

СЛУЧАЙ ВЫЯВЛЕНИЯ ВИРУСА ИНФЕКЦИОННОГО ЛАРИНГОТРАХЕИТА У ПАВЛИНА

А.А. Козлов¹, Н.С. Мудрак², И.А. Чвала³

¹ аспирант, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, e-mail: a.mr.seven@mail.ru

² главный научный сотрудник, доктор биологических наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир

³ заведующий лабораторией, кандидат ветеринарных наук, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир

РЕЗЮМЕ

Представлены данные лабораторных исследований по обнаружению вируса инфекционного ларинготрахеита в биоматериале павлина и его идентификации. Показан высокий уровень сходства по анализируемому участку генома (99,5%) с вакцинными штаммами «0» (ФГБУ «ВНИИЗЖ») и Serva (Nobilis ILT), которые применяются в промышленном птицеводстве на территории Владимирской области.

Ключевые слова: вирус инфекционного ларинготрахеита, павлин, полимеразная цепная реакция, филогенетический анализ.

UDC 619:616.98:578.825.1:616-076:636.595

DETECTION OF INFECTIOUS LARYNGOTRACHEITIS VIRUS IN A PEACOCK

A.A. Kozlov¹, N.S. Mudrak², I.A. Chvala³

¹ PhD student, FGBI «ARRIAH», Vladimir, e-mail: a.mr.seven@mail.ru

² Leading Researcher, Doctor of Science (Biology), FGBI «ARRIAH», Vladimir

³ Head of the Laboratory, Candidate of Science (Veterinary Medicine), FGBI «ARRIAH», Vladimir

SUMMARY

The paper presents data on laboratory tests for infectious laryngotracheitis virus detection in peacock biomaterial and its identification. High level of similarity with vaccine strains «0» (FGBI «ARRIAH») and Serva (Nobilis ILT) used in poultry production in Vladimir oblast in analyzed genome section (99,5%) was demonstrated.

Key words: infectious laryngotracheitis virus, peacock, polymerase chain reaction, phylogenetic analysis.

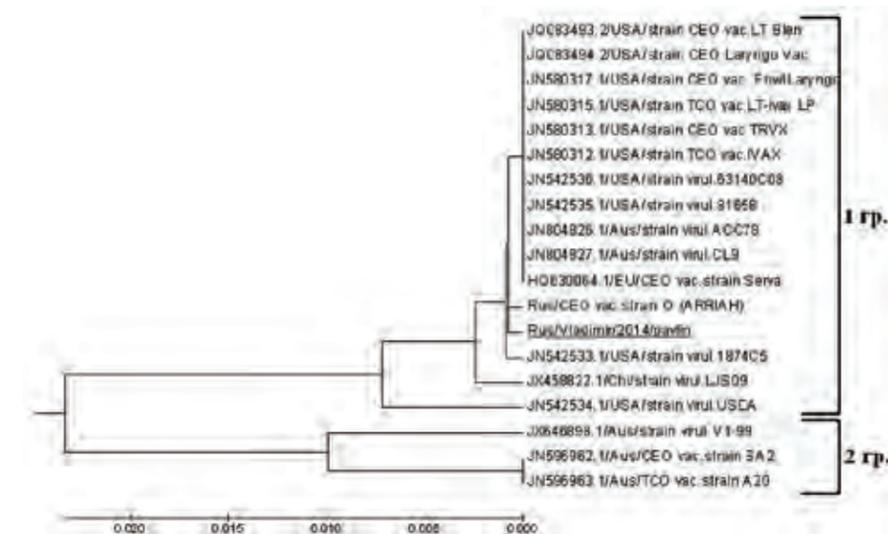
ВВЕДЕНИЕ

Инфекционный ларинготрахеит (ИЛТ) — вирусное высококонтагиозное респираторное заболевание кур, индеек, фазанов и павлинов. Возбудителем является ДНК-содержащий вирус семейства *Herpesviridae*, подсемейства *Alphaherpesvirinae*, таксономически идентифицируется как *Gallid herpesvirus 1* (GaHV-1). Клиническая и патологоанатомическая картина заболевания наиболее изучена у кур. У инфицированных особей поражения могут быть обнаружены в конъюнктиве и в дыхательных путях, в особенности в гортани и трахее, сопровождаясь повышенным количеством слизи и кровотечением. При лёгкой форме ларинготрахеита клиническими симптомами являются: конъюнктивит, синусит или мукоидный трахеит. При острой форме заболевания в трахее могут наблюдаться сгустки крови или кровь может смешиваться со слизью и отмершими тканями, формируя казеозные образования, приводящие к закупорке трахеального просвета и асфиксии птицы. Острые формы инфекции приводят к высокой заболеваемости (90–100%), уровень смертности составляет от 5 до 70%. Заболеваемость при лёгких формах составляет менее 5%, а уровень смертности очень низок, в пределах 0,1–2% [2]. Клинические признаки и поражения, характерные для ИЛТ у кур, наблюдаются и у других восприимчивых птиц, таких как фазаны и павлины. Случаи инфицирования этих видов птиц, подтверждающие их восприимчивость, описаны крайне редко [5, 7].

Экономический ущерб при данной болезни складывается из потерь в результате гибели большой птицы, вынужденного убоя, снижения яйценоскости и привесов птиц, затрат на мероприятия по ликвидации заболевания [3].

Обнаружение очага инфекции позволяет своевременно провести комплекс ветеринарно-санитарных мероприятий и минимизировать экономический ущерб, однако установить источник инфекции удаётся не всегда. Актуальным для эпизоотологии остаётся вопрос восприимчивости к ИЛТ различных видов сельскохозяйственных, синантропных и диких птиц.

Рис. Дендрограмма, отражающая филогенетическое сродство штаммов вируса ИЛТ по участку нетранслируемой области гена ICP4



МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Выделение ДНК из биоматериала павлина (г. Гусь-Хрустальный Владимирской области) проводили с помощью набора «РИБО-сорб» (ИнтерЛабСервис, Россия).

Для выявления генома вируса ИЛТ проводили полимеразную цепную реакцию в режиме реального времени (ПЦР-РВ) согласно методике Callison S.A. и соавторов [6].

Для определения филогенетической принадлежности выявленного вируса ИЛТ проводили амплификацию участка, находящегося в нетранслируемой области гена ICP4, согласно методике [1, 4].

Секвенирование участка ДНК вируса осуществляли с помощью автоматического секвенатора ABI Prism 3130 (Applied Biosystems, США). В программе BioEdit были построены выравнивания нуклеотидных последовательностей анализируемого участка относительно геномов штаммов вируса ИЛТ, представленных в базе данных GenBank. С помощью программы MEGA 3.1, алгоритм построения UPGMA, были получены дендрограммы, отражающие генетическое сродство анализируемых последовательностей.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В феврале 2014 г. в референтную лабораторию вирусных болезней птиц ФГБУ «ВНИИЗЖ» поступил труп погибшего павлина из частного сектора г. Гусь-Хрустальный Владимирской области.

В результате патологоанатомического исследования были обнаружены кровоизлияния в гортани и трахее с наличием плотных сгустков экссудата с кровью. Гибель павлина, предположительно, произошла вследствие асфиксии.

В результате анализа методом ПЦР-РВ в патологическом материале был выявлен геном вируса ИЛТ. Проверка данным методом на контаминацию показала отсутствие геномов других вирусных агентов, вызывающих респираторный симптомокомплекс у птиц, а также микоплазмы. Выделить вирус методом культивирования в эмбрионах СПФ-кур не удалось.

Случаи инфицирования павлинов были описаны ранее. Так, Винтефилд и Соу описали выделение вируса ИЛТ из трахеи павлина в 1968 г. [7]. Крошо и Бойкот описали случай гибели фазанов и павлинов от ИЛТ

и развитие клинических признаков, характерных для данного заболевания, у других птиц в зоологическом саду в Виннипеге, Канада (1982 г.) [5]. У погибших павлинов, как и у фазанов, было обнаружено утолщение слизистой оболочки трахеи и наличие толстых экссудативных пробок в нижней части трахеи и бронхах. Клинически у павлинов и фазанов наблюдали угнетённое состояние, конъюнктивит, синусит, носовые истечения и затруднённое дыхание. Патогенных бактерий у павших птиц обнаружено не было [5].

По результатам филогенетического анализа фрагмента нетранслируемой области гена ICP4 (рисунок) был сделан вывод, что выявленный у павлина вирус ИЛТ входит в первую филогенетическую группу, в которую включены основные вакцинные штаммы Cover (CEO вакцина LaryngoVac), Hadson (CEO вакцины TRVX и LT Blen), Serva (Nobilis ILT), производство США и Европы. Отечественный вакцинный штамм «О» ФГБУ «ВНИИЗЖ» (ILTV/Rus/CEO vac. strain O (ARRIAH)) также входит в данную группу.

Уровень нуклеотидного сходства с вакцинными штаммами «О» (ФГБУ «ВНИИЗЖ») и Serva (Nobilis ILT), применяющимися на территории Владимирской области, составил 99,5%. Нуклеотидное сходство по данному участку между указанными филогенетическими группами (рисунок) в среднем составляет 93,7%.

Как показывают ранее проведённые исследования, изоляты вируса ИЛТ, входящие в первую филогенетическую группу, имеют наибольшее распространение на территории РФ. Анализ нуклеотидной последовательности использованного участка генома не позволяет провести более глубокую дифференциацию выявленного вируса. В связи с большой длиной генома вируса ИЛТ и высокой степенью его консервативности наиболее детальный филогенетический анализ возможен при использовании нуклеотидной последовательности всего генома вируса. В данном случае это весьма затруднено из-за отрицательных результатов культивирования вируса в эмбрионах СПФ-кур, так как для технологии пиросеквенирования на этапе пробоподготовки необходим вирусный материал с высоким титром.

Обнаружение вируса ИЛТ в биоматериале павлина подтверждает возможность инфицирования не только сельскохозяйственных птиц. Особенно это касается частных подворий, где совместное содержание различных видов домашней птицы повышает возможность горизонтальной передачи вируса.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате исследования в патологическом материале от погибшего павлина был выявлен геном вируса ИЛТ. При вскрытии у павлина были обнаружены поражения, характерные для данного заболевания. Других вирусных агентов, вызывающих респираторный симптомокомплекс у птиц, а также микоплазмы в исследуемом материале обнаружено не было.

В результате филогенетического анализа фрагмента нетранслируемой области гена ICP4 было установлено родство выявленного вируса с представителями первой филогенетической группы, наиболее распространённой на территории РФ.

Показан высокий уровень сходства по анализируемому участку генома (99,5%) с вакцинными штаммами «О» (ФГБУ «ВНИИЗЖ») и Serva (Nobilis ILT), которые применяются в промышленном птицеводстве на территории Владимирской области.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Батченко Г.В. Выделение, идентификация и характеристика изолятов вирусов инфекционного бронхита кур и инфекционного ларинготрахеита птиц: дис. ... канд. биол. наук. — Владимир, 2004. — 156 с.
2. Болезни домашних и сельскохозяйственных птиц: пер. с англ. / под. ред. Б.У. Кэлнека [и др.]. — М.: Аквариумбук, 2003. — С. 608–622.
3. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных / под. ред. Д.К. Львова. — М.: Медицинское информационное агентство, 2013. — С. 1073–1076.
4. Кулаков В.Ю., Батченко Г.В., Борисов А.В. Методические рекомендации по выделению, типированию и идентификации вируса инфекционного ларинготрахеита птиц. — Владимир: ФГУ «ВНИИЗЖ», 2001. — 10 с.
5. Crawshaw G.J., Boycott B.R. Infectious laryngotracheitis in peafowl and pheasants // Avian Diseases. — 1982. — Vol. 26. — P. 397–401.
6. Development and validation of a real-time Taqman PCR assay for the detection and quantitation of infectious laryngotracheitis virus in poultry / S.A. Callison, S.M. Riblet, I. Oldoni [et al.] // J. Virol. Meth. — 2007. — Vol. 139. — P. 31–38.
7. Winter-field R.W., So I.G. Susceptibility of turkeys to infectious laryngotracheitis // Avian Diseases. — 1968. — Vol. 12. — P. 191–202.

УДК 619:616.98:579.843.95

РАЗЛИЧИЕ КОНТРОЛЯ НАД ЭПИЗОТИЧЕСКИМИ ПРОЦЕССАМИ ПАСТЕРЕЛЛЁЗА И ГЕМОРРАГИЧЕСКОЙ СЕПТИЦЕМИИ

С.И. Джупина

доктор ветеринарных наук, профессор,
Российский университет дружбы народов (РУДН), г. Москва, e-mail: dzhupina@yandex.ru

РЕЗЮМЕ

Показано, что функцию этиологического фактора пастереллёза и геморрагической септицемии выполняют различные серологические варианты бактерии *Pasteurella multocida*. Для них характерно различие резервуаров и источников, путей и механизмов передачи возбудителя инфекции, что формирует эпизоотические процессы различных экологических категорий. Соответственно контроль над эпизоотическим процессом пастереллёза реализуется удовлетворением запросов животных от условий внешней среды (сухая подстилка, удовлетворительный воздухообмен, прогулки и др.), а над эпизоотическим процессом геморрагической септицемии — вакцинацией продуктивных животных по эпизоотологическим показаниям и использованием репеллентов и инсектицидов.

Ключевые слова: серологические варианты *Pasteurella multocida*, пастереллёз, геморрагическая септицемия.

UDC 619:616.98:579.843.95

DIFFERENT TYPES OF CONTROL OVER EPIDEMIC PROCESSES OF PASTEURILLOSIS AND HAEMORRHAGIC SEPTICEMIA

S.I. Dzhupina

Doctor of Science (Veterinary Medicine), Professor,
Peoples' Friendship University of Russia (PFUR), Moscow, e-mail: dzhupina@yandex.ru

SUMMARY

It was shown that different serological variants of *Pasteurella multocida* bacteria accomplish a function of an etiological factor of pasteurellosis and haemorrhagic septicemia. They are characterized by different reservoirs and sources, routes and mechanisms of infectious agent transmission and it gives rise to epidemic processes of different ecological categories. Correspondingly, the control over pasteurellosis epidemic process is realized by satisfaction of animal needs by environmental conditions (dry bedding, satisfactory air exchange, time in the open air, etc.) and the control over haemorrhagic septicemia epidemic process is realized by vaccination of production animals according to epizootological showings and use of repellents and insecticides.

Key words: *Pasteurella multocida* serological variants, pasteurellosis, haemorrhagic septicemia