

УДК 619:616.995.122:636.22/.28

І. Л. Ваховський

аспірант

Державний агроекологічний університет

СИМБІОПАРАЗИТАРНИЙ ПАТОГЕНЕТИЧНИЙ КОМПЛЕКС ПРИ ФАСЦІОЛЬОЗІ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

Встановлено наявність симбіозу фасціол з мікробами та грибами, вивчена їх родова та видова належність. З'ясовано патогенетичний ланцюг передачі паразитарного комплексу при розвитку захворювання. Запропоновано в профілактично-лікувальних заходах застосовувати комплексні препарати з антигельмінтика, пробіотика та імунomodулятора.

Постановка проблеми

Фасціольоз великої рогатої худоби – найрозповсюдженіше зайворювання, яке завдає значної економічної шкоди галузі тваринництва в сільському господарстві. Однак на період сьогодення воно розглядається дослідниками не як моноінвазія, а як асоціативне захворювання збудниками якого є бактерії, гриби та гельмінти. Тому необхідно вивчити склад та процес формування цього мікробно-гельмінтного біоценозу в життєвому циклі домінуючого фактора симбіогіперпаразитарного патогенетичного комплексу – фасціоли.

Фасціола – це біогельмінт, що належить до класу *Trematoda*, ряду *Fasciolida*, родини *Fasciolidae*, роду *Fasciola*, видів *hepatica* та *gigantica* і розвивається з участю дефінітивного та проміжного живителів (моллюсків ставковиків, які відносяться до роду *Limnaea*) [5]. Цей паразит являється домінуючим фактором в етіології, адже саме завдяки йому відбувається інокуляція до організму тварини патогенної та умовно-патогенної мікрофлори, її розповсюдження в організмі дефінітивного живителя. Це в свою чергу вимагає комплексного підходу щодо профілактики та лікування захворювання шляхом спрямування дії на зниження кількості та ослаблення патогенного фактора з урахуванням родового і видового складу паразитоценозу як у навколишньому середовищі, так і в організмі тварин, а також на зміцнення імунного захисту останнього [1–4, 6–7].

Метою нашої роботи було виявлення і вивчення родового та видового складу мікрофлори, яка мігрує з навколишнього середовища до організму тварин завдяки вітагенезу гельмінта.

Матеріали та методика досліджень. Дослідження проведені в період 1999–2003 років. Матеріал відбирався на територіях Народицького, Коростенського, Володарсько-Волинського і Житомирського районів, та на Житомирському м'ясокомбінаті.

Матеріалом для дослідження були: 1. Моллюски (ставковики) уражені личинками фасціол, зібрані зі стоячих водойм на пасовищах для великої рогатої худоби. 2. Дорослі фасціоли з ураженої печінки корів, взятої при їх забої на м'ясокомбінаті. 3. Проби паренхіми печінки з жовчними ходами ураженої фасціолами, які відбирались в асептичних умовах від тварин, доставлених на забій із вищевказаних районів.

Ідентифікацію молюсків проводили компараторним та конхологічним методами та за анатомічними ознаками. Їх зараженість личинковими стадіями фасціол визначали за методиками В. І. Здуна (1960) та А. Й. Мерімінського (1970).

Виділення та ідентифікацію мікрофлори проводили з використанням стандартних та спеціальних середовищ, тест-систем, індикаторів, аглютининів. Готували мазок із подальшим його фарбуванням за Грамом та мікроскопією.

Результати досліджень

Густина популяції молюсків в біотопах пасовищ протягом року коливається в межах 1–34 екземплярів/м², а ураженість їх фасціолою в личинкових стадіях становить 0,1–7,4 %. При цьому величина даних показників залежить від пори року, температури навколишнього середовища та кратності використання пасовищ.

При бактеріологічному дослідженні молюсків, фасціол та печінки хворих тварин виділено 26 родів мікроорганізмів, більшість з яких є патогенними, або ж умовно-патогенними для людей і тварин, що відображено в таблицях 1, 2, 3.

Таблиця 1. Родова та видова ідентифікація мікрофлори молюска

№ з/п	Родова належність мікрофлори	Видова належність мікрофлори	
		виділено мікрофлори у більшості проб (більше 50 %)	виділено мікрофлори в незначній кількості проб (менше 50 %)
1	Staphylococcus	aureus, haemolyticus, saprophyticus	epidermidis
2	Streptococcus	pyogenes, viridans	mutans, mutis, fetus
3	Enterococcus	faecalis	
4	Bacillus	cereus, subtilis, megaterium	alvei, pumilus
5	Listeria	grayi	monocytogenes
6	Erysipelothrix	murisepticum	suis
7	Corynebacterium	xerosis	
8	Clostridium	ramosum, perfringens, septicum, histolyticum, putrificus	tetani, novyi, bifermentas, sporogenes, brianii
9	Actinomyces	viscosus, odontolyticum,	bovis, mutans
10	Proteus	mirabilis, vulgaris, retgeri	morganii
11	Pseudomonas		aeruginosae
12	Flavobacterium	aquatile, breve	gleum, indologenes
13	Alcaligenes	faecalis	enterophus, paradoxus
14	Shigella	sonnei, flexneri	
15	Salmonella	enteritidis, typhimurium, bispheperg, gallinarum, yava	anatum, limite, derby, infantis, newport, dublin, haeder
16	Yersinia	enterocolitica	pseudotuberculosis
17	Citrobacter	rodentum	freundii, amalonaticus
18	Enterobacter	liqofaciens, aerogenes	
19	Hafhia	hafhia	
20	Leptospira	canicola	grippotyphosa
21	Vibro		parahaemoliticus
22	Escherichiae	colli	

Результат дослідження проб моллюсків нами прийнятий за базовий. З ним порівнюються дані досліджень проб гельмінтів та печінки з метою встановлення факту міграції мікрофлори опосередковано через фасціолу з навколишнього середовища до організму тварини у її видовому та родовому складі.

Таблиця 2. Родова та видова ідентифікація мікрофлори гельмінта (фасціоли)

№ з/п	Родова належність мікрофлори	Видова належність мікрофлори	
		виділено мікрофлори у більшості проб (більше 50 %)	виділено мікрофлори в незначній кількості проб(менше 50 %)
1	Staphylococcus	haemolyticus, saprophyticus	intermedium, aureus
2	Streptococcus	pyogenes, bovis	viridans, mutis, fetus
3	Enterococcus	faecalis	
4	Bacillus	cereus, subtilis	alvei
5	Listeria		grayi, monocytogenes
6	Erysipelothrix	murisepticum	
7	Corynebacterium	xerosis	
8	Clostridium	septicum, histolyticum, noviy, bifermentas,	ramosum, brianti
9	Actinomyces	odontolyticum	bovis, mutans, viscosus
10	Proteus	mirabilis, vulgaris	morganii
11	Pseudomonas		aeruginosae
12	Flavobacterium		aquatile
13	Alcaligens	faecalis, enterophus	paradoxus
14	Shigela	flexneri	
15	Salmonella	enteritidis, typhimurium, gallinarum	limite, derby, infantis
16	Yersinia	enterocolitica	rohdei
17	Citrobacter		freundii, amalonaticus,
18	Enterobacter	liqofaciens, aerogenes	
19	Leptospira		grippotyphosa
20	Escherichiae	colli	
21	Candida	albicans	
22	Hafhia	+	
23	Lactobaccillus	+	
24	Bifidobacterium	+	
25	Acinetobacter	+	

З отриманих даних видно, що родовий склад мікрофлори фасціол майже не відрізняється від такого при дослідженні моллюсків. Однак з'ясовано, що рід *Vibro* від моллюска до гельмінта не мігрує. Одночасно

з'являються нові роди мікрофлори: *Candida*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Acinetobacter*. У видовому складі мікрофлори значних змін не спостерігається, однак вони виявляються в частоті виділення культур. При цьому, не мігруючими виявились: *Staph. epidermidis*, *Str. mutans*, *Bac. megaterium*, *Bac. pumilus*, *Erysipelothrix suis*, *Clostridium putrificus*, *perfringens*, *tetani*, *Proteus retgeri*, *Flavobacterium breve*, *gleum*, *indologenes*, *Sh. soiinei*, *Salmonella bispepherg*, *yava*, *anatum*, *newport*, *dublin*, *haeder*, *Y. pseudotuberculosis*, *Leptospira canicola*. Натомість з'явилися нові види *Staph. Intermedium*, *Y. rohdei*, *Candida albicans*.

Таблиця 3. Родова та видова ідентифікація мікрофлори виділеної з печінки ураженої фасціолами

№ з/п	Родова належність мікрофлори	Видова належність мікрофлори	
		виділено мікрофлори у більшості проб (більше 50 %)	виділено мікрофлори в незначній кількості проб (менше 50 %)
1	Staphylococcus	haemolyticus,	micrococcus, aureus
2	Streptococcus	pyogenes, bovis, mutans	viridans, agalactiae
3	Enterococcus	faecalis	
4	Bacillus	pumilus, subtilis, alvei	megaterium
5	Clostridium	septicum, histolyticum	bifermentas
6	Actinomvces		bovis. odontolvticum
7	Proteus	mirabilis, vulgaris	morganii, retgeri
8	Pseudomonas		aeruginosae
9	Alcaligens		faecalis, enterophus
10	Shigela	flexneri	
11	Salmonella	enteritidis, typhimurium	limite, dublin, haeder, anatum, derby, gallinarum
12	Yersinia		enterocolitica
13	Citrobacter	amalonaticus	freundii, rodentum
14	Enterobacter	aerogenes	
15	Leptospira		grippotyphosa
16	Escherichiae	colli	
17	Candida	albicans	
18	Hafhia	+	
19	Lactobaccilus	+	
20	Bifidobacterium	+	
21	Peptostreptococc	+	
22	Acinetobacter	+	

Результати дослідження печінки показують, що з ланцюга міграції мікрофлори також випадають роди: *Listeria*, *Erysipelothrix*, *Corynebacterium* та види: *Str. mutis*, *Bac. megaterium*, *Bac. cereus*, *Clostridium noviy*,

bifermentas, *sporogenes*, *ramosum*, *brianti*, *Actinomycetes mutans*, *viscosus*, *Alcaligenes paradoxus*, *Flavobacterium breve*, *gleum*, *indologenes*, *Sh. sonnei*, *Salmonella infantis*, *Y. rohdei*, *Enterobacter liqofaciens*, *Leptospira canicola*, а натомість з'являються нові види *Str. mutans*, *agalactiae*, *Bac. pumilus*, *megaterium*, *Proteus retgeri*, *Salmonella dublin*, *haeder*, *anatum* та рід *Peptostreptococcus*. Помітні зміни відбуваються і в частоті виділення мікрофлори.

Отже, нами встановлено, що основна частина мікрофлори являється незмінною у своєму родовому і видовому складі, та присутня як в молюсках, так і в гельмінтах та печінці худоби, що підтверджує її опосередковану інокуляцію фасціолою при міграції від проміжного живителя до остаточного. При цьому слід зазначити, що при наявності мікроорганізмів з роду *Proteus* інші родові групи організмів на середовищах культивування ростуть менш інтенсивно. Родини *Salmonella*, *Escherichiae*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Clostridium* та коки взаємо-посилують свій ріст і розвиток, або ж ростуть без змін. Коки та гриби роду *Candida* на початку культивування взаємопосилують свій ріст, але згодом (через 24 години культивування) інтенсивність росту культур поступово згасає, що вказує на появу конкуренції і взаємного пригнічення. Біфідо- та лактобактерії, пептострептококи та пептококи при посіві на поживні середовища разом з іншими мікроорганізмами протягом перших 12–36 годин культивування пригнічують їх ріст і розвиток, але потім припиняють свій ріст і гинуть, що дає можливість для розвитку останніх. Виходячи з цього можна зробити заключення про наявність складних взаємовідносин у виділеній асоціації мікроорганізмів, та висунути гіпотезу про можливість використання конкурентних взаємовідносин при лікуванні асоціативного гельмінто-мікробного захворювання – фасціольозу жуйних тварин, а саме, використати культури біфідо- та лактобактерій, пептококів та пептострептококів – корисної мікрофлори, яка міститься у шлунково-кишковому тракті тварин. Для припинення розвитку шкідливої мікрофлори доцільно застосовувати пробіотики та імуномодулятори, що було доведено в наших попередніх дослідженнях та дослідженнях інших авторів [2–4, 6].

Висновки

1. Гельмінто-мікробну асоціацію складає велика кількість патогенної і умовно патогенної антропозоонозної мікрофлори.
2. Встановлено наявність паралельної міграції мікробів та гельмінтів у ланцюгу вітагенезу фасціол від проміжного живителя до остаточного.
3. З'ясовано, що в симбіопаразитарному патогенетичному комплексі фасціольозу провідну роль відіграють гельмінти, а додаткову – мікрофлора. При цьому, в даній системі діють загальні закони біоценозів у багатогранності взаємодії популяцій.
4. Прослідковується незмінність складових мікробного паразитоценозу у вітагенезі гельмінтів, що надає можливість здійснювати боротьбу з

усією асоціацією патогенної й умовно патогенної мікрофлори на кожній ланці життєвого циклу фасціол, шляхом застосування анти-мікробних препаратів разом з моллюскоцидами, або комплексні препарати, що містять в собі антигельмінтик, пробіотик та імуномодулятор.

Перспективи подальших досліджень

На нашу думку, напрям подальших досліджень потрібно зосередити на вирішенні проблеми розробки методів та засобів боротьби з симбіопаразитарним патогенетичним комплексом при фасціольозі великої рогатої худоби на кожній ланці вітагенезу гельмінта.

Література

1. *Апатенко В. М.* Паразитоценологія і проблеми паразитоценозів // Ветеринарна медицина України. – 1998. – № 4. – С. 26–27.
2. *Довгий Ю. Ю.* Вплив фасціольозу на природну резистентність великої рогатої худоби і лікування хворих тварин у зоні радіоактивного забруднення // Ветеринарна медицина України. – 1998. – № 4. – С. 32–33.
3. *Довгий Ю. Ю.* Ефективність комплексної терапії при фасціольозі великої рогатої худоби у зоні радіоактивного забруднення // Ветеринарна медицина України. – 1998. – № 11–12. – С. 21–22.
4. *Довгий Ю. Ю., Ваховський І. Л., Семененко Р. Д.* Захворювання великої рогатої худоби, викликане паразитуванням фасціол в асоціації з бактеріями і грибами // Вісник ДААУ. – 2000. – № 2. – С. 115–118.
5. *Житова О. П.* Динаміка зараженості личинками і партенітами *F. hepatica* проміжного хазяїна – *L. (G.) subangulata* в умовах тривалого впливу низьких доз радіації // Вісник ДААУ. – 2001. – № 2. – С. 91–93.
6. *Петров Ю. Ф.* Паразитоценозы и ассоциативные болезни сельскохозяйственных животных // Л.: Агропромиздат. – 1998. – С. 5–43.
7. *Прискока В. А., Достоевський П. П., Борзяк А. Т.* Паразитоценози як етіологічний фактор змішаних інфекцій // К.: Міністерство сільського господарства і продовольства України. – 1995. – 20 с.