

ХАРАКТЕР ПЕРЕБІГУ РЕСПІРАТОРНОГО МІКОПЛАЗМОЗУ У КУРЕЙ

Обуховська О.В., Глєбова К.В., Петренчук Е.П., Майборода О.В., Бобровицька І.А.
Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини»,
м. Харків, Україна, e-mail: olgaobukhovska@gmail.com

Респіраторний мікоплазмоз (РМ) на сьогоднішній день зареєстрований в багатьох країнах світу та спричиняє значні збитки власникам птахоферм. Питома вага асоційованих форм перебігу захворювання, кількість та видова належність бактеріальних патогенів, що ускладнюють перебіг РМ вивчені недостатньо.

Метою нашої роботи було вивчення характеру перебігу РМ у курей у птахогосподарствах різних форм власності та визначення видового складу бактеріальних асоціантів *Mycoplasma gallisepticum*.

Матеріал для досліджень відбирали від загиблих і примусово забитих курей на 38 птахофабриках та 25 приватних птахофермах на території 14 областей України впродовж 2006–2012 рр. Після проведення клінічних і патологоанатомічних досліджень відбирали проби біологічного матеріалу для бактеріологічного аналізу на РМ та бактеріальні інфекції.

Встановлено, що РМ у вигляді моноінфекції перебігав у 23,45 % випадків, кількість стад із асоційованим перебігом захворювання перевищувала цей показник втричі і становила 76,55 %.

За умов реєстрації змішаної інфекції один бактеріальний асоціант виявляли в більш ніж половині випадків (58,46 %), два асоціанти – у чверті випадків (25,57 %) і найменшу кількість становили випадки із наявністю 3–4 асоціантів.

Ентеробактерії ускладнювали перебіг РМ в 76,53 %, грампозитивні коки – в 15,52 %, інша мікрофлора (корінеобактерії, кампілобактерії, псевдомонаси та мікроскопічні грибки) складала незначну частку від загальної кількості (7,95 %).

Найбільшу питому вагу серед ентеробактерій займали представники роду *Salmonella* (28,66 %), у меншій кількості виявляли *Citrobacter* (21,66 %) та *E. coli* (21,02 %). Переважну кількість грампозитивних коків складала представники роду *Staphylococcus* (83,71 %), в однаковій кількості виявляли роди *Enterococcus* та *Micrococcus* (6,98 %).

Ключові слова: респіраторний мікоплазмоз птиці, асоційований перебіг, бактеріальні асоціанти

Респіраторний мікоплазмоз (РМ) на сьогоднішній день зареєстрований в багатьох країнах світу. Захворювання в більшості випадків виявляють у птахогосподарствах промислового напрямку в умовах утримання великої кількості птиці на обмеженій території [4, 8].

Збитки від спалаху можуть бути значними і обумовлені високим рівнем смертності курчат та ембріонів; зниженням несучості, а також показників заплідненості та виводимості яєць; затримкою курчат у рості та розвитку; зниженням конверсії кормів; витратами на проведення діагностичних і лікувальних заходів. [2].

Окремі автори розглядають РМ виключно, як моноінфекцію [11, 13], але все більше дослідників схиляються до висновку, що в більшості випадків РМ перебігає в асоційованій формі [5, 9]. Питома вага асоційованих форм перебігу захворювання, кількість та видова належність бактеріальних патогенів, що ускладнюють перебіг РМ вивчені недостатньо.

Метою нашої роботи було вивчення характеру перебігу РМ у курей у птахогосподарствах різних форм власності та визначення видового складу бактеріальних асоціантів *Mycoplasma gallisepticum*.

Матеріали та методи. Матеріал для досліджень відбирали від загиблих і примусово забитих курей різних вікових груп на 38 птахофабриках та 25 приватних господарствах на території 14 областей України впродовж 2006–2012 рр. Після проведення клінічних та патологоанатомічних досліджень відбирали проби біологічного матеріалу для проведення бактеріологічного аналізу на респіраторний мікоплазмоз та бактеріальні інфекції (кров із серця, легені, змиви зі слизової трахеї, жовч та шматочки печінки, селезінку, зіскрібки з кишечника, проби головного та кісткового мозку).

Для культивування мікоплазм застосовували Середовище рідке поживне для ізоляції та культивування мікоплазм від птиці (ТУ У 24.4-00497087-091:2009), а також середовище Едварда, виготовлене за стандартною методикою. Режим інкубування посівів становив 5 діб за температури (37±0,5) °С, усього здійснювали 3–5 пасажів. Типування польових ізолятів *Mycoplasma gallisepticum* проводили згідно із стандартними методиками [10].

Бактеріальну мікрофлору культивували на відповідних поживних середовищах (МПА, МПБ, ЖСА, ВСА, середовищі Ендо, кров'яному агарі). Вивчення культурально-біохімічних властивостей ізольованих культур здійснювали за стандартними методиками на диференційно-діагностичних поживних середовищах та за стандартними тестами. Типування до виду проводили за вимогами визначника бактерій Берджі [6].

Результати досліджень. С.Б. Лыско с соавт. [5] у процесі проведення моніторингу розповсюдження РМ серед курей яєчного та м'ясного напрямків встановили, що в 72 % випадків захворювання перебігає в асоціації із колибактеріозом; Ch. Dhruva et al. в аналогічних дослідженнях виявили 75 % асоційованого перебігу мікоплазмозу в стадах курей-несучок [12].

Аналіз результатів наших бактеріологічних досліджень проб біоматеріалу від курей також показав, що в усіх досліджених стадах птиці реєстрували переважно асоційований перебіг РМ (рис. 1).

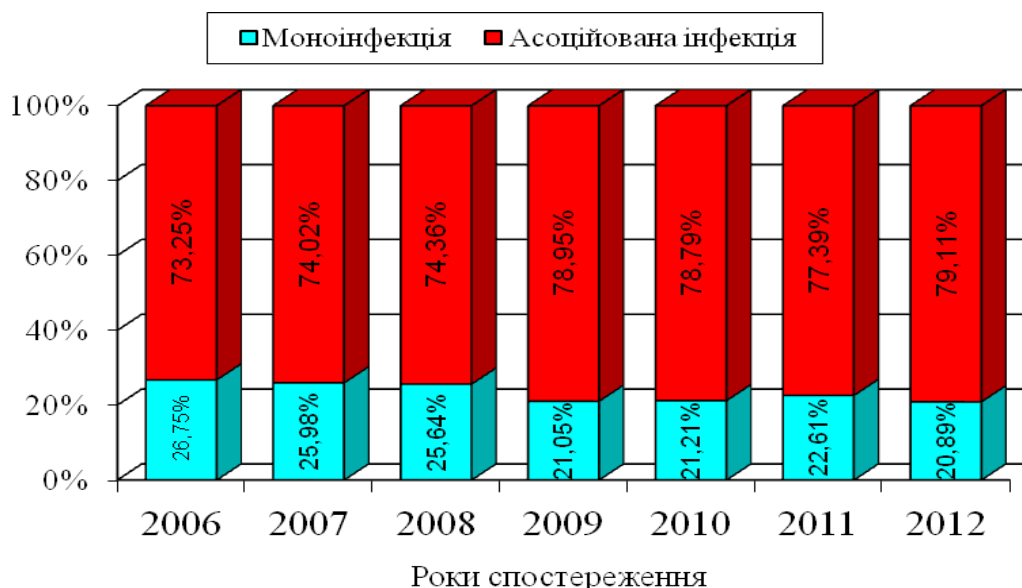


Рис. 1. Характер перебігу респіраторного мікоплазмозу птиці впродовж 2006–2012 рр.

Так, у 2006 р. асоційований перебіг виявляли у 73,25 % випадків, упродовж двох наступних років цей показник збільшився на 1 %, у подальшому продовжував зростати – і вже у 2010 р. становив 78,79 %, а до 2012 р. сягав значення 79,11 %. Отже було зареєстровано збільшення цього показника на 5,86 % упродовж 6 років спостереження.

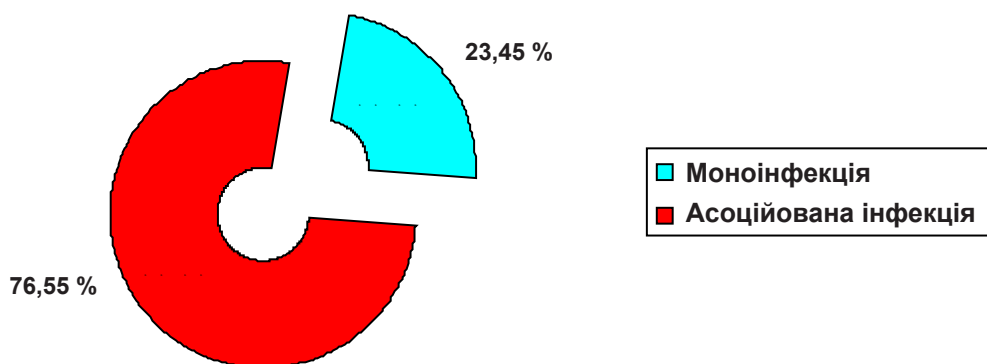


Рис. 2. Характер перебігу респіраторного мікоплазмозу птиці в середньому за 6 років

На рисунку 2 відображено середні відсоткові значення різних типів перебігу РМ впродовж 6 років спостереження. Нами встановлено, що захворювання у вигляді моноінфекції реєстрували в 23,45 % випадків, кількість стад із асоційованим перебігом РМ перевищувала цей показник втричі і становила 76,55 %.

Дані щодо кількості бактеріальних асоціантів дещо різняться у різних авторів – від одного [3, 7] до п'яти А.Н. Борисенкова та Т.Н. Рождественская [1]. Результати наших досліджень наведено на рис. 3.

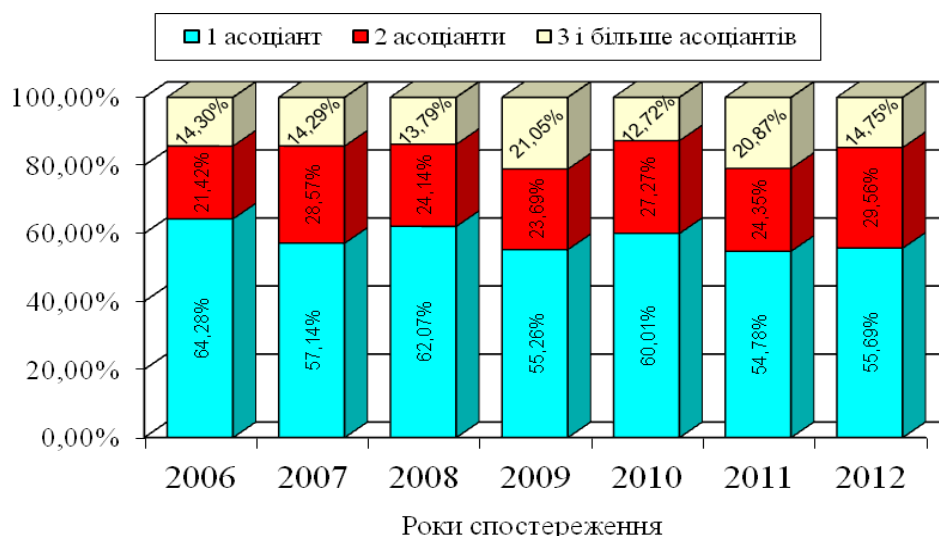


Рис. 3. Питома вага асоційованих форм РМ із різною кількістю бактеріальних асоціантів

У разі виявлення змішаної форми РМ кількість членів бактеріальної асоціації, враховуючи *M. gallisepticum*, становила 2–5 патогенів. Найчастіше виявляли один бактеріальний асоціант. Кількість таких випадків коливалась в межах (55–65) %; нами не було встановлено вираженої тенденції щодо збільшення або зменшення цього показника. Найменше його значення було зафіксовано у 2011 р. (54,78 %), найбільше – в 2006 р. (64,28 %). Два бактеріальних асоціанти реєстрували вдвічі рідше, значення цього показника змінилось від 21,42 % у 2006 р. до 29,56 % у 2012 р. Однак, упродовж цього періоду він щорічно зростав або знижувався в середньому на 5,3 % без чіткої тенденції. Стада птиці, де виявляли 3–4 асоціанти у 2006–2008 рр. становили в середньому 14 % від загальної кількості. У подальші роки цей показник коливався від 21,05 % (2009 р.) до 12,72 % (2010 р.).

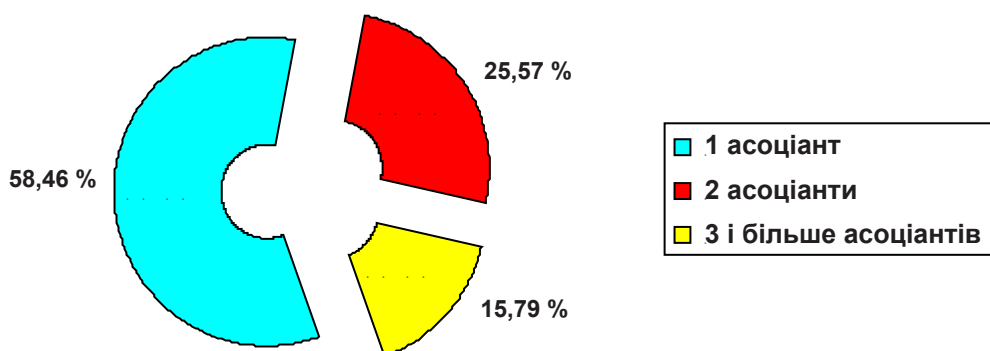


Рис. 4. Питома вага змішаних форм РМ із різною кількістю бактеріальних асоціантів (у середньому за 6 років)

Якщо розглядати середні значення змішаних форм РМ (рис. 4), можна зазначити, що один бактеріальний асоціант виявляли в більш ніж половині випадків (58,46 %), два асоціанти – у чверті випадків (25,57 %) і найменшу кількість становили випадки із наявністю 3–4 асоціантів. За 6 років досліджень нами було виявлено лише одне стадо птиці із наявністю 5 бактеріальних асоціантів *M. gallisepticum*.

Окремі автори найбільш розповсюдженим асоціантом *M. gallisepticum* називають *E. coli* [5, 12], інші віддають перевагу сальмонелам [14] або пастерелам, стафілококам і гемофілусам [1]

Нами було встановлено, що найчастіше перебіг РМ ускладнюють ентеробактерії та грампозитивні коки (рис. 5).

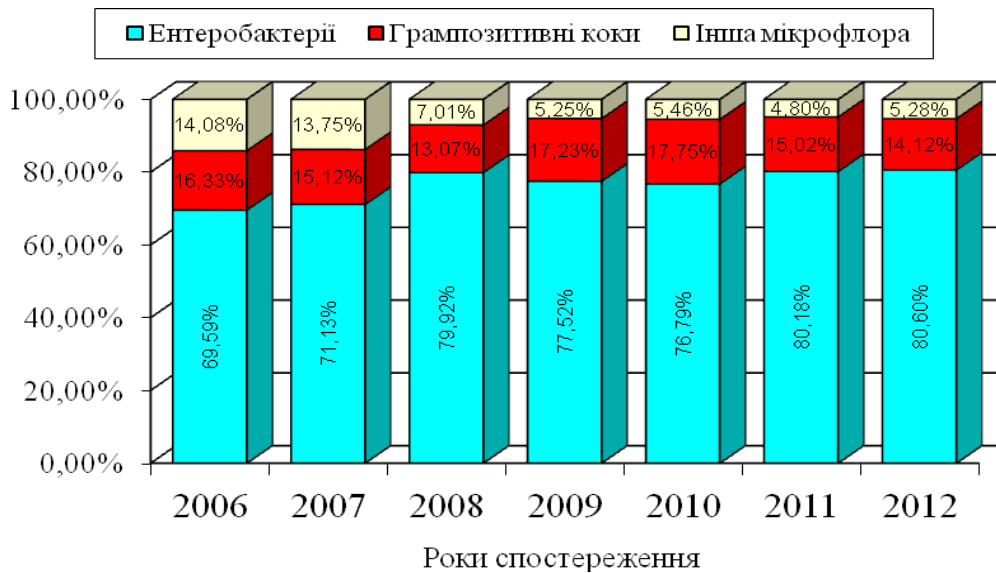


Рис. 5. Питома вага бактеріальної мікрофлори, що ускладнює перебіг РМ

Найчастіше ми виявляли представників родини *Enterobacteriaceae*, при цьому впродовж 2006–2008 рр. кількість таких випадків поступово зростала від 69,59 % до 79,92 %. У 2009–2010 рр. зазначали щорічне зниження показника на 1–2 %, але з 2011 р. знов спостерігали зростання його до 80,60 %.

Кількість грамположитивних коків у перші три роки спостережень поступово зменшувалась від 16,33 % у 2006 р. до 13,07 % у 2009 р. У 2010–2011 рр. залишалась практично на одному рівні – близько 17,5 % і починала знову знижуватись до значення 14,12 % у 2012 р. Інша бактеріальна мікрофлора у 2006–2007 рр. дорівнювала в середньому 13,9 %, але в наступні роки була виявлена стабільна тенденція до зниження її кількості практично у два з половиною рази до 5,28 % у 2012 р.

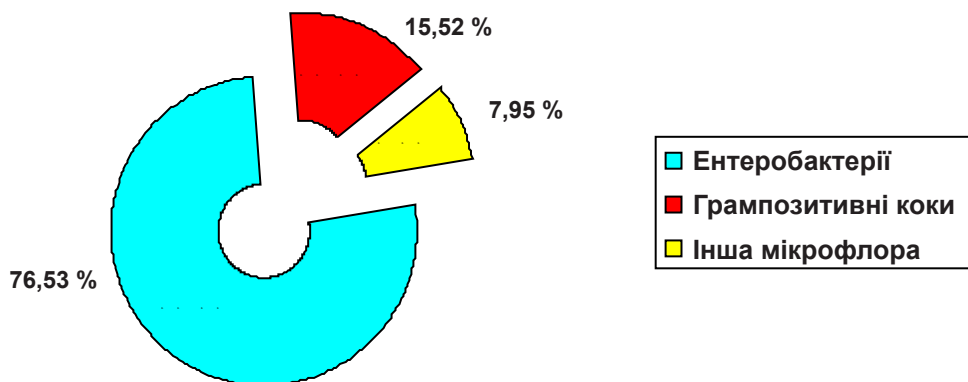


Рис. 6. Питома вага бактеріальної мікрофлори, що ускладнює перебіг РМ (у середньому за 6 років)

Рисунок 6 наглядно демонструє, що в середньому за 6 років ентеробактерії ускладнювали перебіг РМ практично у трьох чвертях випадків (76,53 %), грамположитивні коки виявляли в значно меншій кількості – 15,52 %, інша мікрофлора, що була представлена корінеобактеріями, кампілобактеріями, псевдомонасами та мікроскопічними грибами, складала незначну кількість від загального числа (7,95 %).

Видовий склад ентеробактерій, виявлених за асоційованого перебігу РМ, представлений на рис. 7.

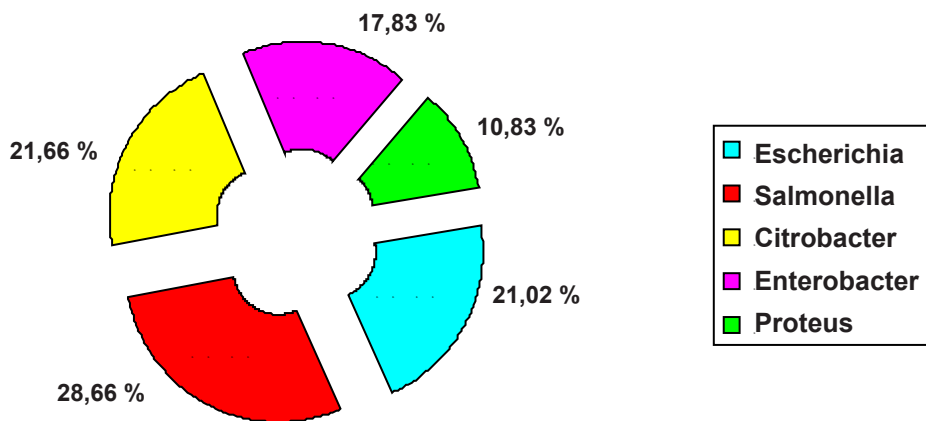


Рис. 7. Видовий склад ентеробактерій, які ускладнюють перебіг РМ

За результатами наших досліджень найбільшу питому вагу впродовж 6 років спостережень серед асоціантів МГ займали представники роду *Salmonella* (28,66 %). Найчастіше ізолювали представників виду *Salmonella enterica* сероварів *Enteritidis*, *Typhimurium*, *Heidelberg*. На другому місці за чисельністю знаходились представники близького за біохімічними та антигенними характеристиками до сальмонел виду *Citrobacter*, а саме представники видів *C. diversus*, *C. freundii*, *C. amalonaticus*. Вони склали 21,66 %. Хоча *E. coli* вважають найбільш розповсюдженим асоціантом *M. gallisepticum*, за кількістю ізольованих культур цей патоген знаходився на третьому місці (21,02 %). Досить широко були представлені члени роду *Enterobacter* (17,83 %), а саме види *E. agglomerans*, *E. aerogenes*, *E. cloacae* та *E. inermidius*. На п'ятому місці за чисельністю знаходились такі небезпечні ентеробактерії, як протеї (*Proteus vulgaris* та *Proteus mirabilis*).

Відсоткові значення представників родини *Micrococceae* наведені на рис. 8.

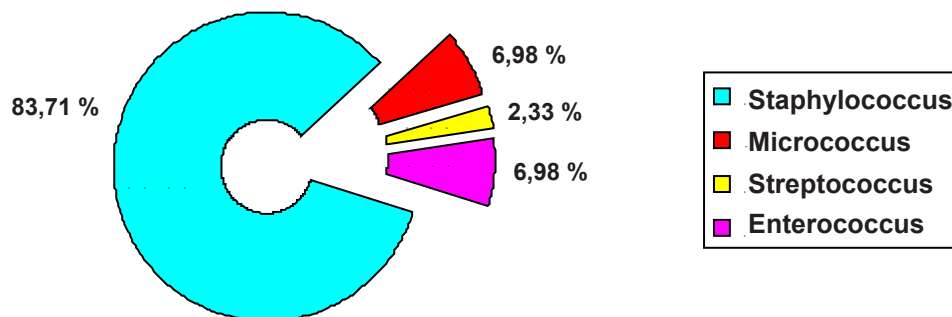


Рис. 8. Видовий склад грам-позитивних коків, що ускладнюють перебіг РМ

Переважаючу кількість ізольованих у процесі досліджень грам-позитивних коків склали представники виду *Staphylococcus* (83,71 %), серед них, як високовірулентні види (*S. aureus*, *S. intermedius*, *S. gallinarum*), так і види із низькою вірулентністю (*S. lentus*, *S. hyicus*). У незначній кількості виявляли представників родів *Enterococcus* (*E. faecalis*) та *Micrococcus* (*M. halobius*), вони дорівнювали 6,98 %. Найменшу кількість становили стрептококи (*Streptococcus pyogenes*). Ці патогени становили лише 2,33 % від загальної кількості.

Перспективи подальших досліджень. У подальшому буде вивчено характер перебігу РМ у різних статевих-вікових і породних групах курей.

Висновки. 1. При дослідженні 35 птахофабрик і 25 приватних птахоферм встановлено, що РМ у вигляді моноінфекції перебігав у 23,45 % випадків, кількість стад із асоційованим перебігом захворювання перевищувала цей показник втричі і становила 76,55 %.

2. За умов виявлення змішаної інфекції один бактеріальний асоціант виявляли в більш ніж половині випадків (58,46 %), два асоціанти – в чверті випадків (25,57 %) і найменшу кількість становили випадки із наявністю 3–4 асоціантів.

3. Ентеробактерії ускладнювали перебіг РМ у 76,53 %, грам-позитивні коки – у 15,52 %, інша мікрофлора (корінеобактерії, кампілобактерії, псевдомонаси та мікроскопічні грибки), складала незначну частку від загальної кількості (7,95 %).

4. Найбільшу питому вагу серед асоціантів MG займали представники роду *Salmonella* (28,66 %), у найменшій кількості виявляли *Citrobacter* (21,66 %) та *E. coli* (21,02 %).

5. Переважну кількість грамположитивних коків склали представники виду *Staphylococcus* (83,71 %), в однаковій кількості виявляли представників родів *Enterococcus* та *Micrococcus* (6,98 %).

Список літератури

1. Борисенкова, А. Респираторный микоплазмоз птицы [Текст] / А. Борисенкова, Т. Рождественская // Птицеводство. – 2008. – № 1. – С. 12-14.
2. Борисенкова, А.Н. Респираторный синдром бактериальной этиологии у птиц [Текст] / А.Н. Борисенкова, Т.Н. Рождественская // III Международный ветеринарный конгресс по птицеводству: [материалы] / Росптицесоюз. – М., 2007. – С. 176-181.
3. Волинець, Л. Симптоми, патоморфологія та бактеріологія хронічного асоційованого колібактеріозу курей [Текст] / Л. Волинець, О. Колганов, М. Потоцький // Вет. медицина України. – 1999. – № 12. – С. 20-21.
4. Гирин, М.В. Эпизоотическая ситуация по микоплазмозам птиц в России и странах СНГ, способы борьбы с этими заболеваниями [Текст] / М.В. Гирин // Мат-лы междунар. юбилейн. научн.-практ. конф. «Новое в эпизоотологии, диагностике и профилактике инфекционных и незаразных болезней птиц в промышл.пт-ве» / Всерос.науч.-исслед.ин-т птицеводства. – Санкт-Петербург, 2004. – С. 150-152.
5. Лыско, С. Профилактика и лечение респираторного микоплазмоза птиц [Текст] / С.Б. Лыско, А.П. Красиков // III Международный ветеринарный конгресс по птицеводству: (мат-лы) / Росптицесоюз. – М., 2007. – С. 161-164.
6. Определитель бактерий Берджи [текст]: пер. с англ./ под ред. Дж. Хулта, Н. Крига, П. Снита [и др.]. – М.: Мир, 1997. – 432 с.
7. Damages caused on broiler chickens by the induced action of *Mycoplasma gallisepticum* and *Escherichia coli* [Text] / O.D. Rodrigues [et al.] // Revista Brasileira de Medicina Veterinaria. – 2001. – Vol. 23, № 6. – P. 240-243.
8. Evans, J.D. Effect of dosage and vaccination route on transmission of a live attenuated *Mycoplasma gallisepticum* vaccine: a broiler model [Text] / J.D. Evans, S.L. Branton, S.A. Leigh // Avian Dis. – 2009. – Vol. 53, № 3. – P. 416-420.
9. Gross, W.B. Factors affecting the development of respiratory diseases complex in chickens [Text] / W.B. Gross // Avian Dis. – 1990. – Vol. 34, № 3 – P. 607-610.
10. Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals, 5th edition, Chapter 2.7.3 Avian Mycoplasmosis (*Mycoplasma gallisepticum*). OIE Terrestrial Manual. – 2004. - P. 625-645.
11. Monitoring *Mycoplasma gallisepticum* and *Mycoplasma synoviae* infection in breeder chickens after treatment with enrofloxacin [Text] / W.A. Stanley [et al.] // Avian Dis. – 2001. – Vol. 45, № 2. – P. 534-539.
12. Seroprevalence of *Mycoplasma gallisepticum* in West Bengal [Text] / Ch. Dhruva [et al.] // Indian Vet. J. – 2001. – Vol. 78, № 9. – P. 855-856.
13. Tomczyk, G. Elimination of mycoplasma from the turkey semen [Text] / G. Tomczyk, Z. Minta // Bull.Veter.Inst.in Pulawy. – 2002. – Vol. 46, № 1. – P. 11-15.
14. Wunderwald, C. Serological monitoring of 40 Swiss fancy breed poultry flocks [Text] / C. Wunderwald, R.K. Hoop // Avian Pathol. – 2002. – Vol. 31, № 2. – P. 157-162.

AVIAN MYCOPLASMOSIS CHARACTER IN CHICKENS

Obukhovska O.V., Glebova K.V., Petrenchuk E.P., Mayboroda O.V., Bobrovitzkaya I.A.

National Scientific Center «Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine», Kharkov, Ukraine

Avian mycoplasmosis (AM) today registered in most countries of the world and causes significant losses to owners of poultry farms. The share of associated forms of the disease, and the number of bacterial pathogens species complicated AM are not well understood.

*The aim of our work was to study the character of AM in chickens in poultry farms of different forms of ownership and identification of bacterial species – *Mycoplasma gallisepticum* associants.*

The material for the research was collected from dead and slaughtered chickens at 38 poultry factories and 25 private poultry farms in 14 regions of Ukraine for 2006–2012. After conducting clinical and pathological studies of biological material sampled for bacteriological analysis for AM and bacterial infections.

It was established that the AM as monoinfection recorded in 23.45 % of cases, the number of herds with an associated course of the disease is three times higher than that and was 76.55 %.

In case of mixed infection of one bacterial associant detected in more than half of the cases (58.46 %), two associants – a quarter of the cases (25.57 %) and the least number of cases were content with 3–4 associants.

*Enterobacteria complicated for AM in 76.53 %, Gram-positive cocci – at 15.52%, the other microflora (*Corineobacterium*, *Campylobacter*, *Pseudomonas* and microscopic fungi) is a small part of the total (7.95 %).*

*The largest share among Enterobacteriaceae occupied the genus *Salmonella* (28,66 %), in the least amount detected *Citrobacter* (21,66 %) and *E. coli* (21,02 %). Gram-positive cocci prevailing number were members of the genus *Staphylococcus* (83,71 %), in adding identical amount detected genera *Enterococcus* and *Micrococcus* (6,98 %).*

Keywords: Avian mycoplasmosis, associated infection, bacterial associants.