

В результате проведенных исследований определили, что 8,3% проб молока сырого были контаминированы ванкомицинрезистентными энтерококками, в то же время в твороге выделено в 1,7 раза ($P < 0,05$) больше этих бактерий. Идентификация VRE определила присутствие двух видов: *E. faecalis* и *E. faecium*. В основном, VRE молока сырого представлены видом *E. faecalis*, так как на его долю приходится 91,6%. В твороге отмечено увеличение доли VRE за счет *E. faecium* в 2,6 раза ($P < 0,05$) по сравнению с молоком сырым.

Таким образом, исследования указывают на возможность селекции в твороге, который поступает для реализации на агропродовольственных рынках, бактерий вида *E. faecalis* с устойчивыми свойствами к антибиотикам. Это, в свою очередь, может формировать устойчивые штаммы данных бактерий в желудочно-кишечном тракте людей - потребителей творога.

Заключение. 1. В твороге среди энтерококков доминирует вид *E. faecalis*, который составляет 73,4%, что в 1,37 раза ($P < 0,05$) больше, чем в молоке сыром. Количество бактерий *E. faecium* в твороге составило 12,1%, что в 2,9 раза ($P < 0,05$) меньше, чем в молоке, а вид *E. durans* составил 5,3%.

2. Установлено, что 8,1% проб молока сырого контаминированы VRE, в то время в твороге выявлено в 1,7 раза ($P < 0,05$) больше этих бактерий. В основном VRE молока сырого представлены *E. faecalis* - 91,6%, а в твороге его количество не превышало 7,4%.

Литература. 1. Ahmed, M.O. Vancomycin-resistant enterococci: a review of antimicrobial resistance mechanisms and perspectives of human and animal health / M. O. Ahmed, K. E. Baptiste // *Microbial Drug Resistance*. – 2018. – № 24(5). – P. 590–606. 2. Al-Shammery, A.H.A. Run-off Patterns of Vancomycin Resistant Enterococci (VRE clones) in Cows Raw Milk and Imported Milk Powders at Baghdad Markets / A. H. A. Al-Shammery // *The Iraqi Journal of Veterinary Medicine*. – 2019. – № 43(2). – P. 61–66. 3. Arias, C. A. The rise of the Enterococcus: beyond vancomycin resistance / C. A. Arias, B. E. Murray // *Nat. Rev. Microbiol.* – 2012. – № 10. – P. 266–278. 4. Call, D. R. Antimicrobial resistance in beef and dairy cattle production / D. R. Call, M. A. Davis, A. A. Sawant // *Animal Health Research Reviews*. – 2008. – № 9(2). – P. 159–167. 5. Transcriptional analysis of virulence-related genes in enterococci from distinct origins / A. Carlos [et al] // *J. Appl. Microbiol.* – 2010. – № 108. – P. 1563–1575. 6. Distribution of antibiotic resistance genes in *Enterococcus* spp. isolated from mastitis bovine milk / G. Erbas [et al] // *Acta Veterinaria*. – 2016. – № 66(3). – P. 336–346. 7. Foka, T. Detection of Virulence Genes in Multidrug Resistant Enterococci Isolated from Feedlots Dairy and Beef Cattle: Implications for Human Health and Food Safety / T. Foka, F. Eric, C. N. Ateba // *BioMed research international*. – 2019. – P. 1–14. 8. Evaluation of antimicrobial resistance and virulence of enterococci from equipment surfaces, raw materials, and traditional cheeses / R. Gaglio[et al] // *International journal of food microbiology*. – 2016. – № 236. – P. 107–114. 9. Giraffa G. Isolation of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* from Italian cheeses / G. Giraffa, A. M. Olivari, E. Neviani // *Food Microbiology*. – 2000. – №17(6). – P. 671–677. 10. Detection of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* hospital-adapted lineages in municipal wastewater treatment plants indicates widespread distribution and release into the environment / T. Gouliouris [et al] // *Genome research*. – 2019. – № 29(4). – P. 626–634. 11. Hamzah, A. M. Isolation and identification of *Enterococcus faecalis* from cow milk samples and vaginal swab from human / A. M. Hamzah, H. K. Kadim // *Entomol Zool Sci.* – 2018. – № 6. – P. 218–222. 12. Probiotic properties of *Enterococcus* isolated from artisanal dairy products / Y. Nami [et al] // *Frontiers in microbiology*. – 2019. – №10. – P. 1–13. 13. Occurrence of enterococci in mastitic cow's milk and their antimicrobial resistance / H. Rózańska [et al] // *Journal of veterinary research*. – 2019. – № 63(1). – P. 93–96. 14. Review of antimicrobial resistance surveillance programmes in livestock and meat in EU with focus on humans / R. Schrijver [et al] // *Clinical microbiology and infection*. – 2018. – № 24(6). – P. 577–590. 15. Antimicrobial resistance and virulence genes of *Enterococcus faecalis* isolated from subclinical bovine mastitis cases in China / F. Yang [et al] // *Journal of dairy science*. – 2019. – № 102(1). – P. 140–144.

Поступила в редакцию 02.04.2020 г.

УДК 619:576.89:004.4

РАЗРАБОТКА ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ПАЗАРИТОВ МЕЛКОГО РОГАТОГО СКОТА

Конахович И.К., Мироненко В.М.

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»,
г. Витебск, Республика Беларусь

Использование разработанной компьютерной программы для идентификации паразитов мелкого рогатого скота позволяет точно осуществлять идентификацию возбудителей паразитозов с минимальными временными затратами. **Ключевые слова:** паразит, база данных, мелкий рогатый скот, идентификация, диагностика.

SOFTWARE DEVELOPMENT FOR IDENTIFICATION PARASITES OF SHEEP AND GOATS

Kanakhovich I.K., Miranenko V.M.

Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Republic of Belarus

*Using the developed computer program for the identification parasites of sheep and goats, allows execute precisely identification of causative agents of parasitic diseases with minimal time lost. **Keywords:** parasite, database, goats and sheep, identification, diagnostics.*

Введение. Для проведения эффективных мероприятий по борьбе с паразитозами первоочередным является правильность и своевременность постановки диагноза, то есть – идентификация паразита. Однако, выполнение этой операции, даже у подготовленного по программе специализации дипломированного специалиста, требует значительного количества времени, связанного с сопоставлением установленных деталей строения выявленных паразитов с такими, изложенными в объемной справочной литературе. Своевременное выявление опасных биологических агентов в исследуемых образцах тех или иных компонентов окружающей среды позволит своевременно принять адекватные меры.

Одним из путей решения данной проблемы является автоматизация идентификации биологических агентов с использованием специальных компьютерных программ. В настоящее время информационные технологии являются обязательным элементом производственных процессов в ветеринарии. В мире известно немало примеров разработки автоматизированных систем учета противоэпизоотических мероприятий [2, 6, 11, 13].

Что касается паразитологических исследований, то работа, которая была опубликована по этой теме (Georgi J.R. в 1987 г.), касалась распознавания объектов по нескольким морфологическим признакам [14]. В следующей работе, посвященной этой теме, проведена идентификация с помощью дискриминантного анализа некоторых видов паразитологических объектов [15]. В работах [3-4] показано, что видовая идентификация паразитологических объектов может быть произведена на основе многофакторного математического анализа. Разработанные на сегодняшний день программные продукты, обладают широчайшими функциональными возможностями в области идентификации паразитов и мониторинга паразитозов: интеллектуальная система распознавания и анализа изображений микроскопических паразитологических объектов [7], информационная система эпизоотического мониторинга и прогнозирования паразитозов [8, 9, 10] и другие. В системе идентификации выявленных паразитических объектов двухмерное изображение несет достаточно информации для идентификации мелких объектов (ооцисты эймерий и яйца гельминтов до 300 мкм). Для более крупных объектов достаточно информации несет только трехмерная модель. С учетом современного развития техники идентификация этих объектов оптимальна в неавтоматическом режиме, при помощи оператора, работающего с базой, содержащей систему объективных критериев. В связи с вышесказанным актуальным является разработка электронной системы идентификации возбудителей паразитозов, которая будет описана в трехмерной системе.

Материалы и методы исследований. Цель исследования – создать программное обеспечение для идентификации паразитов мелкого рогатого скота. В ходе исследований применялись: макроскопические и микроскопические методы, методы объектно-ориентированного и процедурного программирования, численные методы, статистические методы, а также морфологические методы исследований.

Результаты исследований. При создании программного обеспечения для идентификации паразитов мелкого рогатого скота в первую очередь необходимо было разработать систему универсальных критериев идентификации всех классифицируемых объектов (диапазоны размера, цвета, формы, отличительные особенности и др.). Разработка системы была основана на детальном изучении и анализе научных работ мировых авторов и на результатах собственных исследований. При разработке электронной системы идентификации все классифицируемые объекты были отнесены к классам различных уровней. Осуществляли эту классификацию согласно общепринятой номенклатуре возбудителей.

База данных – это информационная модель, позволяющая упорядоченно хранить данные о группе объектов, обладающих одинаковым набором свойств [1, 5]. Для построения базы данных необходимо определить предметную область, сущности и связи, создать ER – диаграмму базы данных, а затем заполнить ее необходимыми данными. Все ключевые слова, имена таблиц и имена столбцов представляются символами кодировки ASCII (иначе говоря – латинскими буквами). Под предметной областью понимают – часть реального мира, подлежащую изучению с целью создания базы данных [5]. К основным объектам предметной области разработанной базы данных относятся: вид и род паразита, особенности строения взрослой особи, особенности строения личинки и яйца, место локализации, методы диагностики и клинические признаки.

Сущность – тип объекта, информация о котором должна сохраняться в базе данных и быть доступна [1]. К основным типам сущности относятся: тип паразита, класс паразита, отряд паразита, подотряд, семейство, род, вид, строение паразита, строение личинки паразита, строение яйца паразита, метод диагностики, место локализации паразита и т.д. Каждый тип сущности характеризуется своим набором атрибутов (характеристик). Например, такой тип сущности, как «Строение яйца паразита» (*structure_of_egg*), характеризуется такими атрибутами, как индивидуальный номер строения яйца, форма яйца, размер яйца, цвет яйца, отличительные особенности строения яйца. Тип сущности «Семейство паразита» (*family_of_parasite*) характеризуется следующими атрибутами: индивидуальный номер семейства, название семейства и особенности строения паразита, характеризующие определенное семейство. Тип сущности «Методы диагностики» (*methods_of_diagnostics*) характеризуется: индивидуальным номером метода диагностики и конкретным методом диагностики. Каждая сущность, вместе с ее атрибутами, оформляется в отдельную таблицу.

Между двумя сущностями устанавливается ассоциация или связь. В предложенной базе данных используются три типа связи между сущностями: 1:М (один ко многим), М:М (многие ко многим), 1:1 (один к одному). Например, между сущностями «Род паразита» (*kind_of_parasite*) и «Вид паразита» (*speacies_of_parasite*) существует связь 1:М, связь является обязательной с обеих сторон. Каждый род паразита может включать в себя несколько видов паразитов. В обратном направлении, каждый вид должен относиться только к одному роду. А вот между сущностями «Род паразита» (*kind_of_parasite*) и «Локализация паразита» (*localization_of_parasite*) существует связь М:М, каждый род может иметь несколько мест локализации. В обратном направлении, в одном месте могут локализоваться паразиты, относящиеся к нескольким родам. Между сущностями «Вид паразита» (*speacies_of_parasite*) и «Строение паразита» (*structure_of_parasite*) существует связь 1:1. Каждый вид паразита имеет определенное строение. В обратном направлении, определенное строение паразита относится только к одному виду. Таким образом, связаны все сущности в базе данных.

Для упорядоченного хранения и обработки универсальных критериев использовали систему управления базами данных MySQL. СУБД (система управления базами данных) – программное обеспечение, необходимое для управления базами данных, обработки хранимой информации, ее сортировки и выборки по различным критериям [1, 5]. База состоит из таблиц и запросов. Для хранения данных используется 18 таблиц. Каждый столбец в таблице имеет уникальное имя, одинаковые строки в таблице отсутствуют, все строки, составляющие таблицу имеют первичный ключ. Первичный ключ – уникальный идентификатор для одной таблицы [1]. Для таблицы «Род паразита» ключевым атрибутом (первичным ключом) является индивидуальный номер рода (*id_kind*), для таблицы «Локализация паразита» ключевым атрибутом будет индивидуальный номер локализации паразита (*id_localization*), для таблицы «Методы диагностики» – индивидуальный номер метода диагностики (*id_methods_of_diagnostics*) и т.д. Первичный ключ задается для каждой таблицы, и для каждой таблицы он является уникальным. В связанных таблицах происходит сопоставление ключей из разных таблиц. В строках таблиц часть полей содержит данные, относящиеся непосредственно к данной таблице, а часть – ссылки на записи других таблиц. Таким образом, база данных, по сути, представляет собой двумерную таблицу.

Запрос – это средство выбора необходимой информации из таблиц базы данных [1, 12]. В нашей работе использованы запросы на выборку и объединение. Разработанная база данных хранит в себе более 50 запросов. С помощью запросов, выбрав необходимые признаки взрослой особи, личинки или яйца можно определить родовую принадлежность паразита. В одной из форм, выбрав род и вид паразита, можно узнать особенности его строения. Имеются формы, в которых можно увидеть изображение выбранного гельминта, его яйца или личинки. В простых запросах можно по роду и виду возбудителя узнать места его локализации, методы диагностики, клинические признаки и др. Имеются также сложные запросы, с множеством параметров. В форме диалогового окна сложного запроса имеется возможность выбрать особенности строения яйца, личинки или взрослой особи, а также применяемый метод диагностики, и идентифицировать по этим параметрам возбудителя до рода. Существует возможность просмотреть список всех паразитирующих у мелкого рогатого скота гельминтов, а также список применяемых методов диагностики и клинических признаков, проявляющихся при определенном паразитозе. Во время работы с программой, при вводе неверных данных, появляется информационное окно, сообщающее пользователю об ошибках. В программе имеется «Справка» и краткая инструкция о том, как пользоваться программой.

Для запуска программы необходимо запустить файл с расширением *.exe*. При запуске программы появляется окно настроек подключения. В выпадающем списке пользователю предлагается выбрать драйвер базы данных, ввести имя сервера, имя пользователя, имя базы данных и пароль. После нажатия кнопки «ОК» появляется главное окно программы. Графический

интерфейс приложения разработан в среде визуального проектирования Qt Designer на языке C++, путем создания форм окон, на основе предоставляемых средой шаблонов. Главное окно программы содержит: текстовый заголовок, рамку, меню, панель инструментов, рабочую область, кнопку для изменения размеров окна, а также клавиши «Заккрыть», «Свернуть» и «Развернуть» окно. Работа в программе осуществляется посредством диалоговых окон.

Заклучение. В результате проведенных исследований было разработано программное обеспечение, применяемое для идентификации и дифференциальной диагностики паразитов мелкого рогатого скота. Созданный программный продукт осуществляет идентификацию возбудителей паразитозов в минимальные временные сроки. При использовании данной программы нет необходимости обращения к многочисленной справочной литературе. Графический интерфейс программного продукта интуитивно понятный, доступная для быстрого понимания логика позволяет быстро осваивать и эффективно пользоваться программой.

Литература. 1. Дейт, К. Дж. Введение в системы баз данных / К. Дж. Дейт. – 8-е изд. – М. : Издательский дом «Вильямс», 2005. – 1328 с. 2. Качкин, М. В. Комплексная эпизоотологическая оценка проявления туберкулиновых реакций у животных на территориальном и популяционном уровне с использованием информационных технологий : автореф. дис. ... канд. вет. наук : 16.00.03 / М. В. Качкин; Ин-т эксперимент. вет. Сибири и Дальнего Востока Сибирского отд. рос. акад. с.-х. наук. – Новосибирск, 2007. – 23 с. 3. Корчевская, Е. А. Анализатор изображения биологических микробъектов / Е. А. Корчевская, В. М. Мироненко // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины : научно-практический журнал. – Витебск, 2011. – Т. 47, вып. 2, ч. 1. – С. 47–53. 4. Корчевская, Е. А. Идентификация вида эймерий на основе двухмерного математического анализа строения ооцист / Е. А. Корчевская, В. М. Мироненко // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины : научно-практический журнал. – Витебск, 2009. – Т. 45, вып. 2, ч. 1. – С. 123–126. 5. Кузнецов, М. В. MySQL 5 / М. В. Кузнецов, И. В. Симдянов. – СПб. : БХВ-Петербург, 2010. – 1024 с. 6. Макаров, А. С. Организация сервиса в ветеринарных учреждениях на основе компьютерных технологий : автореф. дис. ... канд. вет. наук : 16.00.03 / А. С. Макаров; Казанская гос. акад. вет. мед. им. Н. Э. Баумана. – Казань, 2006. – 22 с. 7. Мироненко, В. М. ИТ идентификация возбудителей паразитозов / В. М. Мироненко, Е. А. Корчевская // Паразитозы животных в Национальном парке «Припятский» и меры борьбы с ними с использованием ИТ-технологий : монография / Е. А. Корчевская [и др.]. – Витебск : ВГУ имени П. М. Машерова, 2014. – 42 с. 8. Мироненко, В. М. Идентификация возбудителей паразитозов с помощью искусственного интеллекта на основе многослойного персептрона / В. М. Мироненко, Е. А. Корчевская // Современные аспекты патогенеза, клиники, диагностики, лечения и профилактики паразитарных заболеваний : труды VIII Республиканской научно-практической конференции с международным участием, Витебск, 2012 г. / ВГМУ ; редкол.: В. Я. Бекиш [и др.]. – Витебск, 2012. – С. 116–119. 9. Мироненко, В. М. Информационная система эпизоотического мониторинга и прогнозирования паразитозов / В. М. Мироненко // Аграрная наука – сельскому хозяйству : сборник статей X Международной научно-практической конференции (4-5 февраля 2015 г.) : в 3 кн. – Барнаул : РИО АГАУ, 2015. – Кн. 3. – С. 273–274. 10. Мироненко, В. М. Компьютерная диагностика паразитозов / В. М. Мироненко, Е. А. Корчевская // Ветеринария и кормление. – 2009. – № 6. – С. 63–64. 11. Муллахметов, Р. П. Система статистического и экономического анализа противозооотических мероприятий на основе компьютерных технологий : автореф. дис. ... канд. вет. наук : 16.00.03 / Р. П. Муллахметов ; Казанская гос. акад. вет. мед. им. Н. Э. Баумана. – Казань, 2005. – 20 с. 12. Форта, Б. Освой самостоятельно SQL. 10 минут на урок / Б. Форта. – М. : Издательский дом «Вильямс», 2005. – 288 с. 13. Чукавин, Г. П. Совершенствование автоматизированной системы эпизоотологического мониторинга с использованием основных принципов эпизоотологической диагностики : автореф. дис. ... канд. вет. наук : 16.00.03 / М. В. Качкин ; Ин-т эксперимент. вет. Сибири и Дальнего Востока Сибирского отд. рос. акад. с.-х. наук. – Новосибирск, 2008. – 19 с. 14. Georgi, J. R. Identification of strongylid eggs by multivariate analysis of morphometrics. Programme and abstracts / J. R. Georgi. – 1987. – P. 51. 15. Jay, R. Diagnostic Morphometry: Identification of Helminth Eggs by Discriminant Analysis of Morphometric Data / R. Jay, R. Geo, E. McCulloch // Proc. Helminthol. Soc. Wash. – 1989. – № 56(1). – P. 44–57.

Поступила в редакцию 30.04.2020 г.

УДК 619:616.72-002.78:636.5.034

СТРУКТУРА ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ НЕЗАРАЗНЫМИ БОЛЕЗНЯМИ В ПРОМЫШЛЕННОМ ПТИЦЕВОДСТВЕ БЕЛАРУСИ

Насонов И.В.

РУП «Институт экспериментальной ветеринарии им. С.Н. Вышелеского»,
г. Минск, Республика Беларусь

В статье приведены результаты изучения структуры заболеваемости незаразными болезнями в промышленном птицеводстве Беларуси на основании патологоанатомического диагноза. Показано,