

ВИВЧЕННЯ ТА АНАЛІЗ СУЧАСНИХ ЕТІОЛОГІЧНИХ ФАКТОРІВ ІНФЕКЦІЙНИХ ХВОРОБ СВИНЕЙ З РЕСПІРАТОРНИМ СИНДРОМОМ

Прохорятова О.В., Кольчик О.В.

Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», м. Харків, e-mail: admin@vet.kharkov.ua

У статті представлені аналітичні дані результатів вірусологічних та бактеріологічних досліджень біологічних матеріалів від хворих свиней з респіраторним синдромом, що були проведені у 2011–2014 роках у свиногосподарствах 14 областей України. Встановлено та охарактеризовано сучасну етіологічну структуру інфекційних респіраторних хвороб свиней. Визначені домінуючі види патогенних бактерій та їх асоціацій, що були сформовані в організмі свиней. Виявлені та ідентифіковані декілька умовно-патогенних видів бактерій, які раніше не виділялися з біологічних матеріалів хворих свиней при респіраторному синдромі, а саме: *Naumannella* spp., *Sphaerotilus* spp., *Thiocapsa* spp., *Leptotrichia* spp., *Fusobacterium* spp.

Ключові слова: свині, респіраторний синдром, мікробіологічні асоціації, *Naumannella* spp., *Leptotrichia* spp., *Thiocapsa* spp., *Sphaerotilus* spp., *Fusobacterium* spp.

Інфекційні респіраторні захворювання свиней широко розповсюджені практично в усіх країнах світу з розвиненим свиначством. Ці захворювання мають складні етіологічні фактори та багато різних причин, що спричиняють виникнення цієї проблеми. Інфекційні респіраторні хвороби є однією з найбільш економічно вагомих проблем галузі свиначства. Частота та важкість інфекційних респіраторних хвороб свиней залежить від чисельності поголів'я, імунологічного статусу племінних свиней, санітарного благополуччя, виконання протиепізоотичних заходів і технології утримання свиней.

Основна роль у виникненні респіраторного синдрому (РС) належить, перш за все, вірусам, що можуть безпосередньо викликати патологію респіраторного тракту та сприяють розвитку ураження легеневої тканини (вірус репродуктивно-респіраторного синдрому свиней (PPRC), вірус грипу свиней, респіраторний коронавірус). Є інша група вірусів, які знижують імунологічний захист тварин і сприяють розвитку секундарної патогенної та умовно-патогенної бактеріальної мікрофлори. До цих вірусів відносяться – цирковірус другого типу (ЦВС-2), вірус хвороби Ауєскі (ХА), вірус класичної чуми свиней (КЧС), парвовірус свиней (ПВС), адено- та реовіруси, які знаходяться у організмі тварин частіше у латентній формі [1].

Усі бактеріальні збудники, які спроможні викликати захворювання дихальної системи свиней, можна розподілити на три групи [2, 3]. У першу групу входять бактеріальні збудники, які можуть призвести до розвинення патології у респіраторному тракті самостійно, тому що мають фактори патогенності, але без наявності у тварини первинного (генетичного) або вторинного (здобутого) імунодефіциту інфекційне захворювання не розвивається. Факторами вторинного імунодефіциту можуть бути фізіологічні переваженні тварин, порушення ветеринарно-санітарних і технологічних норм та правил, незбалансована годівля, перегрупування, у тому числі наявність у стаді вірусних збудників, які руйнують імунологічну систему свиней та ін. До даної групи бактеріальних збудників відносяться – *Mycoplasma hyopneumoniae* (збудник мікоплазмозної пневмонії), *Actinobacillus pleuropneumoniae* (збудник актинобацилярної плевропневмонії), *Pasteurella multocida* (збудник пастерельозу).

До другої групи відносяться другорядні патогенні мікроорганізми, для розвитку яких в легенях потрібне ураження легеневої тканини вірусами або бактеріями першої групи (мікоплазми, актинобацилюси, пастерели). Це – *Pasteurella haemolytica*, *Haemophilus parasuis*, *Bordetella bronchiseptica*, *Neisseria* spp.

До третьої групи входять бактеріальні патогени, що переносяться кров'ю під час розвитку септицемії. До даної групи відносяться – *Salmonella choleraesuis*, *Actinobacillus suis*, *Mycoplasma haemosuis* (збудник еперітрозозоозу), *E. coli*, *Proteus* spp., *Hafnia* spp., *Clostridium perfringens*, *Streptococcus suis*, а також дріжджеподібні гриби. До того ж *Mycoplasma haemosuis* суттєво впливає на імунологічну систему тварин, тому що вражає еритроцити та органи кровотворення [4].

Бактеріальні збудники більш за вірусні патогени викликають захворювання з тяжким клінічним проявом і загибеллю поросят, іноді до 80 %, чим завдають більш відчутні економічні збитки свиногосподарствам, тому в матеріалах даної статті приділяється увага етіологічно домінуючим бактеріальним патогенам, їх асоціаціям, а також новим мікроорганізмам, які раніше не виділялися від хворих або загиблих тварин.

У науковій літературі досить добре висвітлені питання етіологічних факторів РС, що викликаються окремими бактеріальними збудниками, такими як *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Pasteurella multocida*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Haemophilus parasuis* [5, 6, 7].

Проте, до цього часу є обмеженими дані щодо ролі в розвитку інфекційних хвороб з РС свиней різних асоціацій мікроорганізмів, що сформовані вірусами, патогенними чи/або умовно патогенними бактеріями й грибами.

Метою цієї роботи було вивчити та проаналізувати сучасні етіологічні фактори інфекційних хвороб свиней з респіраторним синдромом.

Матеріали та методи. Епізоотологічні та лабораторні дослідження біологічних матеріалів від хворих свиней з респіраторним синдромом (РС) з господарств Харківської, Сумської, Донецької, Полтавської, Кіровоградської, Херсонської, Запорізької, Одеської, Вінницької, Житомирської, Черкаської, Дніпропетровської, Київської та Волинської областей проводили протягом 2011–2014 років.

Епізоотологічне обстеження свиного господарств складалося з наступних досліджень: 1 – збір анамнестичних даних щодо історії хвороби, її клінічного прояву, благополуччя господарств, з якими підтримується господарський зв'язок, наявність попередніх лабораторних досліджень; 2 – оцінка фізіологічного стану поголів'я свиней усіх вікових груп з урахуванням продуктивних показників; 3 – загальна характеристика епізоотичного осередку – стан тваринницьких будівель, приміщень, території та географічного ландшафту, характеристика зоотехнічних показників тваринницьких приміщень; 4 – кількість поголів'я за віковими групами, характеристика технології утримання свиней з урахуванням водопою та годівлі; 5 – характеристика кормової бази (місцева заготівля, завезення та умови зберігання); 6 – наявність та виконання плану протиепізоотичних заходів; 7 – наявність та відповідність санітарним нормам ветеринарно-санітарних об'єктів. Епізоотологічне обстеження господарства сприяло правильному відбору проб (біологічних матеріалів чи/або кормів, води та змивів із стін тваринницьких приміщень) для проведення лабораторних досліджень та своєчасної постановки діагнозу.

Біологічний матеріал від свиней досліджували вірусологічними загальноприйнятими методами з використанням перещеплюваних ліній культур клітин РК-15, Mark-145, ПТП з послідуною ідентифікацією вірусів у реакції імунофлуоресценції (РІФ) (вірусів КЧС, ХА), імунопероксидазним методом на культуральному моношарі (ІПМ) (вірусів РРСС, ЦВС-2), РГА-РЗГА (ПВС) у лабораторії вивчення хвороб свиней ННЦ «ІЕКВМ». Для виявлення генетичного матеріалу таких збудників, як вірус РРСС, ЦВС-2, ХА, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Mycoplasma haemosuis* використовували молекулярно-генетичний метод – полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) у лабораторії молекулярної епізоотології та діагностики ННЦ «ІЕКВМ». Також для виявлення у крові та органах тварин (селезінка, печінка) збудника еперітритрозоозу *Mycoplasma haemosuis* готували мазки-відбитки для подальшого фарбування за Романовським-Гімза та/або за Грамом. Виділення збудника еперітритрозоозу проводили з крові тварин на авторському поживному середовищі з послідуною ідентифікацією в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР).

З метою більш повного спектру виділення бактеріальних збудників у асоціації, що викликала РС, досліджували повітря тваринницьких приміщень (9 проб), клінічний матеріал (носоглоткові змиви (213 проб), кров (52 проби), сироватку крові (523 проби)), патологічний матеріал від загинув свиней (407 проб), проби кормів (74 проби) і питної води (36 проб). Для культивування патогенних та умовно-патогенних штамів бактерій, вивчення їх культуральних, біохімічних і морфологічних властивостей використовували наступні поживні середовища: м'ясо-пептонний бульйон з додаванням (0,5–1,0) % глюкози, 2,5 % м'ясо-пептонний агар з (0,5–1,0) % глюкози, агар Ендо та інші диференційні середовища, грибів – агар Сабуро, анаеробів – модифіковане середовище Кіт-Тароці. Гемолітичні властивості бактерій вивчали під час культивування на МПА з додаванням 5,0 % дефібринованої крові барана.

Визначення санітарних мікробіологічних показників у питній воді проводили відповідно до ДСанПІН № 383 «Вода питна. Гігієнічні вимоги до якості води централізованого господарсько-питного водопостачання».

Мікробіологічну забрудненість кормів і кормової сировини встановлювали відповідно до наказу Міністерства аграрної політики та продовольства України за № 131 від 19.03.2012 р. «Про затвердження Переліку максимально допустимих рівнів небажаних речовин у кормах та кормовій сировині для тварин».

Патогенність виявлених мікроорганізмів визначали за постановкою біопроби на лабораторних тваринах відповідно до загальноприйнятих методів. Вибір виду тварин для біопроби базувався на їх сприйнятливості до збудника, що досліджувався.

Ідентифікацію виділених мікроорганізмів за морфологічними, біохімічними властивостями проводили за допомогою визначника бактерій Берджі [8].

Результати досліджень. За чотири роки досліджень було охоплено частку поголів'я свиней 14 областей України. Під час вивчення видового спектру інфекційних асоціацій, які викликали у поросят груп відлучення, дорощування та відгодівлі загибель з ураженням органів дихальної системи або клінічний прояв РС, було ізольовано цілий ряд збудників як патогенних, так і умовно-патогенних. Узагальнені дані за 4 роки наведені у таблиці 1.

Складення повного списку збудників РС свиней, що були виявлені упродовж кожного року, показало, що за останні 4 роки кількість патогенів, що викликають респіраторний синдром, збільшилася за рахунок умовно-патогенної мікрофлори, у той час коли класична патогенна мікрофлора за останні 2 роки виявлялася дуже рідко, такі як *E. coli*, *Salmonella spp.*, *Cl. perfringens* не виявлялися. Спектр вірусних збудників під час спалахів захворювань з респіраторним синдромом за 4 роки був стабільним. Також за останні 2 роки спостерігали появу нових бактеріальних мікроорганізмів, які раніше не вважалися патогенними для тварин, але на час досліджень були патогенними для лабораторних тварин. Це – *Naumannella spp.*, *Thiocapsa spp.*, *Sphaerotilus spp.* Серед бактеріальних асоціантів була мікрофлора, яка не викликала загибелі лабораторних тварин, хоча виділялася з крові, серця та селезінки загинув поросят, тобто сприяла розвитку сепсису. До таких бактерій належали *Leptotrichia spp.*, *Veillonella spp.*, *Fusobacterium spp.*

У таблиці 2 наведено склад асоціацій мікроорганізмів, які частіше зустрічалися і були виявлені протягом кожного року безпосередньо з легень загинув поросят різного віку.

Аналіз видового спектру інфекційних збудників, які в асоціативній формі викликали захворювання респіраторного тракту, дозволив виявити особливості структури асоціацій. Було встановлено, що існують домінуючі види бактерій, які частіше являються складовими асоціацій і в більшості випадків є більш патогенними у порівнянні з умовно-патогенною мікрофлорою.

Розділ 3. Ветеринарна вірусологія та мікробіологія

Таблиця 1 – Перелік мікроорганізмів, які були виділені з біологічних матеріалів хворих або загиблих поросят з РС протягом кожного року

Збудники			
2011	2012	2013	2014
Вірус РРСС	Вірус РРСС	Вірус РРСС	Вірус ПВІС
Вірус ХА	Вірус КЧС, вакц. штам	Вірус ПВІС	Вірус РРСС
Вірус ПВІС	Вірус ПВІС	Вірус ЦВС-2	Вірус ЦВС-2
ЦВС-2	Вірус ХА	<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	<i>Leptotrichia spp.</i>
<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	Вірус ЦВС-2	<i>Mycoplasma haemosuis</i>	<i>Pasteurella haemolytica</i>
<i>Pasteurella mult.</i> серотипи А, D	<i>Pasteurella multocida</i> серотипи А, D	<i>Pasteurella mult.</i> серотипи А, D.	<i>Pasteurella mult.</i> серотипи А, D
<i>Mycoplasma haemosuis</i>	<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	<i>Bordetella bronchiseptica</i>
<i>Staphylococcus spp.</i>	<i>Mycoplasma haemosuis</i>	<i>Actinobacillus suis</i>	<i>Sphaerotilus spp.</i>
<i>Cl. perfringens</i>	<i>Cl. perfringens</i>	<i>Bordetella bronchiseptica</i>	<i>Cl. perfringens</i>
<i>E. coli</i>	<i>Staphylococcus spp.</i>	<i>Mycoplasma micoides</i>	<i>E. coli</i>
<i>Salmonella spp.</i>	<i>Sphaerotilus spp.</i>	<i>Naumanniella spp.</i>	<i>Thiocapsa spp.</i>
<i>Fusobacterium spp.</i>	<i>Fusobacterium spp.</i>	<i>Streptococcus pneumonia</i>	<i>Naumanniella spp.</i>
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Leptotrichia spp.</i>	<i>Neisseria spp.</i>	<i>Streptococcus pneumonia</i>
Дріжджеподібні гриби	Дріжджеподібні гриби	<i>Thiocapsa spp.</i>	<i>Neisseria spp.</i>
–	–	<i>Leptotrix spp.</i>	<i>Leptotrix spp.</i>
–	–	<i>Sphaerotilus spp.</i>	<i>Aspergillus niger</i>
–	–	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Дріжджеподібні гриби
–	–	<i>Leptotrichia spp.</i>	–
–	–	<i>Veillonella spp.</i>	–
–	–	Дріжджеподібні гриби	–

Для встановлення домінуючих видів серед бактеріальних збудників у структурі асоціацій визначили частоту, з якою вони зустрічалися при інфекціях з РС, і обчислили її у відсотках. Відсоток встановлювали від загальної кількості мікроорганізмів, що були виділені протягом року.

Таблиця 2 – Складові асоціації мікроорганізмів, які частіше виділялися при РС від хворих або загиблих свиней протягом року

Роки	Складові асоціації: віруси, бактерії, гриби
2011	РРСС, ХА, <i>Mycoplasma hyopneum.</i> , <i>Pasteurella multocida</i> серотипи А і D, <i>E. coli</i>
2011	ПВІС, РРСС, <i>Pasteurella multocida</i> серотипів А і D, <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i> , <i>Salmonella spp.</i> , дріжджеподібні гриби
2012	ПВІС, РРСС, <i>Sphaerotilus spp.</i> , <i>Pasteurella multocida</i> D, <i>Leptotrichia spp.</i>
2012	РРСС, ПВІС, <i>Sphaerotilus spp.</i> , <i>Thiocapsa spp.</i> , <i>Naumanniella spp.</i>
2012	РРСС, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Mycoplasma hyopneum.</i> , <i>Streptococcus spp.</i>
2013	ЦВС-2, <i>Neisseria spp.</i> , <i>Naumanniella spp.</i> , <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>
2013	ПВІС, <i>Bordetella bronchiseptica</i> , <i>Pasteurella multocida</i> , <i>Naumanniella spp.</i>
2013	ЦВС-2, <i>Actinobacillus suis</i> , <i>Past. multocida</i> , <i>Staphylococcus spp.</i> , <i>Leptotrix spp.</i>
2014	Коронавірус, <i>Pasteurella haemolytica</i> , <i>Neisseria spp.</i> , <i>Streptococcus pneumonia</i>
2014	РРСС, <i>Sphaerotilus spp.</i> , <i>Naumanniella spp.</i> , <i>Mycoplasma hyopneum.</i> , <i>Pasteurella multocida</i> серотипи А і D, <i>Neisseria spp.</i>
2014	ПВІС, <i>Pasteurella multocida</i> серотипи А і D, <i>Bordetella bronchiseptica</i> , <i>Thiocapsa spp.</i>

За результатами аналізу структури асоціацій було встановлено, що домінуючими бактеріальними видами збудників інфекційних захворювань з РС у свиней протягом 2011–2012 років були *Mycoplasma haemosuis* (збудника еперітрозонозу), *Pasteurella multocida* серотипів А, D від 21,4 % у 2011 році до 70 % у 2013, 2014 роках, відповідно. Серед домінуючих були умовно-патогенні бактерії з роду *Fusobacterium*, від 14,3 до 35,0 %. Слід відмітити, що у 2011 році до складу консорціумів входили такі

патогенні види бактерій, як *Salmonella spp.*, *Cl. perfringens*, *E. coli*. У 2013 р. цих видів не було виділено. На зміну їм серед асоціантів з'явилися наступні, умовно-патогенні мікроорганізми, відсоток яких у консорціумах був великий: *Naumanniella spp.* до 60,0 %, *Sphaerotilus spp.* – 32,1 %, *Leptotrichia spp.* – 17,9 %, *Leptotrix spp.* – 21,4 %. Такий вид збудника, як *Pasteurella multocida* серотипів А і D у 2013–2014 роках зустрічався в асоціаціях від 62,5 % до 70,0 %. *Mycoplasma hyopneumonia* у 2011 році при респіраторному синдромі свиней виявлялася більше ніж у 95,0 % дослідженого матеріалу, але у 2013–2014 роках відсоток збудника мікоплазмозу склав 7,1 %, що свідчило про широке застосування в свиногосподарствах засобів специфічної профілактики та із зменшенням концентрації збудника мікоплазмозної пневмонії в навколишньому середовищі, що було зумовлено санацією довкілля. Лабораторними методами дослідження у 2013–2014 роках з кормів та питної води такі мікроорганізми, як *Mycoplasma spp.*, виявлялися рідко.

За літературними даними умовно-патогенні бактерії частіше є представниками нормальної флори тварин, людини та природного середовища (водоймища, повітря, тумани). Вони створюють біоценози мікроорганізмів, які формують захисну біоплівку [9, 10]. В умовах пригнічення або руйнування імунної системи тварин умовно-патогенні бактерії, які колонізують усі слизові поверхні макроорганізмів або знаходяться у навколишньому середовищі (у повітрі, на твердих, вологих поверхнях або у воді), починають накопичуватися у великій кількості та викликають в організмі запалення органів дихальної та/або шлунково-кишкової систем. В умовах ослабленої імунної системи умовно-патогенні мікроорганізми легко долають захисний бар'єр слизових оболонок і викликають септичні процеси, які призводять до загибелі макроорганізму.

Наприклад, такі мікроорганізми, як *Leptotrichia spp.*, *Naumanniella spp.*, *Thiocapsa spp.*, є мешканцями у водневих джерелах, забруднених водоймищах, болотах. Під час лабораторних досліджень повітря тваринницьких приміщень з підвищеною вологістю кормів, а також з біоматеріалів від тварин (легені, кров, серце), що загинули від ураження дихальної системи, виділяли вищезазначені мікроорганізми. Ці мікроорганізми утворювали на поверхні стін слизовий блискучий наліт – біоплівку, яка сприяє формуванню витривалості до дезінфектантів.

Протягом 4-х років дослідниками встановлено, що у свиногосподарствах, які були розташовані поблизу відкритих водоймищ, перебіг захворювання з РС був більш тяжким, із загибеллю поросят більше 20 %. З легень від загиблих тварин виділяли асоціації мікроорганізмів з більшою кількістю бактерій, зокрема *Naumanniella spp.*, *Sphaerotilus spp.*, *Leptotrix spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusabacterium spp.*

Збільшення відсотку умовно-патогенних бактерій в етіологічній структурі інфекційних захворювань з респіраторним синдромом свиней за 2013–2014 роки пов'язано у першу чергу із зниженням імунологічного стану свиней за участі таких вірусів, як КЧС (вакцинний штам), ЦВС-2, РРСС, ПВС, які вражають імунологічні клітини макроорганізму, а також у зв'язку зі збільшенням технологічного навантаження на тварин та кліматичними змінами. Припустимо, що за останні роки підвищення середньої температури у весняний та літній сезони у навколишньому середовищі призвело до накопичення у водоймищах умовно-патогенної мікрофлори. Такі види бактерій, як *Naumanniella spp.*, *Sphaerotilus spp.*, *Thiocapsa spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusabacterium spp.* наповнювали водоймища та за умов підвищених температур забруднювали повітря, що сприяло виникненню захворювань у свиней з респіраторним синдромом у господарствах, які розташовані поблизу до водоймищ.

Висновок. У структурі асоціацій мікроорганізмів, які викликали у свиней захворювання з респіраторним синдромом, були виявлені та ідентифіковані декілька умовно-патогенних видів бактерій, які раніше не виділялися з біологічних матеріалів хворих свиней при РС, а саме: *Naumanniella spp.*, *Sphaerotilus spp.*, *Thiocapsa spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.* Зміни в етіологічній структурі захворювань свиней з РС ускладнюють лікування тварин та оздоровлення господарств.

Список літератури

1. James, E. Collins. Isolation of swine infertility and respiratory syndrome virus in North America and experimental reproduction of the disease in gnotobiotic pigs [Text] / James E. Collins [et al] // J. Vet. Diagn. Invest. N 4, 2006 - P.117-126.
2. Peritogianni, V. Clinical presentation of combined postweaning multisystemic wasting syndrome (PMWS) and porcine dermatitis nephropathy syndrome (PNDS) case in a three site production system in Great Britain (GB) [Text] / Peritogianni V. // Proc. of the 16th IPVS Congr. – Melbourne, Australia, 2000. - P. 581
3. Орлянкин, Б.Г. Инфекционные респираторные болезни свиней: этиология, диагностика и профилактика. [Текст] / Б.Г. Орлянкин, Мишинг А.М. // Научн.-иссл. ин-т диагностики и профилактики болезней человека и животных, г. Москва.- Режим доступа: www.kubanvet.ru/journal_n3_20102.html – 21.04.2011/- Загол. з екрану.
4. Пейсак, З. Болезни свиней. [Текст]: пер. с польск. – Брест: ОАО «Брестская типография», 2008.- 424 с.
5. Прохорятюва, О.В. Сучасна етіологічна структура інфекційних хвороб свиней з респіраторним синдромом у свиней.[Текст] / О.В. Прохорятюва, О.В. Кольчик // Ветеринарна медицина України.- 2014.- № 7 (221) - С. 12-15.
6. Палунина, В.В. Микрофлора легких поросят, больных бронхопневмонией [Текст] / В.В. Палунина // Аграр. Наука.- 2005.- № 1.-С. 25-26
7. 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.
8. Определитель бактерий Берджи [Текст]/под ред. Дж. Хоулта [и др.]- М.: Мир, 1997.- 1, 2 Т.- 800 с.
9. 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.
10. 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.-ТулГУ, 2009.- С. 138.

STUDY AND ANALYSIS OF CONTEMPORARY ETIOLOGICAL FACTORS
OF INFECTIOUS DISEASE OF PIGS WITH RESPIRATORY SYNDROME

Prokhoryatova O.V., Kolchuk O.V.

National Scientific Center "Institute of Experimental and Clinical Veterinary Medicine", Kharkiv, Ukraine

The aim of this work was to study and analysis contemporary etiological factors of infectious disease of pigs with respiratory syndrome.

Materials and methods. We used epidemiological Virology, bacteriology and molecular genetic methods. Researched clinical (lavage from the mucous membranes of the nasopharynx, blood samples) and pathological materials, samples of feed, water and air in livestock buildings (microbiological) in accordance with the existing regulations.

The results of the research. According to the analysis of patterns of associations was found that the dominant bacterial species of infectious agents with MS in pigs during 2011–2012 were *Mycoplasma haemosuis* (pathogen eperthrozoosis), *Pasteurella multocida* serotypes from 21.4 % in 2011 to 70 % in 2013, 2014, respectively. Among dominant were conditionally pathogenic bacteria of the genus *Fusobacterium*, from 14,3 to 35.0 %. Among asientos appeared the following conditionally pathogenic microorganisms, the percentage of which in the consortia was great – *Naumanniella* spp. to 60.0 %, *Sphaerotilus* spp. – 32,1 %, *Leptotrichia* spp. – 17.9 %, *Leptotrix* spp. – 21,4 %.

Conclusion. In the structure of associations-causing organisms in pigs with respiratory disease syndrome, were identified and identifikovany several umove-pathogenic bacterial species that previously were not distinguished from biological materials animals with respiratory syndrome swine, namely *Naumanniella* spp. *Leptotrichia* spp., *Thiocapsa* spp. *Sphaerotilus* spp. *Fusobacterium* spp. Changes in the etiological structure of diseases of pigs with respiratory syndrome complicate treatment and recovery of households.

Keywords: pigs, respiratory syndrome, microbial consortia, *Naumanniella* spp., *Leptotrichia* spp., *Thiocapsa* spp., *Sphaerotilus* spp., *Fusobacterium* spp.

УДК 619:616.98:578.82/83[PCV2]:577.2.08:636.4

ПЕРСПЕКТИВИ РОЗРОБКИ ТА ЗАСТОСУВАННЯ ПРАЙМЕРНИХ СИСТЕМ
ДЛЯ ГЕНОТИПУВАННЯ ЦИРКОВІРУСІВ СВИНЕЙ II ТИПУ МЕТОДОМ
ПОЛІМЕРАЗНОЇ ЛАНЦЮГОВОЇ РЕАКЦІЇ

Рудова Н.Г.*

Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини»,
м. Харків, Україна, e-mail: admin@vet.kharkov.ua

Цирковірусна інфекція свиней значно поширена в усіх країнах світу, де свинарство є профільюючою галуззю тваринництва. Збудник цирковірусної інфекції свиней належить до ДНК-вміщуючих вірусів родини *Circoviridae*, роду *Circovirus*, має виражений тропізм до клітин лімфоїдного ряду та характеризується різноманітністю клінічних проявів. Збитки від означеного захворювання складаються з масового (до 30 %) відходу молодняку, зниження конверсії корму, розладів системи репродукції у дорослих тварин (аборти, мертвонародження, непліддя). На сьогодні це основна проблема у промисловому свинарстві.

Наразі в літературних джерелах описано 3 генотипи цирковірусів свиней, існування яких зумовлено безперервною еволюцією вірусу. Одночасне інфікування тварин декількома генотипами ЦВС-II може призводити до підвищення інтенсивності реплікації вірусу та розвитку більш важких клінічних проявів ЦВС.

Моніторинг розповсюженості генотипів серед інфікованих тварин проводять у багатьох країнах світу, де свинарство є однією з найбільш розвинених галузей тваринництва. Проведення таких досліджень в Україні є важливим, але до сьогодні не вирішеним завданням.

У статті наведені дані щодо перспектив розробки та застосування праймерних систем для генотипування цирковірусів свиней II типу методом полімеразної ланцюгової реакції. Робота виконана за використанням біоінформатичних і молекулярно-генетичних методів досліджень. Проведено аналіз літературних джерел і серію досліджень, спрямованих на оптимізацію протоколів ПЛР з попередньо розробленими, теоретично перевіреними та синтезованими праймерними системами. Встановлено, що класична ПЛР є малоприматною для генотипування ЦВС-II внаслідок її низької специфічності. Отже, ампліфікаційні методи із застосуванням ПЛР стандартного формату не можуть повною мірою замінити класичні підходи щодо генотипування з використанням секвенування геному збудника.

Ключові слова: цирковірус свиней II типу, молекулярна діагностика, генотипування, праймерні системи.

* Науковий керівник Герілович А. П., док. вет. наук, ст. наук. співр.