

46. Brown J. D. et al. Prevalence of antibodies to type A influenza virus in wild avian species using two serologic assays. *Journal of Wildlife Diseases*. 2010. Vol. 46, No 3. P. 896–911. DOI: <https://doi.org/10.7589/0090-3558-46.3.896>.
47. Račnik J. et al. Evidence of avian influenza virus and paramyxovirus subtype 2 in wild-living passerine birds in Slovenia. *European Journal of Wildlife Research*. 2008. Vol. 54. P. 529–532. DOI: <https://10.1007/s10344-007-0164-5>.
48. L'vov D. K. et al. [Interpretation of the epizootic outbreak among wild and domestic birds in the south of the European part of Russia in December 2007]. *Voprosy Virusologii*. 2008. Vol. 53, No 4. P. 18–23. PMID: 18756811.
49. AL-Attar M. Y., Danial F. A., Al-Baroodi S. Y. Detection of antibodies against avian influenza virus in wild pigeons and starlings. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 2008. Vol. 7. P. 448–449. URL: <https://medwelljournals.com/abstract/?doi=javaa.2008.448.449>.
50. Qin Z. et al. Detection of influenza viral gene in European starlings and experimental infection. *Influenza and Other Respiratory Viruses*. 2011. Vol. 5, No 4. P. 268–275. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1750-2659.2010.00190.x>.
51. Pearson H. E. et al. Pathogen presence in European starlings inhabiting commercial piggeries in South Australia. *Avian Diseases*. 2016. Vol. 60, No 2. P. 430–436. DOI: <https://doi.org/10.1637/11304-101815-Reg>.
52. Клестова З. С. Емерджентні вірусні захворювання тварин та прогнозування біоризиків. *Ветеринарна біотехнологія*. 2016. Вип. 29. С. 117–131. URL: http://nbuv.gov.ua/UJRN/vbtb_2016_29_15.
53. Музика Д. В., Стегній Б. Т. Дикі птахи як один з головних факторів розповсюдження збудників інфекцій птиці, тварин і людей. *Ветеринарна медицина*. 2012. Вип. 96. С. 222–224. URL: <https://www.jvm.kharkov.ua/sbornik/96/89.pdf>.
54. Булахов В. Л. та ін. Біологічне різноманіття України. Дніпропетровська область. Птахи: Горобцеподібні (Aves: Passeriformes): монографія / за заг. ред. проф. О. Є Пахомова. Дніпропетровськ: Вид-во ДНУ, 2015. 522 с. URL: https://www.zoology.dp.ua/wp-content/downloads/pahomov/PA_15_01.pdf.

PASSERIFORM BIRDS AS POTENTIAL RESERVOIRS AND VECTORS OF INFLUENZA A VIRUS (LITERATURE REVIEW)

Nikitina A. O., Muzyka D. V.

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

The article presents the results of the study of foreign literature on birds of the Passeriformes order as one of the potential vectors of influenza A virus. In general, waterfowl are the main reservoir of influenza A viruses from which the virus spreads to poultry. Passerines pose a threat to poultry farms and poultry because they can feed in a common area and release the virus. Experimental studies show that passerines are susceptible to influenza A virus and have relatively high titers of the virus, meaning that they may contribute to its circulation in nature

Keywords: epizootic monitoring, emerging dangerous infections

УДК 619:616.98-036.22:579:636.085.55:[636.5+598.2]

DOI 10.36016/VM-2022-108-5

МОНІТОРИНГ БАКТЕРІАЛЬНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКОЇ ТА ДИКОЇ ПТИЦІ У 2016–2020 РОКАХ В УКРАЇНІ, ПРОГНОЗУВАННЯ ЕПІЗООТИЧНОЇ СИТУАЦІЇ

Майборода О. В., Ечкенко Р. В., Рула О. М., Стегній Б. Т., Музика Д. В.

Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», Харків, Україна, e-mail: maiboroda.olga@gmail.com

У статті наведено узагальнені результати бактеріологічних досліджень біологічного матеріалу від сільськогосподарської та дикої птиці, комбікормів та їхніх складових для годування птиці. Епізоотологічний моніторинг щодо циркуляції збудників бактеріальних хвороб птиці та бактеріологічні дослідження було проведено впродовж 2016–2020 років. У сільськогосподарської птиці встановлено циркуляцію широкого спектру збудників бактеріальних інфекцій. Умовно-патогенні мікроорганізми з родини Enterobacteriaceae, які ізолювали від сільськогосподарської птиці були домінуючими, їх ізолювали в 73,4 % випадків. Інфікованість птиці збудниками з родин Clostridiaceae, Staphylococcaceae, Pseudomonadaceae, Bacillaceae та грибовою флорою не є значною (від 1,5 до 8,3 %). Збудники сальмонельозів у різні роки становили від 0,5 до 3,7 % випадків від загальної кількості бактерій з родини Enterobacteriaceae. Escherichia coli ізолювали в 38,9 % випадках, мікроорганізми роду

Enterobacter spp. — 26,6 %; *Citrobacter spp.* — 13,0 %; *Proteus spp.* — 10,5 %. У диких птахів доміантними, як і в минулі роки, були збудники з родини *Enterobacteriaceae*, що становили від 62 до 100 % від загальної кількості виділених бактеріальних патогенів. Мікроорганізми роду *Escherichia spp.* ізолювали у 28,3 % випадків, *Salmonella spp.* — 1,1 %, *Enterobacter spp.* — 34,2 %, *Citrobacter spp.* — 16,1 %, *Proteus spp.* — 15,5 %, *Serratia spp.* — 2,3 %, *Morganella spp.* — 0,9 %, *Edwardsiella spp.* — 0,6 %. За результатами бактеріологічних досліджень комбікормів та їхніх складових установлено, що 59 % (110 проб) не відповідали критеріям якості та безпечності, які наведені у наказі МінАППУ № 131 від 19.03.2012 р. Так комбікорми не відповідали нормам за наявністю сульфитредукуючих клостридій у 14,9 % випадків, за загальною бактеріальною забрудненістю — у 54,4 % та перевищенням загальної кількості ентеробактерій — у 30,7 %. Основними бактеріальними контамінантами комбікормів були умовно-патогенні мікроорганізми з родини *Enterobacteriaceae* (72,7 %), *Clostridiaceae* (19,0 %) та *Bacillaceae* (6,6 %).

Ключові слова: *Enterobacteriaceae*, *Salmonella*, контамінація кормів

Птахівництво — одна з провідних галузей у виробництві продукції м'ясного походження для вживання людиною. Інтенсифікація виробництва птахівничої продукції пов'язана з утриманням значної вирощуваної кількості птиці на обмеженій території, що може сприяти посиленню передачі інфекційних патогенів серед птахопоголов'я. Патогени птиці, такі як кишкова паличка та сальмонела, здатні спричиняти захворювання та є небезпечними для людини.

Інтегрований нагляд у ланцюзі виробництва птахопродукції (включаючи ферми, роздрібну торгівлю, громадське харчування та споживачів), дотримання стратегії стримування інфекцій, контроль патогенів у людини та птиці, відповідно до концепції «Єдине здоров'я» дозволить мінімізувати забруднення та зменшити передачу збудників по харчовому ланцюгу. Даний підхід є обов'язковим у світовому масштабі. Крім того, постійне спостереження за рівнем резистентності збудників бактеріальних патогенів є надзвичайно важливим [1].

Незважаючи на успіхи останніх років в оптимізації годівлі м'ясної і яєчної птиці, роль мікробної контамінації корму в зниженні ефективності виробництва, без сумніву, вимагає додаткової уваги. За даними багатьох науковців кормові компоненти для приготування комбікорму для птиці часто є контамінованими різними мікроорганізмами [2, 3]. При цьому, частина мікроорганізмів залишаються відносно нешкідливими, у той час як інші, включаючи кишкову паличку, клостридії та сальмонелу, потребують суворого контролю. З метою забезпечення бактеріальної безпечності вітчизняні виробники комбікормів проводять дослідження компонентів та готової продукції згідно вимог Наказу МінАППУ № 131 від 19.03.2012 р. зі змінами № 550 від 11.10.2017 р.

У контексті поширення серед людей зоонозних інфекцій, необхідно звернути увагу на природні резервуари патогенів. До таких резервуарів відносяться дикі птахи. За літературними даними [4] одним з факторів збільшення кількості реєстрації інфекційних хвороб серед сільськогосподарської птиці, а також людей, є безпосередній контакт їх з дикою, синантропною та екзотичною птицею. За рахунок такого тісного обміну виникають нові властивості мікроорганізмів. Дикі птахи, з їхніми широкими географічними ареалами та тісною взаємодією з людьми, історично відіграють важливу роль як носії збудників хвороб людини і тварин та як резервуари для стійких до антибіотиків мікроорганізмів.

Мета роботи. Моніторинг бактеріальних збудників серед сільськогосподарської і дикої птиці та комбікормів для годівлі птиці, а також аналіз розвитку епізоотичної ситуації в Україні.

Матеріали та методи. Дослідження проведені у відділі хвороб птиці ННЦ «ІЕКВМ» у 2016–2020 рр.

Бактеріологічні дослідження птиці проведено в птахогосподарствах різної форми власності 16 областей України, усього було досліджено 2 172 проби біологічного матеріалу (внутрішні органи) від сільськогосподарської птиці (курчата, кури-несучки, качки, гуси, індики) та декоративної птиці (перепелів, куріпок, фазанів, павичів).

З метою вивчення циркуляції бактеріальних збудників серед дикої навколородної та водоплавної птиці ряду Гусеподібних (*Anseriformes*) та Сивкоподібних (*Charadriiformes*) було відібрано 615 об'єднаних проб біологічного матеріалу (проби посліду, клоакальні змиви) від 2 568 гол. птиці у містах відпочинку та годівлі на території заповідників Півдня України (крижень,

чоботар, гуска білолоба, галагаз, мартин сивий, чирянка мала, лиска, огар, свищ, лебідь-кликун, лебідь-шипун, гуска сіра), також від синантропних птахів (сизий голуб) у містах та на територіях фермерських господарств.

Під час роботи з біологічним матеріалом дотримувались правила відбору зразків патологічного матеріалу, крові, кормів, води та транспортування їх для лабораторного дослідження, затверджених наказом Державного департаменту ветеринарної медицини Мінагрополітики України від 15.04.1997 № 15-14/111, постанови Комісії CR 1168/2006/ЄС та ДСТУ 4769:2007 [5].

Бактеріологічні дослідження з біологічного та патологічного матеріалів від птахів проводили за загальноприйнятою методикою з використанням рідких селективних збагачуючих поживних та щільних диференційно-діагностичних середовищ [6–8].

Для встановлення рівня контамінації кормів для птиці та їхніх складових збудниками бактеріальних інфекцій було досліджено 185 проб комбікормів та сировини для їх виготовлення (пшениця, кукурудза, шрот соняшниковий, просо тощо) з 10 областей України згідно з чинними нормативними документами за загальноприйнятими методиками [6–8].

Результати досліджень. За результатами бактеріологічних досліджень серед сільськогосподарської птиці (n = 2 172) переважають ентеробактеріози, які складають найбільший потенційний ризик для здоров'я людини (у разі контамінації збудниками продуктів птахівництва). Ми провели розрахунки щодо відсоткового співвідношення ізольованих бактеріальних патогенів (табл. 1).

Таблиця 1 — Родини ізольованих бактеріальних патогенів серед сільськогосподарської птиці в Україні (2016–2020 рр.)

Найменування культур	Частка від загальної кількості культур, %					
	2016 р.	2017 р.	2018 р.	2019 р.	2020 р.	2016–2020 рр.
Enterobacteriaceae	72,7	69,1	84,0	76,6	64,8	73,4
Staphylococcaceae (<i>Staphylococcus intermedius</i> , <i>St. aureus</i> , <i>St. pneumoniae</i>)	8,3	2,4	0,5	5,9	4,8	4,4
Streptococcaceae	–	–	1,5	–	–	0,3
Enterococcaceae (<i>Enterococcus faecalis</i>)	4,9	–	–	–	2,6	1,5
Pseudomonadaceae (<i>Pseudomonas aeruginosa</i>)	1,2	5,6	1,5	2,9	1,5	2,5
Corynebacteriaceae (<i>Corynebacterium</i> spp.)	0,9	1,6	–	–	–	0,5
Pasteurellaceae (<i>Haemophilus gallinarum</i>)	0,5	–	–	–	–	0,1
Neisseriaceae (<i>Neisseria</i> spp.)	–	2,3	–	–	–	0,5
Alcaligenaceae (<i>Alcaligenes faecalis</i>)	–	0,8	–	–	–	0,2
Clostridiaceae (<i>Clostridium</i> spp.)	–	11,9	9,5	2,9	17,0	8,3
Bacillaceae (<i>Bacillus</i> spp.)	–	–	0,5	2,9	5,9	1,9
Mycoplasmataceae (<i>Mycoplasma gallisepticum</i>)	11,5	6,3	2,5	2,9	1,8	5,2
грибкова флора	–	–	–	5,9	1,8	1,5
Інші представники родин	27,3	30,9	16,0	23,4	35,2	26,6

Установлено, що 73,4 % виділених культур від сільськогосподарської птиці відносяться до родини Enterobacteriaceae. Це майже у дев'ять разів більше, ніж культур з родини Clostridiaceae (8,3 %), або у 15–20 разів більше, ніж з родин Mycoplasmataceae (5,2 %) та Staphylococcaceae (4,4 %). У інших восьми родин (Streptococcaceae, Enterococcaceae, Pseudomonadaceae, Corynebacteriaceae, Pasteurellaceae, Neisseriaceae, Alcaligenaceae, Bacillaceae) цей показник ще нижчий.

Що стосується культур ентеробактерій, ізольованих від сільськогосподарської птиці, результати наведені у табл. 2.

Упродовж останніх років спостерігається тенденція до збільшення ролі умовно-патогенної бактеріальної флори роду *Escherichia* spp. (38,9 %), *Enterobacter* spp. (26,6 %), *Citrobacter* spp. (13,0 %), *Proteus* spp. (10,5 %) (табл. 2). Особливу увагу необхідно звернути на епідеміологічно

значимі інфекції, наприклад, сальмонельоз. Так, збудники сальмонельозів у різні роки становили від 0,5 до 3,7 % випадків від загальної кількості бактерій з родини Enterobacteriaceae. Установлено одночасний перебіг клостридіозів із колибактеріозом, цитробактеріозом та іншими хворобами, що спричиняються збудниками родини Enterobacteriaceae.

Таблиця 2 — Культури кишкової групи (Enterobacteriaceae) від сільськогосподарської птиці (2016–2020 рр.)

Найменування культур	Частка від загальної кількості культур ентеробактерій, %					
	2016 р.	2017 р.	2018 р.	2019 р.	2020 р.	2016–2020 рр.
<i>Escherichia</i> (<i>E. coli</i> , <i>E. vulneris</i> , <i>E. fergusonii</i> , <i>E. hermannii</i>)	31,9	12,7	32,2	22,4	45,8	38,9
<i>Citrobacter</i> (<i>C. diversus</i> , <i>C. freundii</i>)	17,2	11,9	18,0	–	1,5	13,0
<i>Proteus</i> (<i>P. vulgaris</i> , <i>P. mirabilis</i>)	11,8	19,3	2,2	3,3	2,6	10,5
<i>Enterobacter</i> (<i>E. aerogenes</i> , <i>E. agglomerans</i> , <i>E. cancerogenus</i> , <i>E. dissolvens</i> , <i>E. asburiae</i> , <i>E. amnigenus</i> , <i>E. intermedius</i> , <i>E. sakazakii</i>)	11,3	10,3	15,2	49,6	12,9	26,6
<i>Morganella</i> spp. (<i>M. morganii</i>)	–	4,0	3,5	–	–	1,3
<i>Providencia</i> spp.	–	3,2	–	1,3	–	1,2
<i>Edwardsiella</i> spp.	–	8,0	1,5	–	–	2,6
<i>Serratia</i> (<i>S. plymuthica</i> , <i>S. ficaria</i>)	–	4,0	2,2	–	0,7	1,9
<i>Salmonella</i> spp.	0,5	3,7	2,2	–	1,1	2,0
<i>Kluyevera</i> (<i>K. ascorbata</i>)	–	0,8	2,2	–	–	0,8
<i>Klebsiella</i> spp.	–	–	4,8	–	–	1,3

Відмічено випадки асоційованого перебігу бактеріозів і мікоплазмозів птиці. У декоративної птиці з невеликих приватних господарств було виявлено субклінічний перебіг респіраторного мікоплазмозу, який здебільшого реєструвався в асоціації зі стафілококкозом, стрептококкозом. Випадки важкої пневмонії, спричиненої *Streptococcus avium* та/або *Staphylococcus aureus* виникали, якщо в господарстві не дотримувалися ветеринарно-санітарного режиму.

Що стосується диких птахів, то під час проведення моніторингових досліджень установлено циркуляцію умовно-патогенних мікроорганізмів з родин Enterobacteriaceae, Corynebacteriaceae, Alcaligenaceae, Moraxellaceae, Enterococcaceae, Pseudomonadaceae, Clostridiaceae (табл. 3).

Таблиця 3 — Бактеріальні збудники, ізольовані від диких і синатропних птахів (2017–2020 рр.)

Найменування культур (родина)	Частка від загальної кількості культур, %				
	2017 р.	2018 р.	2019 р.	2020 р.	у середньому за чотири роки, %
Enterobacteriaceae	62	100	100	66,7	84,3
Corynebacteriaceae	13,5	–	–	–	3,0
Alcaligenaceae	3,0	–	–	–	0,7
Moraxellaceae	3,5	–	–	–	0,8
Enterococcaceae	0,5	–	–	–	0,1
Pseudomonadaceae (<i>Pseudomonas aeruginosa</i>)	–	–	–	13,3	2,9
Clostridiaceae (<i>Clostridium</i> spp.)	–	–	–	20,0	4,4
інші представники	17,5	–	–	–	3,8

Розділ 3. Епізоотологія та інфекційні хвороби

Найбільш масовою родиною була група Enterobacteriaceae (85,9 %), яка була представлена умовно-патогенними представниками (*Enterobacter* spp. — 34,2 %, *Escherichia coli* — 28,3 %), так і небезпечними патогенними — *Salmonella* spp. у різні роки становили від 0,5 до 3,7 % випадків від загальної кількості бактерій та була ізольована від гуски сірої (*Anser anser*) у 2017 р. (с. Приморське, Татарбунарський р-н, Одеська обл.) та крякви (*Anas platyrhynchos*) у 2018 р. (с. Олексіївка, Генічеський р-н, Херсонська обл.) (табл. 4).

Таблиця 4 — Бактеріальні культури кишкової групи (Enterobacteriaceae), ізольовані від диких та синатропних птахів (2017–2020 рр.)

Найменування культур	Частка від загальної кількості культур ентеробактерій, %				
	2017 р.	2018 р.	2019 р.	2020 р.	у середньому за чотири роки, %
<i>Enterobacter</i> (<i>E. agglomerans</i> , <i>E. dissolvens</i> , <i>E. cancerogenus</i> , <i>E. sakazakii</i> , <i>E. intermedius</i> , <i>E. aerogenes</i> , <i>E. asburiae</i>)	21	20	47,4	26,6	34,2
<i>Citrobacter</i> (<i>C. freundii</i> , <i>C. diversus</i>)	18,5	26,7	2,3	6,7	16,1
<i>Proteus</i> (<i>P. mirabilis</i> , <i>P. vulgaris</i>)	17,5	22,2	12,9	–	15,5
<i>Providencia</i> (<i>P. stuartii</i> , <i>P. rettgeri</i>)	–	2,2	1,2	–	1,0
<i>Escherichia</i> (<i>E. coli</i> , <i>E. fergusonii</i>)	12,5	20,0	31,0	33,4	28,3
<i>Serratia</i> (<i>S. marcescens</i> , <i>S. entomophila</i>)	3,5	–	5,8	–	2,3
<i>Morganella</i>	3,0	–	–	–	0,9
<i>Edwardsiella</i>	2,0	–	–	–	0,6
<i>Salmonella</i>	1,5	2,2	–	–	1,1

При дослідженні кормів та їхніх складових із дослідженої кількості 110 проб не відповідало наказу МінАППУ № 131 від 19.03.2012 р. зі змінами № 550 від 11.10.2017 за наявністю сульфідредуючих клостридій у 14,9 % випадків, за загальною бактеріальною забрудненістю — у 54,4 % та загальною кількістю ентеробактерій — у 30,7 %, а такий з показників, як загальна мікробна забрудненість зростає влітку в декілька разів, що може вказувати на незадовільне зберігання їхніх складових.

Основними контамінантами виступали наступні бактерії: *Enterobacter* spp. (виявлена у 41,31 % досліджених кормів), *Escherichia coli* (6,3 %), *Citrobacter* spp. (11,2 %) та сульфідредуючі *Clostridium* spp. (16,9 %) (табл. 5).

Таблиця 5 — Бактеріальні культури, ізольовані з комбікормів для годівлі птиці (2017–2020 рр.)

Бактеріальні культури	Частка від загальної кількості культур, %				
	2017 р.	2018 р.	2019 р.	2020 р.	у середньому за чотири роки, %
<i>Escherichia coli</i>	7,3	18,1	–	–	6,3
<i>Citrobacter</i> spp.	23,6	18,6	2,6	–	11,2
<i>Enterobacter</i> spp.	–	41,3	69,7	54,3	41,31
<i>Proteus</i> spp.	–	2,7	6,7	–	2,4
<i>Clostridium</i> spp.	39,5	19,3	6,7	2,2	16,9
<i>Staphylococcus</i> spp.	–	–	–	6,5	1,6
<i>Bacillus</i> spp.	–	–	1,3	23,9	6,3
<i>Kluyevera</i> spp.	–	–	2,6	6,5	2,3
<i>Serratia</i> spp.	–	–	10,5	2,2	3,2
<i>Providencia</i> spp.	–	–	–	4,4	1,1
інші представники	29,6	–	–	–	7,4

Ми вважаємо дуже важливим той факт, що ріст бактерій з роду *Clostridium* spp. був відмічений навіть при дослідженні проб кормів, ступінь бактеріальної забрудненості яких була

низькою та дуже низькою, що може вказувати на те, що режими технічної обробки (екструдювання, гранулювання) під час первинної підготовки комбікормів не дозволяють знищити спори збудників клостридіозів. Також необхідно додати, що дані аналізу біологічних властивостей ізолятів, виділених від хворої птиці та кормів у птахогосподарствах свідчать про те, що дуже часто джерелом вторинної контамінації кормів на складах стає послід хворої птиці, частки якого можуть потрапляти до комбікормів через недотримання співробітниками птахогосподарств санітарних норм.

Таким чином, проведений моніторинг щодо бактеріальних збудників серед сільськогосподарської і дикої птиці, а також комбікормів показав циркуляцію широкого спектру бактеріальних патогенів. Навіть дотримання ветеринарно-санітарних вимог не дає можливості повністю позбавитись від патогенних агентів, тому постійний моніторинг щодо розповсюдження збудників бактеріальних інфекцій серед сільськогосподарської, дикої та синантропної птиці є вкрай необхідним. Данні моніторингу дозволяють прогнозувати подальше ускладнення епізоотичної ситуації щодо небезпечних бактеріальних патогенів у разі відсутності належного контролю на усіх етапах.

Висновки. 1. Аналіз епізоотичної ситуації у птахогосподарствах України за 2016–2020 рр. свідчить про те, що серед бактеріальних інфекцій переважають ентеробактеріози (73,49 %), серед яких є потенційно зоонозні бактерії, а саме сальмонели.

2. Збудників сальмонельозів у різні роки ізолювали у 0,5–3,7 % випадків від загальної кількості мікроорганізмів з родини *Enterobacteriaceae*, що свідчить про постійну циркуляцію їх серед сільськогосподарського птахопоголів'я.

3. У порівнянні з попередніми роками встановлено збільшення частки умовно-патогенних бактерій з родини *Enterobacteriaceae*, зокрема мікроорганізмів роду *Escherichia* spp., які виділяли у 38,9 % випадків, *Enterobacter* spp. — 26,6 %, *Citrobacter* spp. — 13,0 %, *Proteus* spp. — 10,5 % та інші — 11 %, що також призводить до збільшення ролі умовно-патогенних мікроорганізмів з родини *Enterobacteriaceae* у розвитку патогенного процесу при утворенні асоціацій.

4. Ступінь інфікованості сільськогосподарської птиці представниками родин *Clostridiaceae*, *Mycoplasmataceae*, *Staphylococcaceae*, *Pseudomonadaceae*, *Bacillaceae* та грибової флори не є значним — від 1,5 до 5,9 %.

5. У диких птахів домінантними також були умовно-патогенні мікроорганізми з родини *Enterobacteriaceae*, які ізолювали у 62–100 % від загальної кількості виділених бактеріальних патогенів. Ступінь інфікованості дикої птиці мікроорганізмами з родин *Corynebacteriaceae*, *Alcaligenaceae*, *Moraxellaceae*, *Enterococcaceae*, *Pseudomonadaceae*, *Clostridiaceae* становила від 0,1 до 5,2 %.

6. Від дикої птиці мікроорганізми роду *Escherichia* spp. ізолювали у 28,3% випадків, *Salmonella* spp. — 1,1 %, *Enterobacter* spp. — 34,2 %, *Citrobacter* spp. — 16,1 %, *Proteus* spp. — 15,5 %, *Serratia* spp. — 2,3 %, *Morganella* spp. — 0,9 %, *Edwardsiella* spp. — 0,6 %.

7. Корми для птиці та їхні компоненти не відповідали існуючим вимогам у 59 % випадків. У 14,9 % випадків у кормах встановлено наявність сульфитредукуючих клостридій, у 54,4 % — перевищення загальної бактеріальної забрудненості та у 30,7 % — перевищення загальної кількості ентеробактерій. Зберігається тенденція до збільшення кількості випадків виділення з кормів та компонентів для їх виготовлення бактерій з родини *Enterobacteriaceae* (72,7 %) по відношенню до інших бактерій.

8. Основними контамінантами кормів та їхніх складових були мікроорганізми роду *Enterobacter* spp. — 43,6 %, *Clostridium* spp. — 19,0 %, *Citrobacter* spp. — 11,8 %, *Escherichia* spp. — 7,9 %, *Bacillus* spp. — 6,6 %. Згодовування кормів, контамінованих навіть умовно-патогенними мікроорганізмами, може призводити до захворювання птиці, її загибелі та зниженню якості птахівничої продукції.

9. Для прогнозування епізоотичної ситуації необхідно належним чином контролювати циркуляцію збудників бактеріальних захворювань, у тому числі серед дикої птиці. Скринінгові дослідження щодо контамінації кормів для годівлі птиці також необхідно проводити постійно. Таким чином, проведення епізоотологічного моніторингу надає можливість визначити епізоотичну ситуацію щодо бактеріальних захворювань та проводити своєчасне контролювання та управління перебігом інфекційного процесу серед птахопоголів'я.

Перспективи подальших досліджень. Представлені результати досліджень є початковою ланкою з визначення у бактеріальних патогенів механізмів набуття резистентності до антибактеріальних препаратів серед домашніх і диких птахів.

Список літератури

1. Antunes P., Mourão J., Campos J., Peixe L. Salmonellosis: the role of poultry meat. *Clinical Microbiology and Infection*. 2016. Vol. 22, iss. 2. P. 110–121. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.12.004>.
2. Matthew O., Chiamaka R., Chidinma O. Microbial analysis of poultry feeds produced in Songhai Farms, Rivers State, Nigeria. *Journal of Microbiology and Experimentation*. 2017. Vol. 4, iss. 2. P. 00110. DOI: <https://doi.org/10.15406/jmen.2017.04.00110>.
3. Sultana N., Haque M. A., Rahman M. M., Akter M., Begum M. D., Fakhruzzaman M., Akter Y., Amin M. N. Microbiological quality of commercially available poultry feeds sold in Bangladesh. *Asian Journal of Medical and Biological Research*. 2003. Vol. 3, iss. 1. P. 52–60. DOI: <https://doi.org/10.3329/ajmbr.v3i1.32036>.
4. Reed K. D., Meece J. K., Henkel J. S., Shukla S. K. Birds, migration and emerging zoonoses: West Nile virus, Lyme disease, Influenza A and enteropathogens. *Clinical Medicine and Research*. 2003. Vol. 1, iss. 1. P. 5–12. DOI: <https://doi.org/10.3121/cm.1.1.5>.
5. ДСТУ 4769:2007. Бактеріологічне дослідження патологічного матеріалу від тварин. Методи виявлення сальмонел: чинний від 2009-01-01. Київ: Держспоживстандарт України, 2009. 31 с.
6. Определитель бактерий Берджи: в 2 тт. / под ред. Дж. Хулта и др. Москва: Мир, 1997. 432 с.
7. Стандартна операційна процедура МС-03-2014 «Прискорена індикація патогенних ентеробактерій в біологічному матеріалі, кормах та об'єктах зовнішнього середовища».
8. Стандартна операційна процедура МС-02-2014 «Визначення мікробіологічних та мікологічних забруднювачів (контамінантів) у кормах та кормовій сировини для тварин».

MONITORING OF BACTERIAL DISEASES OF POULTRY AND WILD BIRDS IN 2016–2020 IN UKRAINE, FORECASTING THE EPIZOOTIC SITUATION

Maiboroda O. V., Yechkenko R. V., Rula O. M., Stegnyy B. T., Muzyka D. V.

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

The article presents the generalized results of bacteriological research of biological material from poultry and wild birds, compound feeds and their components for poultry feeding. Epizootological monitoring of the circulation of pathogens of bacterial diseases of poultry and bacteriological studies have been conducted during 2016–2020. A wide range of pathogens of bacterial infections has been established in poultry. Opportunistic microorganisms from the family Enterobacteriaceae isolated from poultry were dominant, they were isolated in 73.4% of cases. Infection of birds with pathogens of the family Clostridiaceae, Staphylococcaceae, Pseudomonadaceae, Bacillaceae and fungal flora was not significant (from 1.5 to 8.3%). The causative agents of salmonellosis in different years ranged from 0.5 to 3.7% of the total number of bacteria from the family Enterobacteriaceae. Escherichia coli was isolated in 38.9% of cases, microorganisms of the genus Enterobacter spp. — 26.6%; Citrobacter spp. — 13.0%; Proteus spp. — 10.5%. In wild birds, as in previous years, pathogens from the family Enterobacteriaceae, which ranged from 62 to 100% of the total number of isolated bacterial pathogens, were the dominant. Microorganisms of the genus Escherichia spp. were isolated in 28.3% of cases, Salmonella spp. — 1.1%, Enterobacter spp. — 34.2%, Citrobacter spp. — 16.1%, Proteus spp. — 15.5%, Serratia spp. — 2.3%, Morganella spp. — 0.9%, Edwardsiella spp. — 0.6%. According to the results of bacteriological studies of compound feeds and their components, it has been found that 59% (110 samples) did not meet the criteria of quality and safety, which are given in the Order of the Ministry of Agrarian Policy and Food of Ukraine No. 131 of 19.03.2012. Thus, compound feeds did not meet the standards by the presence of sulfite-reducing clostridia in 14.9% of cases, by total bacterial contamination — in 54.4% of cases and by exceeding the total number of enterobacteria — in 30.7% of cases. The main bacterial contaminants of compound feeds were opportunistic pathogens from the family Enterobacteriaceae (72.7%), Clostridiaceae (19.0%) and Bacillaceae (6.6%)

Keywords: Enterobacteriaceae, Salmonella, feed contamination