



Рис. 1. Середні титри антитіл у log₂ до збудника СЗН у РГГА у сироватках крові курей-несучок через різні терміни після вакцинації

Висновки. Здійснення систематичного контролю ефективності інактивованих вакцин проти СЗН за допомогою серологічного моніторингу птиці в РГГА дає змогу своєчасно коректувати схеми вакцинації та забезпечить стабільні економічні показники у товарних та племінних стадах курей-несучок.

Список літератури

1. Авдос'єва, І. К., Калініна, О. С., Регенчук, В. В., Мельничук, І. Л., Басараб, О. Б., & Малинівський, В. В. (2021). Методика із серологічного контролю рівня антитіл до збудника синдрому зниження несучості птиці (атаденовірусу качок А) в реакції затримки гемаглютинації (мікрометод) (методичні рекомендації). Львів: ДНДКІ ветпрепаратів та кормових добавок, ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького.

2. Авдос'єва, І. К., Калініна, О. С., Чайковська, О. І., Басараб, О. Б., Мельничук, І. Л., Верховлюк, М. М., & Бенч, О. О. (2022). Синдром зниження несучості (методичні рекомендації). Львів : ДНДКІ ветпрепаратів та кормових добавок, ЛНУВМБ імені С. З. Гжицького. 16 с.

3. Березовський, А. В., Герман, В. В., Фотіна, Т. І., & Фотіна, Г. А. (2012). Синдром зниження несучості (Egg drop syndrome – 76). Хвороби птиці. Навч. посібник. Київ : ДІА. С. 36–39.

4. Скибіцький, В. Г., Калініна, О. С., & Козловська, Г. В. (2017). Синдром зниження несучості (аденовірусна інфекція птиці, СЗН-76). Спеціальна ветеринарна вірусологія. Навч. посібник. Київ: ЦП Компринт, 103-106.

ДОСЛІДЖЕННЯ КИШКОВОЇ МІКРОФЛОРИ СВИНЕЙ

Болібрux Марія Олегівна,
аспірант

Рубленко Ірина Олександрівна,
д. вет. н., доцент

Білоцерківський національний аграрний університет
e-mail: maria7091@gmail.com

Вступ. Поява секвенування сучасного покоління різко розширила наше розуміння ролі, яку мікробіом кишечника відіграє в здоров'ї та захворюваннях людини. Враховуючи той факт, що свині є важливим джерелом білка, а також біомедичною моделлю захворювань у людей, мікробіом їх кишечника привертає все більшу увагу науковців. Кореляція між мікробіомом кишківника свиней та здоров'ям і продуктивністю тварин на критичних стадіях росту була охарактеризована в кількох дослідженнях [1–6].

Матеріали та методи. Для дослідження слугували публікації вчених.

Результати досліджень. Висока захворюваність (наприклад, діарея) і смертність під час відлучення, пов'язана з різними стресами, зниженням бар'єрної функції кишечника та посиленням патогенної інфекції, пов'язана з дисбалансом кишкового мікробіому (дисбактеріозом), що призводить до

значних втрат у свиноводстві. Модуляція мікробіому кишківника свиней за допомогою пробіотиків та/або пребіотиків для підтримки здорового мікробіому є багатообіцяючим засобом запобігання розвитку патогенів і сприяння поширенню корисних бактерій [7].

Зокрема, таксономії бактерій, такі як *Christensenellaceae*, *Oscillibacter*, *Deffluviitaleaceae incertae sedis*, *Cellulosilyticum* і *Corynebacterium*, позитивно пов'язані з ефективністю кормів [8], що є критичним для свиноводства. Нещодавні дослідження також заповнили деякі прогалини в знаннях мікробіому кишківника свиней щодо біогеографії шлунково-кишкового тракту [5], ожиріння [3], засвоєваності [4] та продуктивності росту [6].

Крім того, деякі масштабні дослідження більш глибоко досліджували мікробіом свинячого кишечника. Сяо та його колеги [8] секвенували

фекальні метабеноми 287 свиней із Франції, Данії та Китаю та ідентифікували 7,7 мільйонів ненадлишкових генів, що представляють 719 метабеномних видів. Цікаво, що 96% функціональних шляхів, знайдених у каталозі генів людини, присутні в каталозі генів мікробіома кишківника свиней, що підтверджує важливість свиней як біомедичних моделей людини [8]. Лу та ін. [9] проаналізували мікробіоми кишківника свиней при відлученні, 15 тиждень, і після тестування у понад 1000 свиней. Вони ідентифікували два енетротипи в кожній часовій точці та виявили, що енетротипи у двох пізніх точках часу були пов'язані з товщиною жиру на спині [9]. В іншому дослідженні Де Родас і його колеги [10] охарактеризували поздовжні зміни мікробіому кишківника свиней уздовж різних анатомічних ділянок протягом семи часових точок. Вони виявили, що введення твердого корму між 21 і 33 днями мало більший загальний вплив на структуру бактеріального співтовариства, ніж вік, тип твердого корму та середовище [10].

Структура та склад кишкової мікробіоти у тварин визначається багатьма факторами, такими як генетика, вік, філогенія, дієта та навколишні умови середовища під час народження [11]. Наприклад, у свавців початковий вплив мікробів виникає при пологах у родових шляхах. Спосіб пологів, вагінальний, або кесарів розтин (КС), а також харчування, яке забезпечується на ранніх етапах життя, мають значний вплив на мікробіоту кишечника. Крім того, нещодавнє дослідження мікробного складу пуповини показало, що перенесення від матері можливе і це може статися під час вагітності. Крім того, свині, народжені вагінально, мають вищу бактеріальну щільність і вищу концентрацію SCFA, включаючи ацетат, пропіонат і бутират, порівняно зі свинями, народженими за допомогою КС [12].

Поширеність Firmicutes і Bacteroidetes у фекальній бактеріальній спільноті залежить від певних порід свиней. Зокрема, у китайських свиней Цзіньхуа 70,4% фекальної бактеріальної популяції складається з Firmicutes, тоді як 14,4% - Bacteroidetes [13]. Крім того, західні породи, такі як дюрорк, йоркшир і ландрас, містять 39,6%, 42,0% і 45,6% Firmicutes і 57,0%, 51,4% і 47,6% Bacteroidetes, відповідно [14]. Співвідношення Firmicutes до Bacteroidetes змінюється зі збільшенням віку і впливає на розщеплення полісахаридів, всмоктування поживних речовин, кишкову проникність і запальну реакцію. Bacteroidetes беруть участь у розпаді вуглеводів, однак у свиней частка бактерій, що належать до цього типу, зменшується з віком, викликаючи подальше збільшення ваги. Крім того, *Prevotella* spp. становлять 26% вмісту бактерій у фекаліях 10-тижневих поросят, але лише 4% у 22-тижневих свиней. Фекальний мікробний склад безперервно змінюється, поки тварина не досягне 6-місячного віку, після чого він стабілізується [10].

Щільність і видове різноманіття мікробної популяції кишківника в різних відділах шлунково-кишкового тракту постійно змінюється в міру розвитку свиней. Склад мікробіоти також стає все більш різноманітним із просуванням корму через шлунково-кишковий тракт свиней. *Lactobacterium*, *Bifidobacterium*, *Streptococcus*, *Bacteroides*, *Clostridium perfringens* і *Escherichia coli* є основними таксонами, ідентифікованими в ШКТ свиней; однак специфічний склад змінюється з віком. Найбільш ранні колонізатори кишківника свині, від народження до 2 днів, в основному належать до родів *Escherichia*,

Clostridium, *Fusobacterium*, *Streptococcus* і *Enterococcus*. Встановлено, що 34% загальної мікробної популяції, присутньої у віці 6 годин, належить до сімейства Clostridiaceae, кількість яких скорочується до 1% через 20 днів, тоді як Enterobacteriaceae не виявляються протягом цих перших днів. Швидке та стрімке збільшення Enterobacteriaceae відбувається (приблизно через 28 днів) до 5 діб після відлучення; однак, їх кількість значно зменшуються після 11 доби [12]. Таким чином, мікробна спільнота може відрізнитися у тварин в перші два дні після народження, але починає стабілізуватися на 28 добу. У перші 5 днів після народження в мікробному співтоваристві домінують суворі аероби та факультативні анаероби, які поступово майже повністю замінюються суворими анаеробами (починаючи з 7-го до 22-го дня). Перша значна зміна мікробного різноманіття кишківника відбувається у поросят на 4–7-й день, коли кількість мікроорганізмів *Clostridium perfringens* знижується через активність IgA, успадкованого від матері. Розвиток основних елементів індукції імунної системи відбувається приблизно через 2 тижні після народження, а через 4 тижні помітні значні концентрації sIgA. Таким чином, мікробна кишкова колонізація впливає на сприйнятливості і толерантності не тільки до кишкових патогенів, але й до системних інфекційних і неінфекційних захворювань [14].

Висновки. Резидентна мікробіота шлунково-кишкового тракту є унікальною для кожного виду і постійно розвивалася протягом покоління, щоб стати більш функціональною та відповідною поточному місцевому середовищу та господарю. Його видатна роль у стимулюванні дозрівання шлунково-кишкового тракту та регуляції кишково-мозкової осі, особливо у молодих свиней, представляє можливості для розробки ефективних стратегій для підвищення витривалості тварин. Досі немає консенсусу щодо визначення збалансованої, або сприятливої мікробіоти. Незважаючи на те, що знання про взаємодію між господарем і мікробіотою постійно оновлюються, розкриваючи дуже складні сценарії. Крім того, дослідження, спрямовані на визначення факторів, що впливають на мікробіоту шлунково-кишкового тракту та їх подальшу роль у фізіології та імунитеті свиней, все ще тривають.

Список літератури

- McCormack, U. M., Curiao, T., Buzoianu, S.G., Prieto, M. L., Ryan, T., Varley, P., Crispie, F., Magowan, E., Metzler-Zebeli, B. U., Berry, D. et al. (2017). Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs. *Appl Environ Microbiol*, 2017, 83. doi: 10.1128/AEM.00380-17
- Ramayo-Caldas, Y., Mach, N., Lepage, P., Levenez, F., Denis, C., Lemonnier, G., Leplat, J.J., Billon, Y., Berri, M., Dore, J., et al. (2016). Phylogenetic network analysis applied to pig gut microbiota identifies an ecosystem structure linked with growth traits. *ISME J*, 2016, 2973-2977. doi: 10.1038/ismej.2016.77
- Yang, H., Xiang, Y., Robinson, K., Wang, J.J., Zhang, G. L., Zhao, J. C., Xiao, Y. P. (2018). Gut microbiota is a major contributor to adiposity in pigs. *Front Microbiol*, 9, 3045. doi: 10.3389/fmicb.2018.03045
- He, B. B., Bai, Y., Jiang, L. L., Wang, W., Li, T. T., Liu, P., Tao, S. Y., Zhao, J. C., Han, D. D., & Wang, J. J. (2018). Effects of oat bran on nutrient digestibility, intestinal microbiota, and inflammatory responses in the hindgut of growing Pigs. *Int J Mol Sci.*, 2018, 19. doi: 10.3390/ijms19082407

5. Xiao, Y., Kong, F., Xiang, Y., Zhou, W., Wang, J., Yang, H., Zhang, G., & Zhao, J. (2018). Comparative biogeography of the gut microbiome between Jinhua and Landrace pigs. *Sci Rep.*, 8, 5985. doi: 10.1038/s41598-018-24289-z
6. Tsai, T., Sales, M. A., Kim, H., Erf, G. F., Vo, N., Carbonero, F., van der Merwe, M., Kegley, E.B., Buddington, R., Wang, X., et al. (2018). Isolated rearing at lactation increases gut microbial diversity and post-weaning performance in pigs. *Front Microbiol.*, 9, 2889. doi: 10.3389/fmicb.2018.02889
7. Pluske, J. R., Turpin, D. L., & Kim, J.-C. (2018). Gastrointestinal tract (gut) health in the young pig. *Anim Nutr.*, 4, 187–196. doi: 10.1016/j.aninu.2017.12.004
8. Xiao, L., Estelle, J., Kiilerich, P., Ramayo-Caldas, Y., Xia, Z., Feng, Q., Liang, S., Pedersen, A. O., Kjeldsen, N. J., Liu, C., et al. (2016). A reference gene catalogue of the pig gut microbiome. *Nat Microbiol.*, 1, 16161. doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.161
9. Lu, D., Tiezzi, F., Schillebeeckx, C., McNulty, N. P., Schwab, C., Shull, C., & Maltecca, C. (2018). Host contributes to longitudinal diversity of fecal microbiota in swine selected for lean growth. *Microbiome*, 6, 4. doi: 10.1186/s40168-017-0384-1
10. De Rodas, B., Youmans, B. P., Danzeisen, J. L., Tran, H., & Johnson, T. J. (2018). Microbiome profiling of commercial pigs from farrow to finish. *Anim Sci.*, 96, 1778-1794. doi: 10.1093/jas/sky109
11. Yang, H., Xiao, Y., Wang, J., Xiang, Y., Gong, Y., Wen, X., & Li, D. (2018). Core gut microbiota in Jinhua pigs and its correlation with strain, farm and weaning age. *Journal of Microbiology*, 56(5), 346-355. doi: 10.1007/s12275-018-7486-8.
12. Pajarillo, E. A. B., Chae, J. P., Balolong, M. P., Kim, H. B., Seo, K.-S., & Kang, D.-K. (2014). Pyrosequencing-based analysis of fecal microbial communities in three purebred pig lines. *Journal of Microbiology*, 52(8), 646–651. doi: 10.1007/s12275-014-4270-2
13. Han, G. G., Lee, J.-Y., Jin, G.-D., Park, J., Choi, Y. H., Kang, S.-K., Chae, B. J., Kim, E. B., & Choi, Y.-J. (2018). Tracing of the fecal microbiota of commercial pigs at five growth stages from birth to shipment. *Sci Rep.*, 8(1), 6012. doi: 10.1038/s41598-018-24508-7
14. Holman, D. B., Brunelle, B. W., Trachsel, J., Allen, H. K., & Bik, H. Meta-analysis to define a core microbiota in the swine gut. *mSystems*, 2(3), e00004-17. doi: 10.1080/19490976.2019.1690363

ВПЛИВ БАГАТОКРАТНОЇ ВАКЦИНАЦІЇ НА ІМУННІ ОРГАНИ КУРЕЙ

Буднік Тетяна Сергіївна,
аспірант

Гуральська Світлана Василівна,

д. вет. н., професор

Поліський національний університет, м. Житомир

e-mail: tatjanabudnik@ukr.net, guralska@ukr.net

Вступ. Вакцинація курей є важливим засобом профілактики в птаівництві. Вакцинація допомагає запобігти поширенню заразних хвороб серед тварин, зменшує ризик спалаху інфекцій та забезпечує здоров'я та благополуччя птахів.

Результати та обговорення. Незважаючи на те, що домашні птахи зазнають різноманітних імунних стресів, починаючи з інкубації, одним з найпоширеніших імунних стресів є вакцинація. Вакцинація використовується для запобігання інфікуванню та розмноженню вірусів, для зниження захворюваності та смертності. Часті та повторні вакцинації часто пов'язані зі значними стресовими навантаженнями, які пригнічують багато імунних функцій, сприяючи розвитку захворювання [6].

За дослідження впливу вакцинації на імунну систему курей встановлено, що багатократна вакцинація збільшує рівень антитіл та забезпечує стійкість до захворювань у курей. Автори також відзначили, що багатократна вакцинація не має негативного впливу на органи імунної системи курей [2]. Budnik, Guralska (2022) проводили дослідження щодо впливу багатократної вакцинації на морфологію селезінки курей та не спостерігали негативного впливу, такий результат, на думку авторів, свідчить про безпечність вакцинації для птахів [3].

Кури, за багатократної вакцинації, мають більшу масу тіла та середньодобовий приріст протягом всього періоду дослідження, тобто багатократна вакцинація може бути ефективною для забезпечення оптимальної імунної відповіді та для покращення продуктивності курей. Однак за цього, не було виявлено переваги будь-якої конкретної схеми вакцинації [9]. За результатами дослідження Буднік,

Гуральська (2022) встановлено, що вакцинація має вплив на живу масу курей. Кури, що були вакциновані, мали більшу живу масу порівняно з контрольною групою. Також було виявлено зміни в абсолютній масі селезінки та гардерової залози у курей після вакцинації [8]. Встановлено, що вакцинація має вплив на морфологію гардерової залози у курей. У вакцинованих курей відмічали зміни в розмірі та масі гардерової залози порівняно з контрольною групою. Також було виявлено зміни в структурі клітин даної залози [11]. Ці дослідження підтверджують дані Li et al., (2020), які вказують, що багатократні вакцинації птахів призводять до змін у структурі та розмірах імунних органів [7]. Зокрема, автори спостерігали зменшення розмірів та збільшення абсолютної маси тимусу, а також збільшення кількості гістіоцитів та лімфоцитів у селезінці. Такі зміни свідчать про стимуляцію імунної системи [5, 7].

Багаторазова вакцинація проти грипу птахів не має негативного впливу на якість яєць та продуктивність курей-несучок [1]. Savanagh (2003) рекомендує використовувати багаторазову вакцинацію як ефективний засіб профілактики інфекційних захворювань у курей [4].

Деякі автори повідомляють про можливість виникнення певних проблем після вакцинації. Зокрема, у роботі Li et al., (2020) зазначають, що вакцинація може спричинити зміни в структурі імунних органів курей [7]. Згідно з попередньо отриманими нами результатами, в селезінці курей після вакцинації відбувається зміна гістоархітекtonіки тканин, зокрема, збільшується кількість лімфоїдних вузликів. Водночас, збільшується кількість Т-