 з 11 визнаних видів вірусів. На даний час, лише один вид – MOKV ніколи не був ізольований від летючих мишей.

Вірус сказу широко поширений у всьому світі. Трансмісія вірусу сказу переважно підтримується в більшій частині світу хижими ссавцями, а саме собаками, лисицями, єнотовидні собаки, шакалами, мангустами, скунсами, єнотами та летючими мишами. У Європі основним резервуаром і носієм вірусу сказу є червона лисиця.

В Україні червона лисиця також залишається найбільш інфікованою твариною (38,9 % випадків з 2002 по 2010 рр.; джерело: <http://www.who-rabies-bulletin.org>). Високий рівень зараження спостерігається також серед домашніх м'ясоїдних: коти на першому місці (23,7 %), потім собаки (18,8 %) та велика рогата худоба (11,8 %). Заражені єнотовидні собаки є резервуаром вірусу сказу в країнах Балтії, проте в Україні зареєстровано 0,7 %. Протягом дев'яти років з 2002 по 2010 рр., Україна повідомила про 16862 випадки сказу, відповідно 21 % всіх зареєстрованих випадків в Європі та Росії, і 30 % – Російська Федерація, підкресливши важливу роль двох країн у передачі сказу в межах Європи.

Сказ є ендемічним у Східній Європі протягом всієї історії. У давнину і в середні століття, хвороба була ймовірно поширеною по всій степовій і лісостеповій зонах, де збереглась циркуляція серед диких псових [5]. З 1930-х років, сказ серед собак знизився в Європі і вірус адаптувався до червоної лисиці [33]. Останнім часом віруси широко циркулюють у Європі і вони все ще зберігаються в деяких європейських країнах незважаючи на оральну вакцинацію [6]. Багато ізолятів виділено у географічно віддалених регіонах, тісно пов'язаних генетично [6, 7]. В Україні, перетворення епізоотичного сказу мало місце після Другої світової війни; вважається, що Європейський епізоотичний сказ у лисиці може розпочинатися у двох місцях Східної Пруссії та дельти Волги, а потім поширитися на захід від російсько-польського кордону країн Західної Європи в 1960-х роках [5].

З появою молекулярних методів (90 роки), метод зворотної транскрипції полімеразної ланцюгової реакції (RT-PCR) був застосований для епідеміологічних досліджень лісавірусів, що засновано на виявленні віруссPECIFIC генетичного матеріалу [28].

Було доведено, що цей метод молекулярних досліджень виявився чутливим і швидким [26, 28], може бути корисною альтернативною методикою для діагностики сказу порівняно з класичними методами діагностики сказу, а саме метод флуоресцентних антитіл (FAT) [10] та метод інфікування культури тканин вірусом сказу (RTCIT) [35]. Молекулярна епідеміологія, яка відокремлює різні популяції збудників, що викликають захворювання, стала центральним інструментом для вивчення інфекційних захворювань [23]. Молекулярно-епідеміологічні дослідження можуть таким чином запропонувати цікавий підхід для вивчення поширення вірусу сказу [4, 6], аспектів вірусної еволюції або молекулярних механізмів вірусної адаптації [15, 16, 24]. З 1999 р. в Європі було описано чотири філогенетичні групи [Центральна Європа (CE), Східна Європа (EE), Північно-Східна Європа (NEE) та Західна Європа (WE)] [6, 21]. У Росії було описано п'ять відмінних груп: зокрема, група С була ізольована на південному сході Росії, у Західному Сибіру, Казахстані та Туві [19], а група Е була в північно-західній частині Росії, яка є синонімічною групі NEE. Україна межує з Білорусією на півночі, Росією на північному сході, Молдовою, Румунією та Угорщиною на півдні, Словаччиною та Польщею на заході. Група NEE була виявлена на декількох спільних кордонах на заході та півдні України (Польща, Румунія, Західна Росія), тоді як група С була ізольована у південно-західній Росії, яка оточує північний схід України.

На сьогодні, жодних досліджень з питання молекулярної епідеміології сказу в Україні не проводили. Було проведено філогенетичний аналіз з часткового секвенування генів нуклеопротейіну та глікопротеїну із колекції 78 українських зразків вірусу сказу, ізольованих з 2002 р. з деякими референтними секвенуваннями вірусу сказу (база даних ГенБанку) з європейських країн. Метою було краще розуміння циркуляції вірусу сказу у Східній Європі.

Матеріали та методи. Зразки вірусу. Панель з 78 вірусів сказу (RVs), отриманих від домашніх і диких тварин, було зібрано в 2002 р. та з 2008 по 2010 рр. Державним науково-дослідним інститутом з лабораторної діагностики та ветеринарно-санітарної експертизи України. Зразки спочатку перевіряли за допомогою тесту прямої флуоресценції антитіл, а потім робили генетичну характеристику [9]. Зразки були ізольовані від восьми різних видів тварин: один ізолят від *Meles meles*, 17 від *Vulpes vulpes*, сім – від *Bos taurus*, 25 від *Felis catus*, 23 – від *Canis lupus familiaris*, три – від *Martes martes*, по одному – від *Mustela putorius* та *Canis lupus*.

Польові віруси сказу, зібрані в 2002 р., були в замороженому мозковому матеріалі (к=16). Шістьдесят два зразки, стабілізовані на картках FTA™ [28] (VWR International, Страсбург, Франція), були зібрані з 2008 по 2010 рр. (таблиця 1 і таблиця 2).

Таблиця 1 – Опис ізолятів, яких використовували в даному дослідженні, по видам тварин і по регіонам

Регіон	Кількість досліджених ізолятів							
	<i>Mustela putorius</i>	<i>Felis catus</i>	<i>Bos taurus</i>	<i>Canis lupus familiaris</i>	<i>Vulpes vulpes</i>	<i>Martes martes</i>	<i>Mustela putorius</i>	<i>Canis lupus</i>
Черкаси		1			1			
Чернігів		2	2	3	1			
Дніпропетровськ		4						
Донецьк		2		1				
Харків		3	1	1	1			
Херсон					1			
Хмельницький					1			
Кіровоград				1				
Луганськ		2		1	1			
Одеса	1	8	4	10	8	3	1	1
Полтава		2		1				
Суми				4	1			
Вінниця		1			1			
Волинь					1			
Всього	1	25	7	23	17	3	1	1

Таблиця 2 – Представники ідентичного нуклеопротейінового секвенування серед ізолятів вірусу сказу з України. Усі ідентичні секвенування мали 100 % нуклетидну ідентичність гену N (на основі 568 гена N нуклеотидів; позиції 71-637) порівняно з референтним ізолятом

Ізолят	Ідентичне секвенування (-568nt гена N)	Філогрупа
Rvu02-01	Rvu02-07	C
Rvu10-01	Rvu10-03; Rvu10-05; Rvu10-38; Rvu10-37; Rvu10-35; Rvu10-27; Rvu10-25; Rvu10-24; Rvu10-23; Rvu10-19; Rvu10-13; Rvu10-11; Rvu10-06	NEE
Rvu10-09	Rvu10-07; Rvu10-16; Rvu10-21; Rvu10-28; Rvu10-32; Rvu10-36; Rvu10-12; Rvu10-17	NEE
Rvu09-02	Rvu02-04; Rvu02-05; Rvu02-06; Rvu02-11; Rvu02-12; Rvu08-06; Rvu08-10; Rvu08-25; Rvu09-06; Rvu08-26 Rvu02-07	C
Rvu08-01	Rvu08-02	C
Rvu10-08	Rvu10-15	NEE
Rvu10-33	Rvu10-34	NEE
Rvu09-07	Rvu09-05	NEE
Rvu08-05	Rvu09-03	C

Три віруси з Польщі (одна лисиця і дві єнотоподібних собаки) і два віруси з Естонії були включені у філогенетичний аналіз (таблиця 2). Додаткова таблиця 1 показує рік ізоляції, види тварин-носіїв і географічні походження всіх зразків з України, Польщі та інших європейських країн, які використовувались для філогенетичного аналізу.

Екстрагування вірусної РНК. Вірусну РНК екстрагували з 10 % (v/w) мозкового гомогенату 16 зразків, зібраних у 2002 р. і з 62 зразків, стабілізованих на картках FTA.

Вірусна РНК була ізольована з 200 μл супернатанту оригінальної мозкової суспензії, з використанням набору Iprep™ PureLink™ (Інвітроген, Франція) згідно інструкцій виробника.

Вірусна РНК була очищена із зразків, зафіксованих на картках FTA, як було описано раніше [28]. Використовуючи мікро-перфоратор Харріса, один зразок діаметром 6 мм було видалено зі специфічної ділянки, на яку було нанесено вірус сказу, і поміщено в 1,5 мл пробірку. Об'єм PBS

у 300 μ л додали в пробірку, яка містила паперовий диск і інкубували всю ніч при 4 °С. Після інкубування диск вийняли, а вірусну РНК витягли з 200 μ л елюату, використовуючи набір Iqer™ PureLink™ (Інвітроген, Франція) згідно інструкцій виробника.

НпRT-PCR та секвенування. Послідовні методи – синтез копії ДНК і ампліфікація ПЛР гену нуклеопротеїну (N) – проводили, як було описано раніше [12]. Ген N ампліфікували на консервативну послідовність (позиції 55–660 порівнювали зі штамом PV) [33] з праймерами JW12 (направлений вперед: 5'-ATGTAACACCCTACAATG) та JW6 (зворотній: 5'-CARTTVGCRACACATYTTTGTG). Специфічна ампліфікація гена глікопротеїна (G) (фрагмент 740-bp) була проведена з декількох зразків вірусу сказу, отриманих у 2002 р. та в 2009–2010 рр. (таблиця 1 і 2) з праймерами GH3 (позиції 3891–3908) та GH4 (позиції 4621–4602), які були попередньо описані Bourhy та ін. [6].

Однокрокова ампліфікація РТ-ПЛР була виконана, як було описано раніше [27]. Циклічні умови були ідентичними для ампліфікацій генів N та G, за винятком температури відпалювання (55°C для гена N та 61°C для гена G).

Після ампліфікації, ПЛР продукти у об'ємі 5 μ л очистили від агарового гелю в обох напрямках за допомогою Beckman Coulter Genomics (Takeley, Essex, United Kingdom). Цілісність РНК перевіряли в кожній реакції РТ-ПЛР шляхом ампліфікації 18SrPНК, використовуючи комерційну систему Competimer system (Ambion, France), як було описано раніше [30].

Були дотримані всі необхідні заходи безпеки, щоб уникнути будь-якої перехресної контамінації та хибно-позитивних результатів при виконанні ПЛР [20].

Аналіз нуклетидного секвенування та філогенетика. Для кожного ізоляту направлено вперед і зворотне секвенування гену N та гену G, відповідно, було вирівняно, використовуючи версію Генедок/Genedoc 2.7.000 [25]. Для полегшення аналізу зайве секвенування видалили. Де-в'ять кластерів ідентичних секвенувань генів N із загальних 39 секвенувань було видалено із філогенії та виявлено лише одного представника (таблиця 2). Для наступного аналізу було доступно тридцять дев'ять часткових секвенувань генів N і 18 секвенувань часткових генів.

Було встановлено два різних набори даних для аналізу генів N та G. Набір генів N містив 100 секвенувань (359 нуклеотидів, позиції 112–470). Тридцять дев'ять представлених зразків з України, 52 ізолятів з сусідніх країн ($k=21$) і з Європи ($k=31$), три фіксованих штами (EF206709, EF206719, D42112) і шість референтних ізоляти (U03769, U22654, U22487, U22653, AF374721, EU159392) також було включено в дослідження набору даних гену N (таблиця 1). Набір даних для аналізу гену G включав 18 секвенувань вірусу сказу з України (344 нуклеотидів, позиції 3915–4258) і 27 референтних секвенувань (таблиця 1).

Філогенетичні дерева були побудовані, використовуючи метод сусіднього зв'язування та метод максимальної вірогідності (обидва з параметром Кімура-2) [32] з комп'ютерною програмою MEGA, версія 5 [32]. Ймовірність кожного вузла вираховували, використовуючи 100 реплікатів для оцінки стійкості методу максимальної вірогідності (ML) і 10 000 реплікатів для методу сусіднього зв'язування (NJ). Значення ймовірності більше 70 % зазначено показовим для деревовидної топології [3]. Деревовидна графіка була побудована за допомогою програми MEGA.

Щоб порівняти варіацію в амінокислотних послідовностях серед послідовностей з України, були використані логічно виведені амінокислотні секвенування.

Результати досліджень. Щорічно кількість зразків, які досліджують від диких тварин, більша ніж від домашніх тварин, тоді як вірус-позитивних випадків більше у домашніх тварин ніж у диких тварин (рис. 1). З 2000 по 2010 рр. домашні тварини представляли 56 % заражених тварин, тоді як дикі тварини відповідно 44 %. У той самий період ця тенденція відбувалась лише в декількох інших європейських країнах, включаючи Молдову (63,9 % у домашніх тварин і 36,1 % у диких тварин), Російську Федерацію (53,9 % у домашніх тварин і 45,8 % у диких тварин) і Туреччину (90,3 % у домашніх тварин і 9,6 % у диких тварин) (Джерело: <http://www.who-rabies-bulletin.org>).

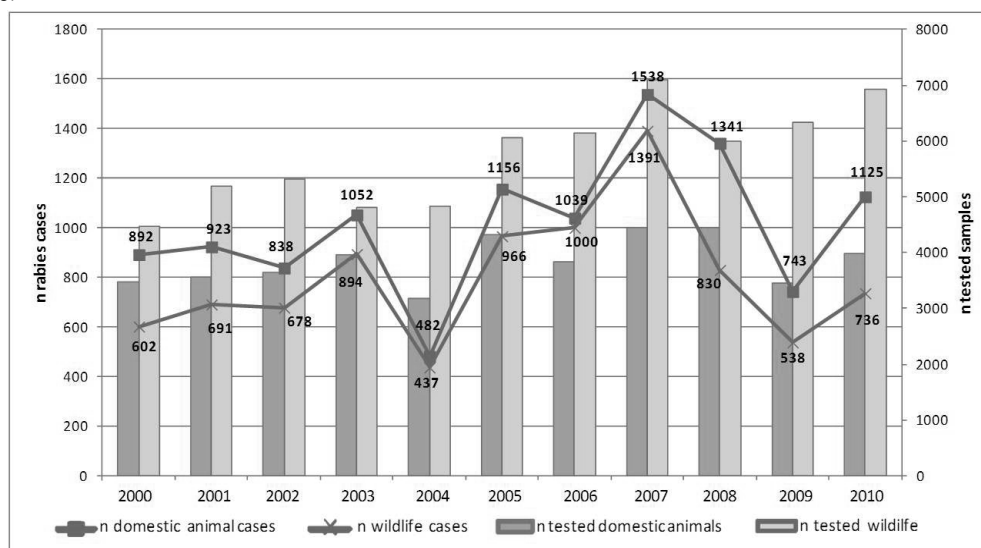


Рис. 1. Часова динаміка українських випадків сказу у диких і домашніх тварин з 2000 по 2010 рр.

Доки пропорція заражених тварин залишається більшою серед домашніх тварин ніж серед диких тварин, напрямок еволюції кількості випадків сказу з 2000 по 2010 рр. виявляється в основному однаковим в обох групах (рис. 1). Кількість заражених тварин (домашні та дикі) у 2004 р. знизилась до 919 випадків, але досягла піку в 2007 р. із загальною кількістю 2 929 випадків. Значне зменшення кількості випадків було зареєстровано з 2007 по 2009 рр., з 1 281 випадками в 2009 р. Схоже, тенденція була зворотною в 2010 р. із 1 861 зареєстрованих випадків. Така ж сама особливість спостерігалась, коли розглядали щорічний рівень зараження (кількість інфікованих тварин розподіляється за допомогою зібраних зразків на рік) з 2000 по 2010 рр. серед диких і домашніх тварин. Рівень зараження сказом значно збільшився з 11 % в 2004 р. до 25 % в 2007 р. ($pX^{2}_{2004/2007} < 0,01$), а зареєстровані випадки сказу досягли 13 % в 2009 р. ($pX^{2}_{2007/2009} < 0,01$). У 2010 р. ця тенденція стала зворотною, і рівень сказу збільшився, досягнувши 17 % від загальної кількості досліджуваних зразків ($pX^{2}_{2009/2010} < 0,01$). 78 зразків, зібраних у 2002 р. та 2008–2010 рр., були піддані філогенетичному дослідженню. Пропорція відбору проб була – 70 % і 30 % домашніх і диких тварин відповідно.

Філогенетичний аналіз даних генів N і G проти відповідних секвенувань з сусідніх країн, виявив що секвенування українських вірусів сказу підпадають під космополітичний родовід (рис. 2 та 2а).

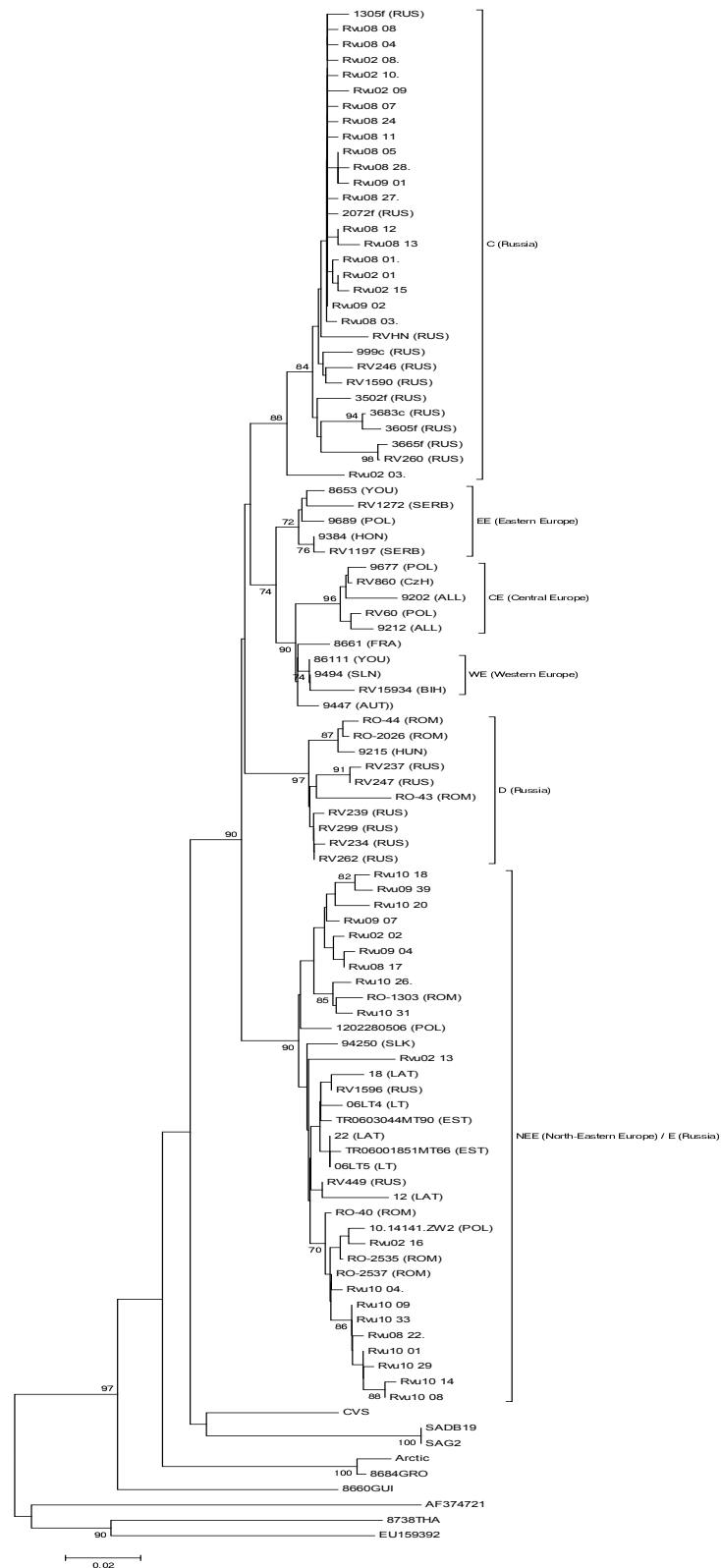


Рис. 2. Філогенетичне древо, яке порівнює 39 унікальних зразків вірусу сказу з України з представленими секвенуваннями з Росії та Європи. Філогенетичний аналіз базувався на дослідженні 358-nt гена N, використовуючи метод NJ (10 000 реплікатів). Горизонтальні гілки намальовані сходинками, а древо має корені з трьома ізолятами як кореневими видами: AF374721 (Індія), EU159392 (Китай) і 8738THA (U22653, Таїланд). Значення ймовірності більше 70 % показані поряд з гілками. Попередньо встановлені родоводи [Східноєвропейський (EE), Північно-східно Європейський (NEE), Центральноевропейський (CE), Західноєвропейський (WE), згідно Бурхі та ін. (1999) [7], і групи C (Європейська частина Росії), D (центр Європейської частини Росії) і E (Північно-Західна частина Росії), раніше описані Кузьмінім та ін. (2004) [20], зазначені на дереві.

Скорочення: ALL: Німеччина, AUT: Австрія, BIH: Боснія і Герцеговина, CZH: Чеська Республіка, EST: Естонія, FRA: Франція, HON: Угорщина, LAT: Латвія, LT: Литва, POL: Польща, ROM: Румунія, RUS: Росія, SERB: Сербія, SLN: Словенія, SLK: Словачка Республіка, YOU: Боснія і Герцеговина.

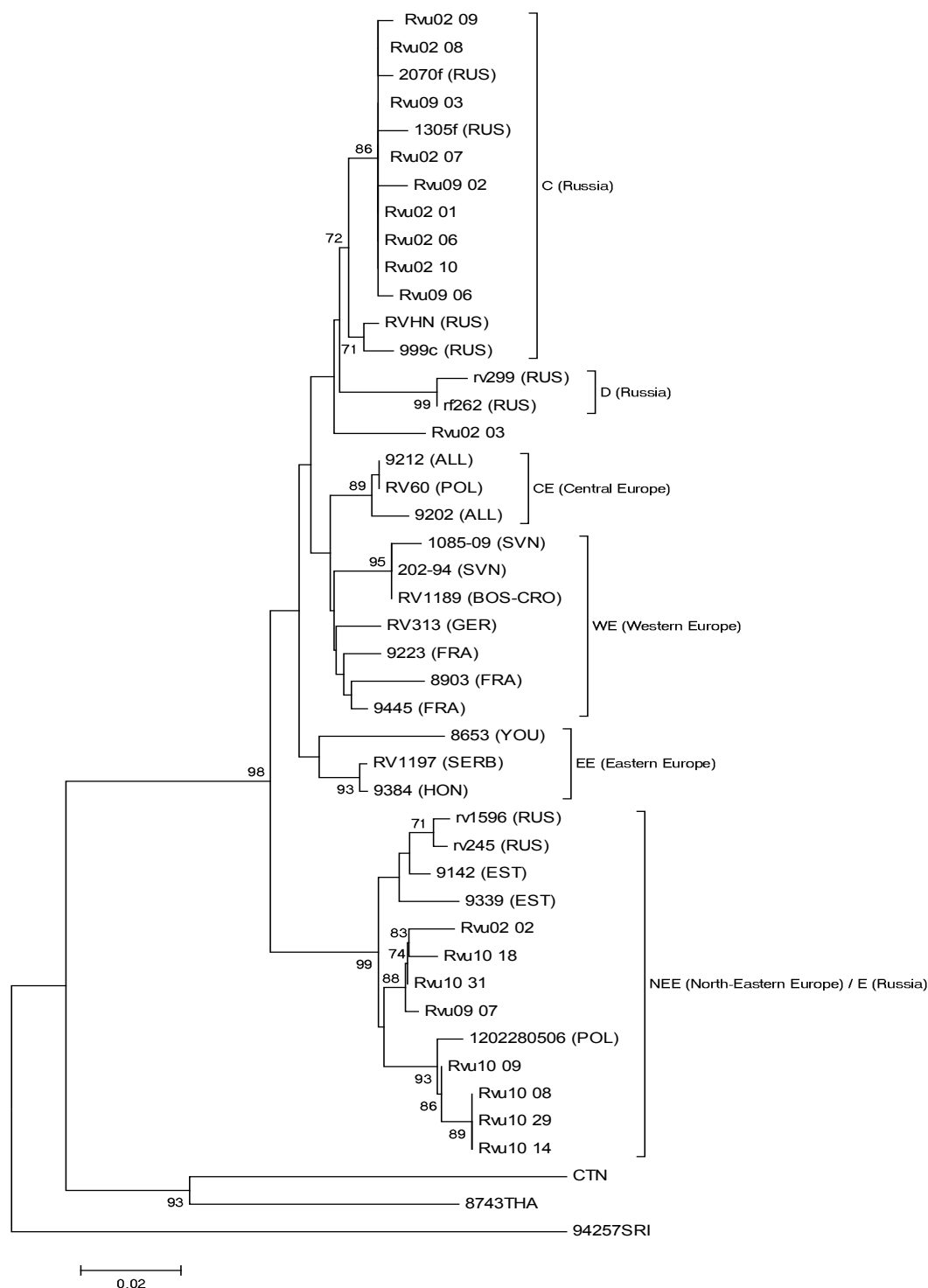


Рис. 2а. Філогенетичне дерево сусіднього зв'язування з 18 ізолятами вірусу сказу з України на основі аналізу першого 690-го гену G, використовуючи метод NJ. Горизонтальні гілки намальовані сходинками, а дерево має коріння з ізолятів 94257SRI (EU086156, Шрі-Ланка), CTN (AY009100, Китай) і 8743THA (AF401285, Таїланд) як кореневий вид. Значення ймовірності більше 70 % показані поблизу гілок.

Скорочення: ALL: Німеччина, BOS-CRO: Боснія-Хорватія, EST: Естонія, FRA: Франція, HON: Угорщина, POL: Польща, RUS: Росія, SERB: Сербія, SVN: Словенія, YOU: Боснія і Герцеговина.

Незалежно від дослідженого гена (N або G), два філогенетичних аналізи, які проводили за допомогою або методу максимальної вірогідності, або методу сусіднього зв'язування, мали дерева з ідентичною топологією, а секвенування з України були поділені на дві основні групи (з підтримкою ймовірності 90 для методу сусіднього зв'язування і 86 для методу максимальної вірогідності).

Філогенетичний аналіз набору даних (n=100) секвенувань гену N, з використанням методу сусіднього зв'язування, представлений на рисунку 2. Двадцять секвенувань з України в нашому дослідженні підпали під групу C [18] з 11 опублікованих секвенувань з Росії, і всі вони були представлені з Європейської частини Росії (підтримка ймовірності 88 %, з використанням методу сусіднього

зв'язування) (рис. 2). Було включено чотирьох носіїв: лисиця ($\kappa=5$), кіт ($\kappa=7$), собака ($\kappa=7$) і ВРХ ($\kappa=1$). У межах групи С, є менш ніж 2 % розбіжності між усіма секвенуваннями ізолятів. Обидва філогенетичні аналізи – сусіднього зв'язування та максимальної вірогідності – виявили, що ізолят Rvu02-03 (лисиця з Херсону на Україні) приєднався до групи С.

Інші 19 секвенувань N-гену з України були віднесені до Північно-Східного Європейського родоходу (NEE), формуючи одну дуже сильну групу (значення ймовірності 90). Група NEE складається з 19 українських зразків з шести різних регіонів України, а також опубліковані вірусні секвенування з Естонії, Латвії, Литви, Польщі, Румунії, Росії та Словацької Республіки. Видами тварин-носіями групи NEE були коти ($\kappa=7$), собаки ($\kappa=5$), лисиці ($\kappa=5$), куниці ($\kappa=1$) і тхури ($\kappa=1$).

Група NEE також мала менш ніж 3 % нуклеотидної розбіжності та 1 % амінокислотної розбіжності в гені N. Нуклеотидне секвенування виявило більш ніж 99,1 % нуклеотидної ідентичності серед зразків 10.14141.ZW2 з Польщі, ізолюваних у 2010 р., RO-2535 з Румунії та RVu02-16 з України.

Незалежно від методів, які використовувались у філогенетичному аналізі, опубліковані секвенування європейського вірусу сказу, що підпадали під Центральну Європу (CE), Західну Європу (WE) та Східну Європу (EE) [6]. Центральноевропейський субродовід, представлений на дереві сусіднього зв'язування (рис. 2), включає в себе секвенування з Німеччини, Польщі та Чеської Республіки. Західноевропейський містив ізоляти з Франції, Австрії, Словенії, Сербії та Югославії. Східноевропейська група була з Польщі, Сербії, Югославії та Угорщини. Група D містила секвенування з центру європейської частини Росії [18] і дерево ізолятів з Румунії (зразок з румунських груп 1 і 2). Група D була пов'язана з групами європейських вірусів (CE, WE та EE) та російською групою С (обмежена ймовірність 27 %).

Порівняння набору даних (45 секвенувань), які містили часткові секвенування гену G, використовуючи або ML- або NJ- генеровані дерева, виявили подібну топологію (рис. 2а) до даних з геном N. Як показано в аналізі гену N, 18 зразків вірусу сказу з України були розподілені в групи NEE та С із суттєвим значенням ймовірності (98 % для NJ-методу).

Частковий ген G показав ідеальну амінокислотну відповідність серед усіх членів групи С з України та Росії. Подібним чином 100 % амінокислотна ідентичність була також встановлена між двома референтними ізолятами з Польщі 1202280506 та російським rv245 і трьома українськими зразками з даного дослідження (Rvu02-02; Rvu09-07; Rvu10-31).

Рисунок 3 показує карту місця розташування українських зразків, яких визначили у двох групах – С та NEE. Підрозділ українських секвенувань у ці дві основні групи можна угрупувати географічно (рис. 3). Віруси групи С, які складаються з 20 українських секвенувань, розташовані з обох сторін річки з більшістю досліджуваних ізолятів на сході річки ($\kappa=18$), тоді як інші два зразки були виявлені на заході (1 ізолюваний з лисиці в Хмельницькому і 1 – з собаки в Кіровограді). Група NEE з 19 зразків, розташовувалась на західній Україні. Рисунок 3 показує, що два варіанти вірусу сказу походять з обох сторін річки Дніпро та формують гібридну зону в наступних регіонах: Чернівці (7 домашніх тварин – група NEE і одна лисиця – група С), Черкаси (1 лисиця – група С і 1 кіт – група NEE) і Дніпропетровськ (1 кіт – група С і 3 коти – група NEE).

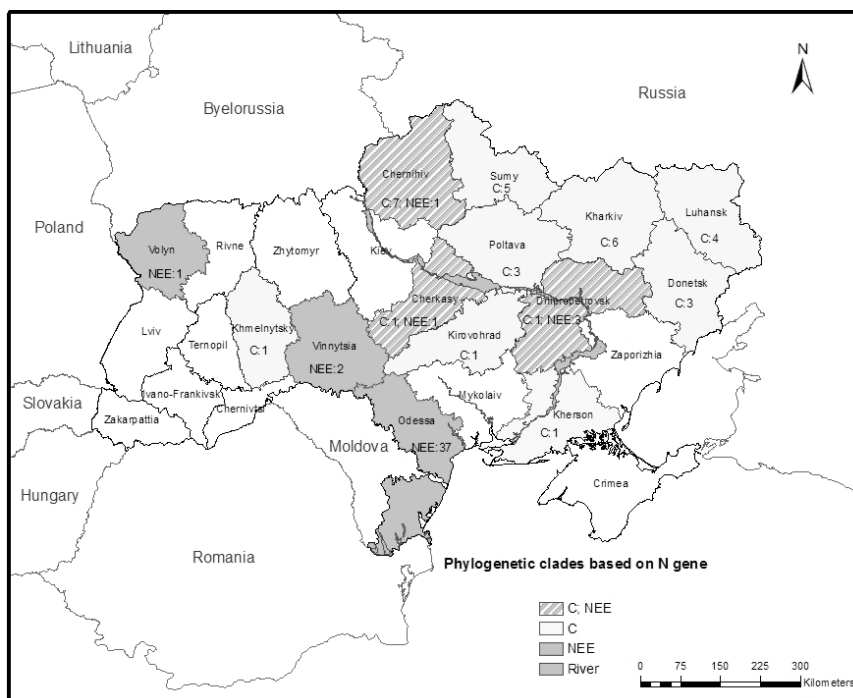


Рис. 3: А. Карта України, яка показує розташування 78 зразків вірусу сказу з України відповідно до результатів філогенетичного аналізу гену N. Зразки були географічно розташовані згідно визначеного родоходу: [NEE (Північно-Східна Європа)/ Е (Північно-Західна частина Росії) та С (Європейська частина Росії)].

Скорочення: родоходи С:NEE відповідає «гібридній зоні», сформованій двома групами С та NEE. Номери в дужках відповідають кількості секвенувань ізолятів.

Обговорення. Головною метою даного дослідження було провести філогенетичний аналіз ізолятів з України та прикордонних країн, щоб краще зрозуміти циркулювання штамів вірусу сказу у Східній Європі.

В Європі найбільша кількість заражених тварин зареєстрована в Російській Федерації (30 % випадків), далі слідує Україна з 21 % випадків, зареєстрованих з 2002 по 2010 рр. (Джерело: <http://www.who-rabies-bulletin.org>). Україна залишається цінним джерелом інформації для кращого розуміння передачі сказу у Східній Європі. Основними тваринами, зараженими сказом, яких виявили в Україні, є домашні тварини, за якими йдуть дикі м'ясоїдні: 7 376 випадків скажених диких тварин було діагностовано за останні

вісім років з 16 862 позитивних зразків. Як і в Молдові, Російській Федерації і Туреччині, Україна має вищий рівень зареєстрованих випадків серед домашніх тварин, ніж серед диких тварин (56,2 % серед домашніх тварин та 43,7 % серед диких тварин). Дійсно, кількість зареєстрованих випадків сказу очевидно пов'язана із надзором і нагальністю відбору проб. Ці дані можуть означати, що особлива увага приділяється моніторингу за домашніми тваринами та менше за дикими тваринами, або що можлива горизонтальна передача між домашніми тваринами [1]. У той час, як загальна кількість зареєстрованих випадків сказу в Україні з 2007 року впала, у 2010 році з'явилась зворотна тенденція. Дані, отримані в 2010 р., виявили незначне збільшення кількості зареєстрованих випадків і значне збільшення рівня зараження сказом серед диких тварин. Очевидно, що дослідження з циркулювання вірусів в країні могли виявити заціпку, яка могла надати реальну підтримку в боротьбі зі сказом в Україні.

Уперше повідомлено про циркулювання штамів вірусу сказу в Україні в поєднанні з генетичним аналізом ізолятів з України та європейських країн, що межують. Генетичним аналізом зразків вірусу сказу, ізольованих в Україні з 2002 р., встановлено, що всі секвенування вірусу сказу в дослідженні належали до космополітичного родовиду. Філогенетичний аналіз обох генів N та G чітко показує присутність двох типів варіантів вірусу сказу в Україні. У межах цих двох визначених груп – С та NEE – віруси уgrupовувались переважно відносно географічного положення, ніж відносно видів тварин-носіїв. Аналіз нуклеотидної та амінокислотної ідентичності показав, що 20 українських зразків (група С) були дуже схожі з вірусами з європейської частини Росії [18]. Ці російські зразки були ізольовані на великих територіях степу та лісостепу південно-східної Європи, Західного Сибіру, Казахстану і Тули в Росії. Усі вони були переважно ізольовані від лисиць (червона лисиця та степова лисиця). На території циркулювання групи С перший спалах сказу диких тварин було зареєстровано в 1945 р. у регіоні річки Волги серед єнотоподібних собак, лисиць та вовків [18]. Територія формування групи С розташована близько 740 км від міст Чернівців в Україні та Тула в Росії. Не було зареєстровано жодної генетичної відмінності між секвенуваннями диких ізолятів і домашніх ізолятів.

Перший варіант – група С – був переважно ізольований у Східній Україні в 6 регіонах з 6 досліджуваних на сході річки Дніпро, 3 регіонах з 3 вздовж річки і 2 регіонах з 5 на заході. Наше дослідження виявило декілька зразків, які належать до російської групи С вірусів з обох сторін річки Дніпро, а також два зразки, ізольовані на заході (Хмельницький та Кіровоград), що означало присутність групи С по всій країні, але в меншому масштабі на Західній Україні.

Другий варіант – група NEE – був ізольований у шести регіонах з 2002 р. з півночі до півдня України (Чернівці, Черкаси, Вінниця, Дніпропетровськ, Одеса, Волинь) на західному березі річки Дніпро. Нашими дослідженнями виявлено присутність групи NEE у прикордонних регіонах на сході річки (Чернівці – 1 лисиця і в Дніпропетровську – 3 коти), що означало: варіант NEE перемішаний з групою С вздовж річки Дніпро, формуючи гібридну зону. Ці результати можна пояснити або фактом, що район, де було ізольовано багато зразків, був недоступним (нестача географічної акуратності), або фактом, що річка – натуральний бар'єр для вірусного розсіювання, не є абсолютним бар'єром. Як радять декілька авторів [6, 22, 34], річки можуть обмежувати циркулювання тварин, заражених сказом, обмежуючи рух диких м'ясоїдних, і таким чином дозволяють незалежний розвиток вірусів в окремих регіонах, пояснюючи відсутність ізоляції групи NEE у Східній Україні. Однак річки обмежують, але не зупиняють повністю поширення інфекційних захворювань зараженими тваринами. Не лише мости, але взимку багато замерзаючих річок у цій частині Європи дозволяють тваринам переносити та поширювати вірус, хоча й дещо повільніше. Як відображено в нашому дослідженні, річка Вістула в Польщі [6] також є лімітом просування епізоотії зі східної до західної та південної Європи. Подібним чином річки Ока та Волга розглядались як фактори, що обмежують циркулювання вірусу.

Можна висувати різні гіпотези щодо походження групи NEE, які були першочергово описані у північно-західній частині Росії та північно-східній частині Європи (з Естонії до Польщі) [6, 18]. Як передбачав Bourhy та ін., через те, що іммігруючі віруси мають низьку вірогідність встановлення у зонах, де інші віруси сказу вже циркулюють, є невелике вірусне поширення до сусідніх регіонів, а присутність річки Дніпро грає переважну роль бар'єру циркуляції генів, пояснюючи відсутність варіанту NEE у Східній Україні, за виключенням гібридної зони вздовж річки Дніпро.

Восени 2010 р. на південному сході країни було діагностовано зразки з Польщі. На цій території останній випадок було зареєстровано у 2003 р., а програми пероральної вакцинації все ще проводяться двічі на рік [31]. Цей спалах залучив 13 районів і загально 118 випадків з 12-го серпня до кінця 2010 р. Польські ізоляти були подібні до варіантів вірусу сказу в Україні. Аналіз обох генів N і G означає очевидність руху заражених сказом носіїв через польський та румунський кордони з Україною. Як говорить Brookes та ін., захворювання поширюється від ареалу до ареалу, а іноді й на довші відстані [6, 7]. Передачі від тварини тварині та/або через людину можуть пояснити рух носіїв, заражених сказом, крізь бар'єри з Польщею. Є багато прикладів, які ілюструють передачу вірусу сказу тварин через людей [11, 13, 23], транслокацію заражених єнотів або домашніх м'ясоїдних [1, 2].

Червоні лисиці виявляються основним резервуаром сказу в Україні із загальною кількістю 6 559 випадків з 2002 по 2010 рр. Єнотоподібний собака, азіатський вид, представлений у Західній Росії в 1920 р., відомий як важливий резервуар в Європі і особливо в Балтійських країнах [26]. З 2002 по 2010 рр. в Україні було зареєстровано декілька випадків сказу (182 випадків, 0,7 %), включаючи єнотоподібних собак, що було несхожим на епідеміологічну ситуацію зі сказом в Естонії, де єнотоподібні собаки були чітко ідентифіковані як основні види тварин, заражені сказом. Однак єнотоподібний собака добре представлений по всій Україні [14, 17]. Зважаючи на доступні дані, не можна визначити, чи можна пояснити надзвичайно низьку кількість випадків сказу у єнотоподібних собак низьким відбором проб серед цих видів тварин чи низькою сприйнятливістю тварин до українських штамів сказу. Потенційне існування в Україні проміжних ізолятів сказу «собака-лисиця» або «лисиця-єнотоподібний собака» можна буде дослідити в майбутньому. З 2002 р. в Україні зареєстровано 3 172 випадків серед домашніх тварин (Джерело: <http://www.who-rabies-bulletin.org>) із загальною кількістю випадків (16 845).

Нагляд є важливим для виявлення резервуарів сказу, таких як червона лисиця. Додатковий нагляд разом з великою кількістю зразків, обширний еволюційний аналіз необхідні для розуміння циркулювання двох типів штамів вірусу в Україні, їх рух у напрямку Західної Європи.

Висновок. Два варіанти вірусу сказу, які на даний час циркулюють в Україні, а також генетичний зв'язок між українськими ізолятами та вірусами, ізольованими в сусідніх країнах, таких як Польща та Росія, означають кризь-кордонний рух сказу.

Подяка. Ми вдячні фахівцям Державного науково-дослідного інституту лабораторної діагностики і ветеринарно-санітарної експертизи України за надання зразків сказу для даного дослідження. Ми також вдячні співробітникам Лабораторії з ветеринарії та продовольства (VFL) Польщі за надання польських зразків вірусу сказу, які були використані в даному дослідженні. Ми б хотіли подякувати команді з діагностики і Марі-Жозе Дюшен за відмінну технічну підтримку.

Скорочення:

Bt: статистичне опорне значення ймовірності;
 G: глікопротеїн (ген);
 ML: Максимальна вірогідність (філогенетичний метод);
 N: нуклеопротеїн (ген);
 NJ: Сусіднє зв'язування (філогенетичний метод);
 PCR: полімеразна ланцюгова реакція;
 RT-PCR: реверсивна транскрипція полімеразної ланцюгової реакції;
 RV: вірус сказу.
 EE: Східна Європа,
 NEE: Північно-Східна Європа,
 CE: Центральна Європа,
 WE: Західна Європа,
 C: Європейська частина Росії,
 D: центр Європейської частини Росії,
 E: Північно-Західна частина Росії.

Список літератури

1. Assessment of the risk of rabies introduction into the UK, Ireland, Sweden, Malta, as a consequence of abandoning the serological test measuring protective antibodies to rabies [Text] // EFSA J. – 2006. – Vol. 436. – P. 1–54. 2. Astoul, J. A case of rabies in a dog imported to Gironde from Morocco [Text] // J. Astoul, F. Cliquet, N. Melik // Rabies Bull. Eur. – 2004. – Vol. 28, № 4. – P. 5–7. 3. Baldauf, S.L. Phylogeny for the faint of heart: a tutorial [Text] // S.L. Baldauf // Trends Genet. – 2003. – Vol. 19, № 6. – P. 345–351. 4. A high-resolution genetic signature of demographic and spatial expansion in epizootic rabies virus [Text] // R. Biek [at al.] // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 2007. – Vol. 104, № 19. – P. 7993–7998. 5. Botvinkin, A. Rabies in the European parts of Russia, Belarus and Ukraine [Text] // A. Botvinkin, M. Kosenko // Historical perspective of rabies in Europe and the Mediterranean Basin / A.A. King [at al.]; OIE. – Paris, 2004. – P. 47–63. 6. Ecology and evolution of rabies virus in Europe [Text] // H. Bourhy [at al.] // J. Gen. Virol. – 1999. – Vol. 80, pt 10. – P. 2545–2557. 7. Rabies virus variants and molecular epidemiology in Europe [Text] // S.M. Brookes [at al.] // Historical perspective of rabies in Europe and the Mediterranean Basin / A.A. King [at al.]; OIE. – Paris, 2004. – P. 243–258. 8. Carstens, E.B. Ratification vote on taxonomic proposals to the International Committee on Taxonomy of Viruses (2009) [Text] // E.B. Carstens // Arch. Virol. – 2010. – Vol. 155, № 1. – P. 133–146. 9. Dean, D. The fluorescent antibody test [Text] // D. Dean, M. Abelseh, P. Atanasiu // Laboratory techniques in rabies / F. Meslin, M. Kaplan, H. Koprowski. – Switzerland, Geneva, 1996. – P. 88–95. 10. Dean, D. The fluorescent antibody test [Text] // D. Dean, M. Abelseh, P. Atanasiu // Laboratory techniques in rabies / F. Meslin, M. Kaplan, H. Koprowski; World Health Organization. – Geneva, 1996. – P. 88–95. 11. Animal movements and the spread of infectious diseases [Text] // E.M. Fevre [at al.] // Trends Microbiol. – 2006. – Vol. 14, № 3. – P. 125–131. 12. Heminested PCR assay for detection of six genotypes of rabies and rabies-related viruses [Text] // P.R. Heaton [at al.] // J. Clin. Microbiol. – 1997. – Vol. 35, № 11. – P. 2762–2766. 13. Jenkins, S.R. Descriptive epidemiology from an epizootic of raccoon rabies in the Middle Atlantic States, 1982–1983 [Text] // S.R. Jenkins, W.G. Winkler // Am. J. Epidemiol. – 1987. – Vol. 126, № 3. – P. 429–437. 14. Kauhala, K. Invasion of the raccoon dog *Nyctereutes procyonoides* in Europe: History of colonization, features behind its success, and threats to native fauna [Text] // K. Kauhala, R. Kowalczyk // Curr. Zool. – 2011. – Vol. 57. – P. 584–598. 15. Kissi, B. Genetic polymorphism in the rabies virus nucleoprotein gene [Text] // B. Kissi, N. Tordo, H. Bourhy // Virology. – 1995. – Vol. 209, № 2. – P. 526–537. 16. Dynamics of rabies virus quasispecies during serial passages in heterologous hosts [Text] // B. Kissi [at al.] // J. Gen. Virol. – 1999. – Vol. 80, pt 8. – P. 2041–2050. 17. Korneev, A.I. The raccoon dog *Nyctereutes procyonoides* Gray in Ukraine (results of acclimation) [Text] // A.I. Korneev // Tr. Zool. muzeja Kiev. un-ta im. T.G. Sevcenko. – 1954. – № 4. – P. 13–72. 18. Molecular epidemiology of terrestrial rabies in the former soviet union [Text] // I.V. Kuzmin [at al.] // J. Wildl Dis. – 2004. – Vol. 40. – P. 617–631. 19. Molecular epidemiology of terrestrial rabies in the former soviet union [Text] // I.V. Kuzmin [at al.] // J. Wildl Dis. – 2004. – Vol. 40. – P. 617–631. 20. Kwok, S. Avoiding false positives with PCR [Text] // S. Kwok, R. Higuchi // Nature. – 1989. – Vol. 339. – P. 237–238. 21. Molecular epidemiology of rabies viruses in Europe [Text] // L.M. McElhinney // Dev. Biol. (Basel). – 2006. – Vol. 125. – P. 17–28. 22. Genetic heterogeneity of Russian, Estonian and Finnish field rabies viruses [Text] // A.E. Metlin [at al.] // Arch. Virol. – 2007. – Vol. 152. – P. 1645–1654. 23. Metlin, A.E. Genetic characteristics of field and attenuated rabies viruses and molecular epidemiology of rabies in Finland and Russia [Text] // acad. dis. / A.E. Metlin. – Helsinki, 2008. – 100 p. 24. Nadin-Davis, S.A. Molecular epidemiology [Text] // S.A. Nadin-Davis // Rabies / A.C. Jackson, W.H. Wunner eds. – 2nd ed. – Amsterdam : Elsevier Academic Press, 2007. – P. 69–122. 25. Nicholas, K.B. GeneDoc : analysis and visualization of genetic variation [Text] // K.B. Nicholas, H.B. Nicholas, D.W. Deerfield // Embnew News. – 1997. – Vol. 4. – P. 14. 26. Rabies in Estonia: situation before and after the first campaigns of oral vaccination of wildlife with SAG2 vaccine bait [Text] // E. Niin [at al.] // Vaccine. – 2008. – Vol. 26. – P. 3556–3565. 27. Development of a hemi-nested RT-PCR method for the specific determination of European Bat Lyssavirus 1. Comparison with other rabies diagnostic methods [Text] // E. Picard-Meyer [at al.] // Vaccine. – 2004. – Vol. 22. – P. 1921–1929. 28. Picard-Meyer, E. Use of filter paper (FTA) technology for sampling, recovery and molecular characterization of rabies viruses [Text] // E. Picard-Meyer, J. Barrat, F. Cliquet // J. Virol. Methods. – Vol. 140. – P. 174–182. 29. Sacramento, D. PCR technique as an alternative method for diagnosis and molecular epidemiology of rabies virus [Text] // D. Sacramento, H. Bourhy, N. Tordo // Mol. Cell. Probes. – 1991. – Vol. 5. – P. 229–240. 30. Assessment of template quality by the incorporation of an internal control into a RT-PCR for the detection of rabies and rabies-related viruses [Text] // J. Smith [at al.] // J. Virol. Methods. – 2000. – Vol. 84. – P. 107–115. 31. Rabies outbreak in Malopolskie voivodship in Poland [Text] // M. Smreczak [at al.] // Rabies Bull. Eur. – 2010. – Vol. 34. – P. 5–7. 32. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [Text] // K. Tamura [at al.] // Mol. Biol. Evol. – 2011. – Vol. 28. – P. 2731–2739. 33. Walking along the rabies genome: is the large G-L intergenic region a remnant gene? [Text] // N. Tordo [at al.] // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1986. – Vol. 83. – P. 3914–3918. 34. Wandeler, A. Epidemiology and ecology of fox rabies in Europe [Text] // A. Wandeler // Historical perspective of rabies in Europe and the Mediterranean Basin / A.A. King [at al.]; OIE. – Paris, 2004. – P. 201–214. 35. Webster, W.A. Virus isolation in neuroblastoma cell culture [Text] // W.A. Webster, G.A. Casey // Laboratory techniques in rabies / F.X. Meslin, M.M. Kaplan, H. Koprowski. – 4th ed. – World Health Organization, Geneva, 1996. – P. 96–104.

MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF RABIES IN UKRAINE

Picard-Meyer E., Robarde E., Bjarne M., Clique F.

AHCEC-Nansy laboratory for rabies and wild animal, the European Union Reference Laboratory for rabies – EU Reference Institute for Rabies serology – OIE Reference Laboratory for rabies – WHO Collaborating Centre for Research and the Office for zoonoses, the French Agency for Food, Environmental Safety Professional Hygiene Health, Agricultural and Veterinary Technopolis, Malzevil, France

Moroz D., Solodchuk B.

Veterinary and Phytosanitary Service of Ukraine, Kyiv, Ukraine

Trotchenko Z., Dzhozhe J.

National Research Institute for Laboratory Diagnostics and Veterinary-Sanitary Expertise, Kyiv

Smerchak M.

The National Veterinary Research Institute, Department of Virology, Pulawy, Poland

In order to investigate the circulation of the rabies virus in the Ukraine in 2002 and 2008–2010 78 isolates were obtained from 14 regions of rabies for the characterization. Partial sequencing of genes nucleoproteins (359-nt) and glycoprotein (344-nt) compared with the sequencing of the neighboring countries. The analysis identified 39 one-of-a-kind nucleoprotein gene and two geographically distinct variants of rabies virus, which belong to the cosmopolitan pedigree. Ukrainian samples were similar to the North-East of European ancestry (NEE) (K=19) and the Russian group C (k=20). Group C was largely isolated in Eastern Europe in 9 regions and 2 other regions of Western Ukraine, which meant that the presence of the group in the country. These viruses with mixed groups in the border regions along the Dnieper River with viruses of NEE, mostly isolated in six different regions in Western Ukraine, and the study gene nucleoproteins and glycoprotein gene research suggest moving across borders.

УДК 619:616.98:579.843.95:619.5

ЕПІЗООТОЛОГІЧНИЙ МОНІТОРИНГ ПАСТЕРЕЛЬОЗУ (ХОЛЕРИ) ПТИЦІ В ПТАХОГОСПОДАРСТВАХ, ПРИВАТНОМУ СЕКТОРІ СЕРЕД ДИКИХ ПЕРЕЛІТНИХ І СІНАНТРОПНИХ ПТАХІВ

Плис В.М.

Державна установа «Інститут сільського господарства степової зони Національної академії аграрних наук України, м. Дніпропетровськ

Пастерельоз (холера) птиці – інфекційна хвороба, що уражує птицю всіх видів, частіше перебігає гостро та хронічно, характеризується септицемією, геморагічним діатезом і високою смертністю.

Мета роботи — з'ясувати епізоотичну ситуацію щодо пастерельозу (холери) птиці в агроформуваннях різних форм власності.

Матеріали та методи. Робота виконана на базі Дніпропетровської дослідної станції Національного наукового центру «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини» в лабораторіях епізоотології бактеріальних і вірусних хвороб птиці протягом 2006–2010 рр.

Епізоотичну ситуацію щодо пастерельозу (холери) птиці вивчали в 23 птахівничих господарствах і приватному секторі 22 адміністративних районів Дніпропетровської області та 10 птахогосподарствах Черкаської, Полтавської, Вінницької, Запорізької, Харківської, Миколаївської, Херсонської, Кіровоградської областей. Проводили епізоотологічний моніторинг, який включав аналіз епізоотичної ситуації за даними ветеринарної звітності, клінічний огляд птиці, результати бактеріологічних і серологічних досліджень. Наявність титрів антитіл у сироватці крові птиці до *Pasteurella multocida* визначали за допомогою набору для діагностики пастерельозу (холери) птиці в реакції непрямой гемаглютинації. При цьому визначали рівень специфічних антитіл, для чого у приватному секторі та птахогосподарствах відбирали проби крові (не менше 25) від птиці 90–120-добового віку та старше.

Патологоанатомічному розтину піддано 3820 трупів птиці, проведено 30240 бактеріологічних досліджень проб патологічного матеріалу.

Результати досліджень. На території України у приватному секторі з 2006 до 2010 рр. було зареєстровано спорадичні випадки захворювання сільськогосподарської птиці на пастерельоз.

Одержані результати свідчать про те, що захворювання на пастерельоз птиці в більшості випадків зустрічається в приватному секторі серед водоплавної птиці, при цьому має місце пастерелоносійство та латентний перебіг хвороби. Позитивно реагуючого птахопоголів'я було виявлено у тих господарствах, де утримували птицю різних видів, віку та порід.

Застосування діагностичного у виробничих умовах дозволило виявити хвору птицю на ранніх стадіях розвитку інфекційного процесу та розробити ефективну схему профілактики спалахів хвороби з метою забезпечення стабільного благополуччя щодо пастерельозу.

Захворювання у гострій формі реєстрували навесні та восени, виникнення спалахів інфекції було пов'язано зі зниженням загальної резистентності організму птиці на фоні незбалансованої годівлі, порушенням санітарних умов утримання та циркуляцією збудників інфекційних і паразитарних захворювань у птиці.

Під час дослідження молодняку, отриманого від імунізованого батьківського птахопоголів'я, було встановлено, що батьківські антитіла забезпечують високий рівень захисту від польових культур пастерел (таблиця 1).

Таблиця 1 – Імунологічний моніторинг щодо пастерельозу (холери) птиці в реакції непрямой гемаглютинації

Назва птахогосподарства	Вид птиці	Кількість проб	Коливання титрів антитіл в РНГА	Захист, %
ТОВ «ДВК»	гуси	25	1:8 – 1:256	100
ТОВ «Марганецька птахофабрика»	гуси	25	1:8 – 1:1024	100
ТОВ «Агрополімердеталь»	гуси	25	1:16 – 1:256	100
ТОВ «Сонячне»	гуси	25	1:4 – 1:256	87,9
ТОВ «Агроцентр К»	качки	25	1:8 – 1:1024	100
СТОВ ППЗ «Коробівський»	качки	25	1:8 – 1:128	100
ТОВ «Вишнева долина»	качки	25	1:4 – 1:512	90
ПП «Дамія»	гуси	25	1:8 – 1:1024	100