

УДК 619:579.27:636.4

<https://doi.org/10.47612/2224-168X-2022-2-19-22>

Красникова Е.Л., научный сотрудник

Мальчик О.В., научный сотрудник

Мистейко М.М., кандидат ветеринарных наук, доцент

Садовский А.Л., ветеринарный врач-консультант

РУП «Институт экспериментальной ветеринарии им. С.Н. Вышелесского», г. Минск

ПОЛИМИКРОБНЫЕ И ПОЛИВИРУСНЫЕ АССОЦИАЦИИ У СВИНЕЙ РАЗНОГО ВОЗРАСТА С ПРИЗНАКАМИ РЕСПИРАТОРНОЙ ПАТОЛОГИИ НА ПРИМЕРЕ НЕСКОЛЬКИХ СВИНОКОМПЛЕКСОВ НА 24 ТЫСЯЧИ ГОЛОВ

Резюме

В статье приведены данные по изучению вирусно-бактериального профиля у свиней разного возраста в хозяйствах Республики Беларусь. Установлено, что максимальное количество возбудителей КРЗС в большинстве хозяйств выделяется в возрасте 60–80 дней, бактериальная патология накапливается постепенно и, как правило, является вторичной инфекцией (исключение ИАР).

Вирусно-бактериальный профиль зависит от эпизоотической ситуации в хозяйстве. Наиболее полный перечень возбудителей КРЗС (11 из 13) наблюдался в хозяйстве № 4. Первичное выявление в пробах 60–80-дневных поросят генома-возбудителя АПП говорит о более позднем его инфицировании по сравнению с возбудителями гемофиллеза и ИАР. Заражение возбудителем ИАР предположительно происходит в послеродовой период до 40 дней.

Ключевые слова: комплекс респираторных заболеваний свиней, диагностика, свиньи, респираторные инфекции, полимеразная цепная реакция, вирусные инфекции, бактериальные инфекции, геном, ДНК, РНК.

Summary

The article presents data on the study of the viral-bacterial profile in pigs of different ages in the farms of the Republic of Belarus. It has been established that the maximum number of PRDC pathogens in most households is isolated at the age of 60–80 days, bacterial pathology accumulates gradually and, as a rule, is a secondary infection (with the exception of IAR).

The viral and bacterial profile depends on the epizootic situation in the farm, the most complete list of CRPC pathogens (11 out of 13) was observed in farm No. 4. Primary detection in samples of 60–80 day old piglets of the APP pathogen genome indicates its later infection compared to hemophiliasis pathogens and IAR. Infection with the causative agent of IAR presumably occurs in the post-weaning period up to 40 days.

Keywords: complex of porcine respiratory diseases, diagnostics, pigs, respiratory infections, polymerase chain reaction, viral infections, bacterial infections, genome, DNA, RNA.

Поступила в редакцию 11.10.2022 г.

ВВЕДЕНИЕ

В последние 3–5 лет респираторная патология в свиноводческих хозяйствах многих стран мира оценивается не как моноинфекционная причина, а как многофакторная нозологическая единица, получившая название «комплекс респираторных болезней свиней» (КРБС, КРЗС, PRDC). Имея сложное происхождение, включающее инфекционные и неинфекционные агенты, КРЗС чаще всего наблюдается у свиней в возрасте от 1 до 3 месяцев [1, 2].

Мнение о первичности и вторичности инфекционного и неинфекционного начал разделяются в научной среде. Считается, что возникновение респираторной

патологии на фермах поросят может быть связано с первоначальным стрессом транспортировки поросят на фермы, после которого первичное вирусное поражение вызывает вторичную инфекцию бактерий, обитающих у этих животных [1, 2, 3]. Следовательно, основываясь на их способности повреждать эпителий верхних дыхательных путей, травмировать паренхиму легкого и способствовать вторичной бактериальной колонизации, первичные вирусные патогены способны влиять на развитие и исход PRDC [3].

Нами ранее было установлено, что основными патогенами, вызывающими КРЗС в хозяйствах Республики Беларусь,

являются вирус репродуктивно-респираторного синдрома свиней (РРСС), цирковирус второго типа, а также *Haemophilus parasuis* (HPS), *Streptococcus suis* (SS) и *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP) *Bordetella bronchiseptica* (ИАР) [4, 5].

Нашей целью было установить ассоциации встречающихся инфекционных агентов у поросят разного возраста и сравнить их в рамках отдельных свиноводческих хозяйств.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Нами в 2018–2019 гг. проведены исследования патологического материала из 6 хозяйств Минской области Республики Беларусь, каждому из которых присвоены номера от 1 до 6.

Патологический материал (кусочки легких, печени, почек, селезенки, а также лимфатические узлы) отбирались от поросят 6 различных возрастных групп. В каждой группе отбор патологического материала осуществлялся от 5 голов свиней с признаками респираторной патологии. Всего в исследовании участвовало 180 животных.

ДНК и РНК из патологического материала выделяли набором «Рибосорб» (фирмы «Амплиценс», Россия) согласно инструкции. Количество и чистоту выделенной суммарной ДНК/РНК определяли на приборе «Nanodrop».

Исследования проводили методом полимеразной цепной реакции в режиме

реального времени. Объем реакционной смеси – 25 мкл. Объем исследуемой РНК – 5 мкл, объем исследуемой ДНК – 2 мкл. Для амплификации использовали следующие программы:

- ДНК 94 °С – 3 минуты, затем 40 повторяющихся циклов 94 °С – 30 секунд, 55 °С – 30 секунд, 72 °С – 15 секунд.

- РНК 42 °С – 45 минут, 3 минуты, затем 40 повторяющихся циклов 94 °С – 30 секунд, 55 °С – 30 секунд, 72 °С – 15 секунд.

В работе использовали созданные, либо тестируемые наборы РУП «Институт экспериментальной ветеринарии им. С.Н. Вышелесского». Исследования проводились с целью обнаружения генома 7 бактериальных (*Haemophilus parasuis* (HPS, гемофиллез), *Streptococcus suis* (SS, стрептококкоз) и *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP, актинобациллярная плевропневмония) *Bordetella bronchiseptica* (ИАР инфекционный атрофический ринит), *Pasteurella multocida* (пастереллез), *Chlamydia* (хламидиоз), сальмонеллез и 6 вирусных патогенов (РРСС, цирковирус второго типа, парвовирус свиней, вирус болезни Ауески, трансмиссивный гастроэнтерит, классическая чума свиней (КЧС)).

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Результаты наших исследований отражены на рисунке.

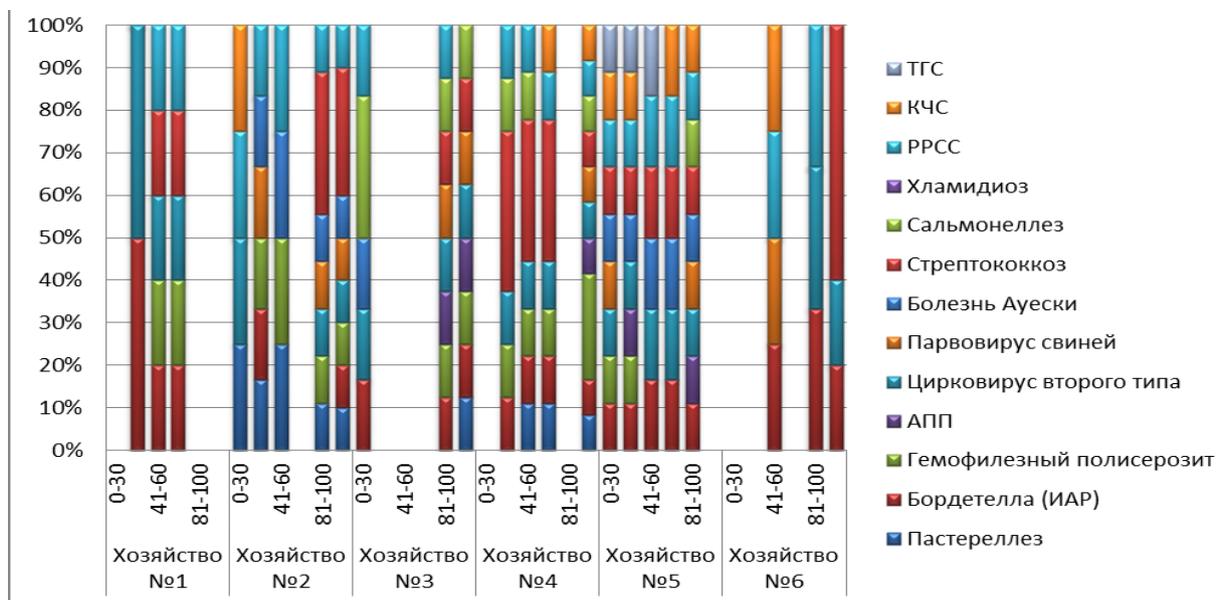


Рисунок. – Вирусно-бактериальный профиль, выявленный методом ПЦР в шести свиноводческих хозяйствах у животных разного возраста

Как видно из рисунка, у свиней возрастной группы 0–30 дней наблюдалось минимальное число патогенов:

- в двух хозяйствах (33 %) выделялся геном возбудителя инфекционного атрофического ринита;

- в трех (50 %) – геном цирковируса второго типа и РРСС;

- в одном (16,6 %) – геном возбудителей стрептококкоза, сальмонеллеза и ТГС.

У свиней возрастной группы 30–40 дней:

- в четырех хозяйствах (66 %) – геном возбудителя инфекционного атрофического ринита;

- в трех хозяйствах (50 %) – геномы гемофиллезного полисерозита, цирковируса второго типа, стрептококкоза и РРСС;

- в двух свинокомплексах (33 %) – ТГС;

- в одном (16,6 %) – сальмонеллеза.

Примечательно, что в хозяйствах, из которых отбирались пробы в интервале 0–30 и 30–40 дней, видовой состав выделяемых патогенов несколько изменился. Так, во втором хозяйстве кроме вируса РРСС выявлены возбудители ИАР и гемофиллезного полисерозита. А в пятом хозяйстве к ранее выявленным антигенам добавился возбудитель ИАР, что может быть связано с переводом животных из одной группы в другую (отъем).

У свиней возрастной группы 40–60 дней нами выделен геном следующих возбудителей:

- в трех хозяйствах (50 %) – геном инфекционного атрофического ринита, гемофиллезного полисерозита, цирковируса второго типа, РРСС;

- на двух свинокомплексах (33 %) – ТГС и стрептококк;

- в одном хозяйстве (16,6 %) – геном сальмонеллеза в сочетании с ТГС.

У свиней возрастной группы 60–80 дней:

- в четырех хозяйствах (66 %) выявлен геном возбудителя инфекционного атрофического ринита и РРСС;

- в двух хозяйствах (33 %) – геном возбудителей гемофиллезного полисерозита и стрептококкоза;

- в одном хозяйстве (16,6 %) – геномы возбудителей актинобактериальной пневмонии и парвовируса.

В первом хозяйстве наблюдается наиболее полный набор возбудителей КРЗС (геном возбудителей АПП, гемофиллезного полисерозита, инфекционного атрофического ринита, цирковируса второго типа, РРСС).

В пятом хозяйстве сочетание выявленного генома возбудителя парвовируса свиней и РРСС может быть маркером, предполагающим наличие в хозяйствах репродуктивной патологии, вызываемой этими агентами.

У свиней возрастной группы 80–100 дней:

- в четырех хозяйствах (66 %) – геном возбудителя цирковируса второго типа, стрептококкоза;

- в трех хозяйствах (50 %) – геном гемофиллезного полисерозита и РРСС, инфекционного атрофического ринита, АПП.

В первом и четвертом хозяйствах наблюдается сочетанная вирусно-бактериальная респираторная патология (геномы возбудителей АПП, гемофиллезного полисерозита, инфекционного атрофического ринита, цирковируса второго типа, РРСС).

Кроме того, в четвертом хозяйстве выявляются геномы возбудителей вирусных инфекций, вызывающих не только респираторную, но и репродуктивную патологию (цирковирус второго типа, РРСС, парвовирус свиней).

У свиней возрастной группы 100–120 дней выявлен геном следующих возбудителей:

- в трех хозяйствах – геном возбудителя инфекционного атрофического ринита, цирковируса второго типа, РРСС;

- на двух комплексах – геномы гемофиллезного полисерозита, стрептококкоза и парвовируса;

- в одном хозяйстве – АПП.

В четвертом хозяйстве установлено вирусно-бактериальное постоянство, начиная с 80-дневного возраста.

Исследование проб от свиней в возрасте более 120 дней проводилось только из третьего и шестого хозяйств, где нами установлен устойчивый вирусно-бактериальный статус ранее выделенных инфекционных агентов.

В третьем хозяйстве, кроме ранее обнаруженного генома возбудителей вирусно-бактериальной патологии, выявлял-

ся геном возбудителей сальмонеллеза и стрептококкоза. В шестом хозяйстве выделялся геном возбудителей инфекционного атрофического ринита, цирковируса второго типа и стрептококкоза.

Анализ выделяемости генома возбудителей указывает на то, что количество генома цирковируса второго типа увеличивается к 80–120-дневному возрасту и в промежутке 31–40 дней. Это может вызывать симптоматику и патологоанатомическую картину, характерную для цирковиральной инфекции.

Только во втором хозяйстве наблюдалась стойкая персистенция возбудителя пастереллеза у всех возрастных групп.

Во всех хозяйствах присутствует инфицирование возбудителем ИАР, причем, исходя из полученных данных, можно говорить о заражении данным возбудителем в период до 40 дней, затем длительной персистенции без видимых клинических признаков, возможно, на фоне применения антимикробных препаратов с положительными результатами в ПЦР уже в возрасте более 100 дней с характерной клинической картиной, о чем свидетельствуют дополнительные анамнестические данные, полученные в ходе проведения исследований.

В шестом хозяйстве не выявлен возбудитель гемофиллезного полисерозита. В свою очередь, в пятом хозяйстве геном возбудителя выявлялся только из проб, полученных от свиней в возрасте 31–40 дней в виде смешанной инфекции с АПП.

В двух хозяйствах персистенция возбудителя АПП не обнаруживалась, тогда как геном возбудителя АПП в хозяй-

ствах № 3 и № 4 обнаруживался только у свиней откормочного возраста и тоже в сочетании с геномом возбудителя гемофиллезного полисерозита.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Максимальное количество возбудителей КРЗС в большинстве хозяйств выделяется в возрасте 60–80 дней, бактериальная патология наслаивается постепенно и, как правило, является вторичной инфекцией (исключение ИАР).

Вирусно-бактериальный профиль зависит от эпизоотологической ситуации в хозяйстве, наиболее полный перечень возбудителей КРЗС (11 из 13) наблюдался в четвертом хозяйстве.

Первичное выявление в пробах 60–80-дневных поросят генома возбудителя АПП говорит о более позднем его инфицировании по сравнению с возбудителями гемофиллеза и ИАР.

Заражение возбудителем ИАР предположительно происходит в послеотъемный период до 40 дней.

Исходя из полученных результатов можно предположить, что в данных хозяйствах первичными патогенами являются возбудители РРСС, цирковируса второго типа и ИАР. В хозяйствах наблюдается сочетанная вирусно-бактериальная респираторная патология (выделены геномы возбудителей АПП, гемофиллезного полисерозита, инфекционного атрофического ринита, цирковируса второго типа РРСС). Бактериальные патогены являются факторами, осложняющими течение респираторной патологии свиней и усугубляющими поражения со стороны дыхательной системы.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Co-infection analysis of bacterial and viral respiratory pathogens from clinically healthy swine in Eastern China* / H. Zhu [et al.] // *Veterinary medicine and science*. – 2021. – 7(5). – P. 1815–1819.
2. *The Role of Pathology in the Diagnosis of Swine Respiratory Disease* / G. Sarli [et al.] // *Veterinary sciences*. – 2021. – 8 (11). – P. 256.
3. *Полимикробная респираторная болезнь у свиней* / Т. Оприессниг [et al.] // *Здоровье Res.* – 2011. – Rev. 12. – С. 133–148.
4. *Эффективность трех систем выделения для диагностики возбудителей PRDC-комплекса* / Е. Л. Красникова [и др.] // *Эпизоотология Иммунобиология Фармакология Санитария*. – 2022. – № 1. – С. 56–61.
5. *Красникова, Е. Л. Молекулярно-генетическая детекция Actinobacillus pleuropneumoniae и Haemophilus parasuis* / Е. Л. Красникова [и др.] // *Эпизоотология Иммунобиология Фармакология Санитария*. – 2022. – № 1. – С. 61–67.