

: роботи співробітників Музею патогенних для людини мікроорганізмів. – К., 2000. – Вип. 1. – С. 4–17. 3. Everett, K.D. Emended description of the order Chlamydiales, proposal of Parachlamydiaceae fam. nov. and Simkaniaceae fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family Chlamydiaceae, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms [Text] / K.D. Everett, R.M. Bush, A.A. Andersen // *Int. J. Syst. Bacteriol.* – 1999. – № 49. – P. 415–440. 4. Збудники хламідіозів: особливості методологічних заходів при ізоляції та ідентифікації штамів мікроорганізму [Текст] / В.В. Кутова // *Методи одержання чистих культур мікроорганізмів та їх довгострокового зберігання в колекціях: роботи співробітників Музею патогенних для людини мікроорганізмів.* – К., 2004. – Вип. 3. – С. 80–84. 5. Урогенитальные хламидиозы [Текст] / А.А. Шаткин, И.И. Мавров. – К.: Здоров'я, 1983. – 200 с. 6. Roblin, P.M. Use of Hep-2 cells for improved isolation and passage of Chlamydia pneumoniae [Text] / P.M. Roblin, W. Dumornay, M. Hammerschlag // *Clin. Microbiol.* – 1992. – № 30. – P. 1968–1971. 7. Herbrink, P. Comparison of different culture media for isolation of Chlamydia trachomatis by cell culture on HeLa cells [Text] / P. Herbrink, M. Zuyderwijn-Zwinkels, J. Wagenwoort // *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* – 1991. – № 10. – P. 655–659. 8. Патент № 25661 Україна. G01N33/00. Спосіб пасивування клітинної культури L 929 [Текст] / І.І. Мавров [та ін.]. – № u200705527; заявл. 21.05.2007; опубл. 10.08.2007, Бюл. № 12. 9. Black, C.M. Current methods of laboratory diagnosis of Chlamydia trachomatis infections [Text] / C.M. Black // *Clin. microbiol. Rev.* – 1997. – Vol. 10, № 1. – P. 160–184. 10. Некоторые особенности использования L-цистеина для стимуляции размножения хламидий в культуре клеток [Текст] / В.В. Кутова [и др.] // *Дерматология та венерология.* – 2001. – № 1(11). – С. 33–35.

ORIGINAL APPROACHES TO IMPROVE METHODS EXTRAGENITAL CHLAMYDIA ISOLATION OF PEOPLE AND ANIMALS

Haiduchok I.G., Dzhoraeva S.K., Volkov T.O., Pilugin S.B., Buzynna J.B., Gushylyk B.I.

"Institute of dermatology and venerology AMS of Ukraine", Kharkiv

Institute of microbiology and immunology named after I.I. Mechnikov NAMSU, Kharkiv

The methodological techniques for the primary diagnostic isolation of the agent and its biomass accumulation in cell culture L929, Hep-2, McCoy and developing chicken embryo is described in the article.

УДК 619:578:616.98:578.831

ФІЛОГЕНЕТИЧНІ ДОСЛІДЖЕННЯ ПАРАМІКСОВІРУСІВ ТВАРИН

Герілович А.П., Лиманська О.Ю., Болотін В.І., Солодянкін О.С., Горайчук І.В., Ареф'єв В.Л.

Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», м. Харків

Застосування молекулярно-біологічного підходу для вивчення еволюції живих організмів виявило його принципову перевагу порівняно з традиційним фенотиповим підходом, оскільки з'явилась можливість, з одного боку, порівняння віддалених організмів, які можуть не мати спільних фенотипових ознак, а з іншого боку, створення найбільш природної системи живих організмів, яка заснована на філогенетичних взаємовідносинах, що виникли в процесі еволюції [1].

Зміни структури біомакромолекул (ДНК, РНК, білків), закономірності та механізми цих змін є об'єктом вивчення молекулярної еволюції, зокрема одного з напрямків цієї науки – молекулярної філогенії. Для з'ясування філогенетичних взаємовідносин між різними видами організмів та уточнення часу їхньої дивергенції використовують методи визначення еволюційних дистанцій, сутність яких полягає у порівнянні нуклеотидних послідовностей гомологічних генів або амінокислотних послідовностей відповідних білків. Ступінь схожості первинної структури гомологічних генів напряму залежить від рівня філогенетичної спорідненості представників цих видів [2].

Нуклеотидні заміни є найчастішим видом молекулярно-генетичних подій, які накопичуються в ході молекулярної еволюції ДНК та РНК. Середня кількість нуклеотидних заміни на один сайт у двох гомологічних послідовностях біомакромолекул для двох видів організмів визначає еволюційну відстань, яка дозволяє встановити зв'язок між відмінностями на рівні ДНК або РНК та часом еволюції видів. Саме знання такої залежності дозволяє будувати філогенетичні дерева, датувати події молекулярної еволюції на основі порівняння послідовностей генетичного матеріалу [3]. Об'єктом дослідження молекулярної філогенетики є, зокрема, процеси реасортації та рекомбінації, які є відносно розповсюдженим явищем для вірусів, геном яких представляють еволюційно-генетично гомологічні РНК, але систематично не вивчалися (за винятком ротавірусів) [4]. Зазначені процеси значно ускладнюють здійснення генотипування збудників інфекційних захворювань та, саме тому, потребують ретельного дослідження для створення сучасних засад ветеринарного супроводу галузі тваринництва та птахівництва України.

Метою даної роботи є вивчення філогенетичних взаємовідносин основних параміксовірусів тварин.

Матеріали та методи. Для проведення філогенетичного аналізу використовували програми Mega 4, ver. 4.0.2 [5]; POWER, ver. 1.0 [6]; PhyML ver. 3.0 [7]. Для побудови традиційних дендрограм на основі послідовностей генів і геномних РНК параміксовірусів використовували дистанційно-матричний метод – метод зв'язування найближчих сусідів (Neighbour joining) та максимальної економії (maximum parsimony). Як критерій достовірності топології отриманої дендрограми використовували індекси повторень (bootstrap).

Для проведення філогеографічних досліджень параміксовірусів сільськогосподарських тварин і птиці нами були вибрані 1) представники *Paramyxovirinae* роду: *Avulavirus* – параміксовіруси птиці 1-10 типів (avian paramyxovirus, APMV); *Henipavirus* – вірус Ніпа; *Morbillivirus* – вірус чуми ВРХ (rinderpest virus, RPV) та вірус чуми дрібних жуйних (peste-des-petits-ruminants virus, PPRV); *Respirovirus* – вірус парагрипу 3 великої рогатої худоби (BPH) (bovine parainfluenza virus, BPV) та параміксовірус свині (porsine paramyxovirus, PPMV); 2) представники *Pneumovirinae* роду: *Metapneumovirus* – метапневмовірус птиці (avian metapneumovirus, AMPV); *Pneumovirus* – пневмовірус ВРХ (bovine respiratory syncytial virus, BRSV).

Результати роботи. Особливості первинної структури параміксовірусів. Геном параміксовірусів представлений одноланцюговою несегментованою молекулою РНК негативної полярності довжиною близько 15 тисяч п. н., що кодує сім основних вірусних структурних протеїнів – фосфопротеїн (P), який утворює частину комплексу РНК-полімерази; матриксний протеїн (M), який організує та підтримує структуру вірionу; білок злиття (F) та вірусний оболонковий глікопротеїн з нейрамінідазою та гемоглітинуючою активністю (HN); нуклеопротеїн (N); великий полімеразний протеїн L, а також варіабельні неструктурні білки NS1 та NS2 [8]. Множинне вирівнювання представлених у міжнародних базах даних послідовностей геномної РНК параміксовірусів, що циркулюють у різних географічних регіонах, показало, що найбільш консервативними є гени, що кодують протеїни M та L; найменш консервативними є гени, які кодують білки F та особливо HN (функціонування саме цих білків сприяє ініціації вірусної інфекції), що добре узгоджується з літературними даними [9–11] та свідчить про можливість генотипування з урахуванням результатів філогенетичного аналізу. Проведення філогенетичного аналізу на основі нуклеотидних послідовностей варіабельних генів дозволяє ідентифікувати

Розділ 2. Ветеринарна вірусологія та мікробіологія

два основних відомих генотипи [12] вірусу парагрипу 3 ВРХ – генотипи А та В, а також визначити потенційно новий генотип цього збудника – генотип С, що узгоджується з даними роботи [13] про можливість циркуляції вірусу парагрипу 3 ВРХ генотипу С на території Китаю (рис. 1, 2).

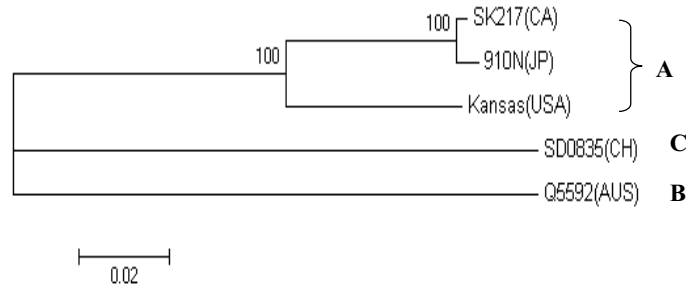


Рис. 1. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей гена F вірусу парагрипу 3 великої рогатої худоби, циркулюючого на території різних країн

Позначки: CA – Канада; USA – США; JP – Японія; CH – Китай; AUS – Австралія; **A** – генотип А; **B** – генотип В; **C** – генотип С

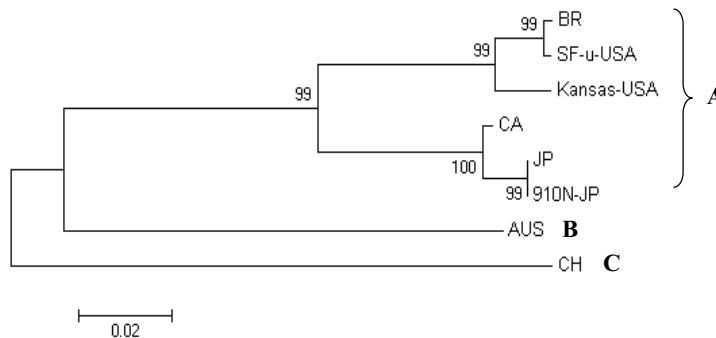


Рис. 2. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей гена HN вірусу парагрипу 3 великої рогатої худоби, циркулюючого на території різних країн

Позначки: USA – США; BR – Бразилія; CA – Канада; JP – Японія; CH – Китай; AUS – Австралія; **A** – генотип А; **B** – генотип В; **C** – генотип С

Вивчення спектру генотипів і філогенетичної спорідненості параміксовірусів птиці. Рід *Avulavirus*, до якого належить вірус ньюкаслської хвороби, є найбільш численним у підсімействі вірусів *Paramyxovirinae*. Донедавна на основі реакції затримки гемаглютинації та інгібування нейрамінідази виділяли 9 серотипів параміксовірусів птиці – АРМВ1-9, з яких найбільш детально охарактеризовано шляхом біохімічного аналізу, секвенування, дослідження патогенезу штами параміксовірусу 1-го типу, або вірусу ньюкаслської хвороби, що викликано рівнем небезпеки цієї хвороби для світового птахівництва [14–17]. У 2010 р. від хохлатих пінгвінів (*Eudyptes chrysocome*) був виділений параміксовірус, віднесений за біологічними, серологічними та геномними характеристиками до параміксовірусів птиці нового типу – АРМВ10 [18].

Аналіз філогенетичного дерева, побудованого на основі повністю секвенованих послідовностей геномної РНК параміксовірусів птиці усіх відомих серотипів (рис. 3), дозволяє зробити висновки про філогенетичну близькість АРМВ 4-го та 3-го типів; 5-го та 6-го типів; 8-го та 10-го типів. АРМВ-2 та АРМВ-1 утворюють на філогенетичному дереві виражені кластери, але при цьому АРМВ-1, що циркулюють в азіатському (Ch-1) та європейському (Sw-1 та Hn-1) регіонах, утворюють окремі гілки.

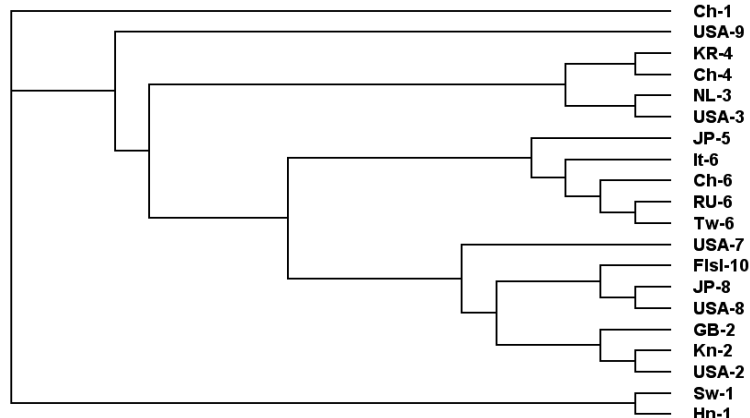


Рис. 3. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей геномної РНК параміксовірусів птиці генотипів 1-10, циркулюючих на території різних країн

Позначки: USA – США; JP – Японія; Ch – Китай; KR – Корея; NL – Нідерланди; It – Італія; RU – Російська Федерація; Tw – Тайвань; Fisl – Фолклендські острови; GB – Великобританія; Kn – Кенія; Sw – Швеція; Hn – Венгрія; числа 1–10 позначають тип параміксовірусу птиці

Результати філогенетичного аналізу параміксовірусів птиці, проведеного на основі первинних структур гена HN усіх відомих на цей час штамів (рис. 4), циркулюючих у різних географічних регіонах, переконують у можливості проведення генотипування (встановлення типу) збудника на основі цього гена — адже кожний тип APMV утворює на дендрограмі чітко відокремлений кластер.

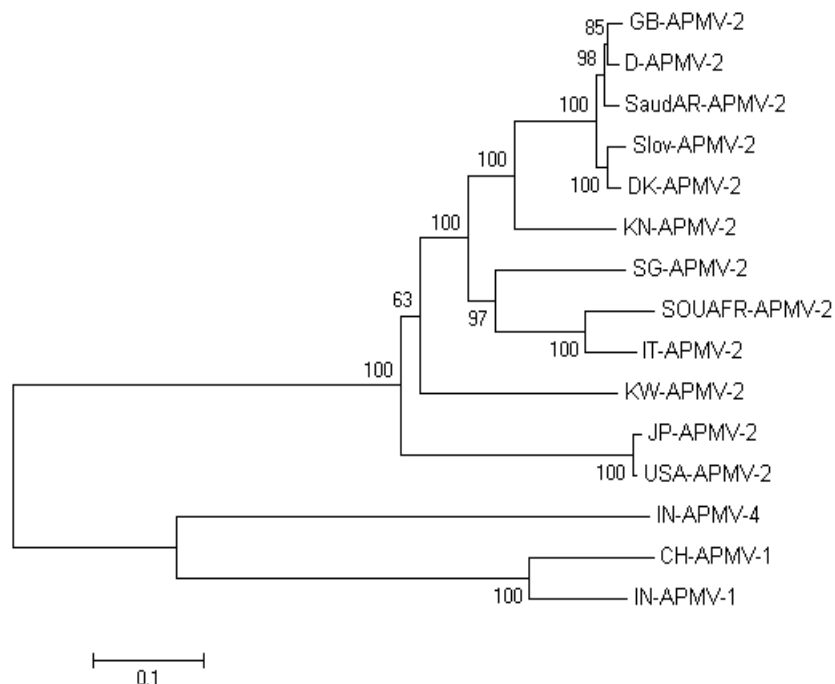


Рис. 4. Дендрограма, побудована на основі повністю секвенованих послідовностей гена HN параміксовірусів птиці генотипів 1, 2, 4, циркулюючих на території різних країн

Позначки: USA – США; JP – Японія; CH – Китай; IT – Італія; GB – Великобританія; KW – Кувейт; GB – Великобританія; D – Німеччина; SaudAR – Саудівська Аравія; DK – Данія; KN – Кенія; SG – Сінгапур; IN – Індія; Slov – Словенія; цифри 1, 2, 4 позначають тип параміксовірусу птиці

Таким чином, можна підсумувати, що результати аналізу філогенетичних дерев, побудованих з метою отримання філогенетичної характеристики параміксовірусів і з'ясування їх еволюційних взаємовідносин, мають особливе значення для генотипування та молекулярного маркування мікроорганізмів, а отже, є важливими для подальшого розвитку молекулярної епідеміології. Не менш показовими, з цієї точки зору, є дендрограми, побудовані на основі послідовностей повногеномних РНК (рис. 5), а також окремих основних генів метапневмовірусів птиці. Відомо, що використання реакції нейтралізації та імуноферментного аналізу не дозволяє впевнено диференціювати генотипи А, В, С та D метапневмовірусів птиці [19].

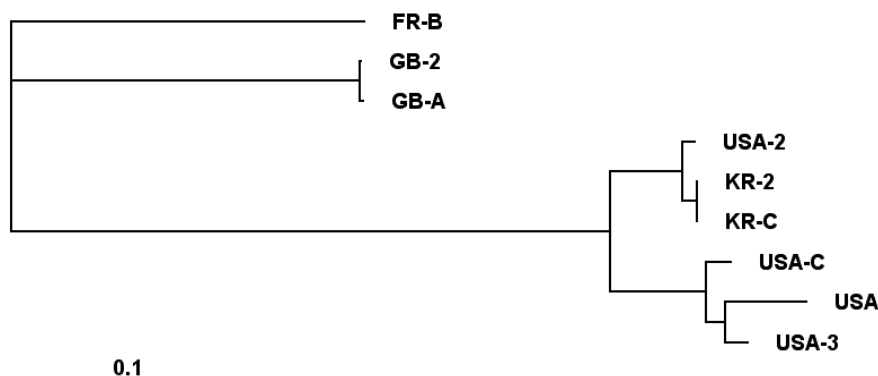


Рис. 5. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей геномних РНК метапневмовірусів птиці, циркулюючих у різних географічних регіонах

Позначки: FR – Франція; USA – США; KR – Корея; GB – Великобританія; цифри 2, 3 позначають порядковий номер ізоляту метапневмовірусу птиці, що досліджується; буквами А, В, С позначено відповідний сугенотип вірусу

Аналіз топології представлених на рис. 5 та рис. 6 філогенетичних дерев дозволяє зробити наступні висновки. По-перше, кожний субтип метапневмовірусу птиці утворює чітко відокремлений кластер (або гілку), що свідчить про можливість генотипування даного збудника на основі послідовностей вибраних генів. По-друге, переважним субтипом для країн західної півкулі є субтип С – як правило, саме цей підтип ідентифікують, наприклад, у США. Стосовно країн Європи переважними для них є субтипи А та В. Субтип D метапневмовірусу птиці було зареєстровано тільки у Західній Європі (на момент проведення нами досліджень). По-третє, пневмовірус ВРХ (BRSV), ще один представник підсімейства *Pneumovirinae*, філогенетично є більш близьким до метапневмовірусу птиці субтипу С (рис. 6).

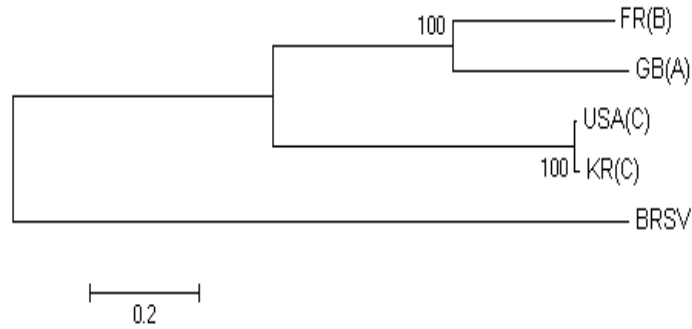


Рис. 6. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей геномних РНК представників підсімейства *Pneumovirinae*, циркулюючих у різних географічних регіонах

Позначки: USA – США; FR – Франція; GB – Великобританія; KR – Корея; буквами А, В та С позначено відповідний субтип метапневмовірусу птиці

Результати аналізу топології філогенетичного дерева (рис. 7), побудованого нами на основі послідовностей геномних РНК представників сімейства вірусів *Paramyxoviridae* свідчать про філогенетичну попарну близькість параміксовірусів 2-го та 8-го типів, 5-го та 6-го типів, 3-го та 4-го типів, а вірусу ньюкаслської хвороби, що циркулює у Європі, – до АРМВ-9. Наші дані також підтверджують філогенетичну близькість метапневмовірусу птиці та пневмовірусу ВРХ. Можна бачити, що морбілівіруси (RPV, PPRV, NV) утворюють окремі гілки на філограмі та займають проміжне положення між вірусом парагрипу-3 ВРХ (BPV) та кластерами параміксо- та метапневмовірусів. Ізоляти вірусу НХ, що циркулюють у країнах Азії, утворюють окрему гілку на дендрограмі (рис. 7) та є близькими до вірусу парагрипу-3 ВРХ.

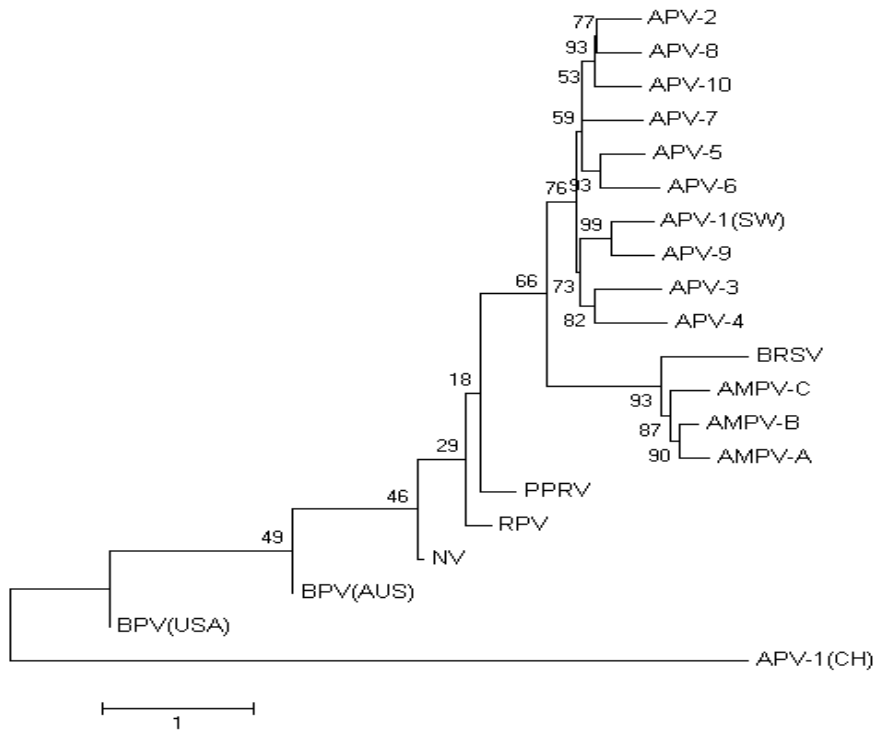


Рис. 7. Філогенетичне дерево, побудоване на основі повністю секвенованих послідовностей геномних РНК представників сімейства вірусів *Paramyxoviridae*

Позначки: USA – США; SW – Швеція; AUS – Австралія; CH – Китай; буквами А, В та С позначено відповідний субтип метапневмовірусу птиці; числами 1-10 позначено тип параміксовірусу птиці

Необхідно зауважити, що АРМВ-1 та АРМВ-9 належать до одного кластеру на дендрограмах, побудованих на основі повністю секвенованих послідовностей генів Р, М, NP (дані не наведено). Це може свідчити про еволюційну близькість вірусу ньюкаслської хвороби та параміксовірусів птиці 9-го типу. Особливо цікаво спостерігати таку близькість за геном Р, оскільки саме цей ген є єдиним геном сімейства *Paramyxoviridae*, який кодує три білки внаслідок перекривання відкритих рамок зчитування. Ця стратегія вірусного геному дозволяє зберігати великий обсяг інформації при збереженні його невеликого розміру (довжина геномної РНК параміксовірусів становить близько 15 тисяч п.н.). Складна природа гена Р разом зі значною швидкістю його еволюції дозволяють розглядати цей ген як основний об'єкт вивчення філогенезу параміксовірусів тварин.

Висновки. Доведено існування ізолятів вірусу ньюкаслської хвороби азіатського та європейського генотипів, показано еволюційну близькість цього патогену до параміксовірусів птиці 9-го типу. Проведений філогенетичний аналіз пневмовірусів і морбілівірусів тварин продемонстрував еволюційну близькість метапневмовірусу птиці та пневмовірусу великої рогатої худоби. Проведення фі-

логенетичного аналізу на основі послідовностей окремих генів і повногеномних РНК (або ДНК) параміксовірусів може бути необхідною складовою їх паспортизації та подальшого розвитку молекулярної епізоотології параміксовірусних інфекцій тварин.

Список літератури

1. Attwood, T.K. Progress in bioinformatics and the importance of being earnest [Text] / T.K. Attwood, C.J. Miller // *Biotechnol. Annu. Rev.* – 2002. – № 8. – P. 1–54.
2. Леск, А. Введение в биоинформатику [Текст] / А. Леск ; пер. с англ. – М. : Бином, 2009. – 318 с.
3. Абрамсон, Н.И. Молекулярные маркеры, филогеография и поиск разграничения видов [Текст] / Н.И. Абрамсон // *Тр. Зоол. ин-та РАН.* – 2009. – № 1. – С. 185–198.
4. Genetic heterogeneity, evolution and recombination in emerging G9 rotaviruses [Text] / T.G. Phan [et al.] // *Infect. Genet. Evol.* – 2007. – Vol. 7, № 5. – P. 656–663.
5. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 [Text] / K. Tamura [et al.] // *Mol. Biol. Evol.* – 2007. – Vol. 24. – P. 1596–1599.
6. PhylOgenetic Web Repeater (POWER) [Electronic resource]. – Access mode : <http://power.nhri.org.tw/power/home.htm>. – Title from the screen.
7. Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist [Text] / A. Dereeper [et al.] // *Nucleic Acids. Res.* – 2008. – Vol. 36. – P. 465–469.
8. Phylogenetic analysis of Newcastle disease viruses isolated from waterfowl in the Upper Midwest Region of the United States [Text] / N. Jindal [et al.] // *Virol. J.* – 2009. – Vol. 6, № 1. – P. 191–198.
9. Comparison of the F and HN gene sequences of different strains of bovine parainfluenza virus type 3: relationship to phenotype and pathogenicity [Text] / M.M. Broker-Klassen [et al.] // *Can. J. Vet. Res.* – 1996. – Vol. 60, № 3. – P. 228–236.
10. Govindarajan, D. Recovery of Avian Metapneumovirus Subgroup C from cDNA: Cross-Recognition of Avian and Human Metapneumovirus Support Proteins [Text] / D. Govindarajan, U.J. Buchholz, S.K. Samal // *J. of Virology.* – 2006. – Vol. 80, № 12. – P. 5790–5797.
11. Выявление и дифференциация штаммов вируса парагриппа-3 крупного рогатого скота с помощью полимеразной цепной реакции и секвенирования фрагмента гена HN [Текст] / А.Е. Вечеров [и др.] // *Вопр. вирусологии.* – 2003. – № 3. – С. 46–51.
12. Horwood, P.F. Identification of two distinct bovine parainfluenza virus type 3 genotypes [Text] / P.F. Horwood, J.L. Gravel, T.J. Mahony // *J. Gen. Virol.* – 2008. – Vol. 89. – P. 1643–1648.
13. Isolation and genetic characterization of bovine parainfluenza virus type 3 from cattle in China [Text] / Y.M. Zhu [et al.] // *Vet. Microbiol.* – 2011. – Vol. 149, № 3–4. – P. 446–451.
14. Experimental infection of hamsters with avian paramyxovirus serotypes 1 to 9 [Text] / A.S. Samuel [et al.] // *Vet. Res.* – 2011. – Vol. 42. – P. 38–49.
15. Complete Genome Sequence of Avian Paramyxovirus (APMV) Serotype 5 Completes the Analysis of Nine APMV Serotypes and Reveals the Longest APMV Genome [Text] / A.S. Samuel [et al.] // *PLoS ONE.* – 2010. – Vol. 5, № 2. – P. e9269.
16. Complete genome sequences of avian paramyxovirus serotype 6 prototype strain Hong Kong and a recent novel strain from Italy: evidence for the existence of subgroups within the serotype [Text] / S. Xiaoa [et al.] // *Virus Res.* – 2010. – Vol. 150, № 1–2. – P. 61–72.
17. Complete genome sequences of avian paramyxovirus type 8 strains goose/Delaware/1053/76 and pintail/Wakuya/20/78 [Text] / A. Paldura [et al.] // *Virus Res.* – 2009. – Vol. 142, № 1–2. – P. 144–153.
18. Evidence for a New Avian Paramyxovirus Serotype 10 Detected in Rockhopper Penguins from the Falkland Islands [Text] / P.J. Miller [et al.] // *J. of Virology.* – 2010. – Vol. 84, № 21. – P. 11496–11504.
19. Collins, M.S. Antigenic differentiation of avian pneumovirus isolates using polyclonal antibody and mouse monoclonal antibodies [Text] / M.S. Collins, R.E. Gough, D.J. Alexander // *Avian Pathol.* – 1993. – Vol. 22. – P. 469–479.

PHYLOGENETIC STUDIES OF ANIMAL PARAMYXOVIRUSES

Gerilovich A.P., Limanskaya O.Yu., Bolotin V.I., Solodyankin A.S., Gorajchuk I.V., Arefiev V.L.

National Scientific Center "Institute experimental and Clinical Veterinary Medicine", Kharkov

The phylogenetic relationships of farm animals and birds paramyxovirus of all known serotypes circulating in different geographical regions are studied. The phylogenetic relationship between different types of birds paramyxoviruses are established. The importance of phylogenetic analysis for genotyping and molecular marking of microorganisms is demonstrated.

УДК 619:614.48:616.9:612.017

ДОСЛІДЖЕННЯ БАКТЕРИЦИДНОГО ВПЛИВУ ПРЕПАРАТУ «АРГЦИД» НА БЕЗКАПСУЛЬНИЙ ШТАМ *BACILLUS ANTHRACIS*

Гнатенко А.В.

Інститут ветеринарної медицини НААН України, м. Київ

Одним із етапів розробки дезінфікуючих засобів є вивчення його ефективності щодо знешкодження збудників небезпечних зоонозних захворювань. Особливе місце серед них займає **сибірка**. Це захворювання є одним з найбільш небезпечних для тварин і людей. Характерним для нього є блискавичний та гострий перебіг, сепсис, інтоксикація організму, поява карбункулів і значна смертність. Хвороба поширена на всіх континентах земної кулі та завдає значних збитків економіці окремих держав.

Продукція тваринного походження, контамінована збудником сибірки, є небезпечною для здоров'я людей і підлягає знищенню, а місце де вона зберігалась підлягає обробці ефективними дезінфікуючими речовинами.

Традиційні засоби, що використовуються для інактивації збудника в приміщенні на контамінованій території є досить агресивними щодо оброблюваної поверхні (в основному застосовуються 10,0–20,0 % розчини хлорного вапна, хлорамін тощо).

Із цих причин вивчення бактерицидної здатності розроблюваних дезінфікуючих засобів стосовно збудника сибірки має надзвичайно важливе значення для біобезпеки.

Мета досліджень. Визначити антимікробні властивості бактерицидного препарату «Аргіцид», на споруотворюючий аероб роду *Bacillus* – *Bac. anthracis*.

Матеріали та методи досліджень. Об'єктом дослідження був референтний, безкапсульний штам *Bac. anthracis* UA – 07 у споровій формі. Випробування проводили згідно вимог [4, 5]. Збудник сибірки *Bac. Anthracis* UA – 07 вирощували на МПБ (чи бульйоні Хотінгера) при 37 °С 48 год. Споровий матеріал отримували інкубацією культури *Bac. anthracis* UA – 07 на МПА за температури 37 °С протягом 14 діб. У проведенні експерименту використовували спорову біомасу штаму *Bac. anthracis* UA – 07 з концентрацією $2,8 \cdot 10^9$ млрд./см³.

Для визначення бактерицидних властивостей «Аргіциду» на спорову форму збудника сибірки, суспензію мікроорганізмів в кількості 0,5 см³ вносили піпеткою до 5 см³ бактерицидного препарату в концентраціях від 1 до 10 %, витримували експозицію 60, 120 хв та 24 год, після чого проводили посів бактерицидною петлею на МПА з подальшим культивуванням за 37 °С протягом 48 год. По закінченню терміну інкубації визначали наявність збудника шляхом візуальної оцінки росту колоній на МПА та порівнюючи з контролем. У контролі висівали культуру *Bac. anthracis* до якої додавали 1 см³ фізіологічного розчину.

Результати досліджень та їх обговорення. В результаті проведених досліджень встановлено, що «Аргіцид» у концентрації 1,0 % за експозиції 120 хв (рис. 1) затримує ріст культури, а за 24 годинної експозиції відмічали відсутність росту мікроорганізмів.