

**КАБВЕ Е., ДАВИДЮК Ю. Н., ХАЙБУЛЛИНА С. Ф., РИЗВАНОВ А. А.
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА (L)-СЕКМЕНТА ГЕНОМА ВИРУСА
ПУУМАЛА ШТАММ КАЗАНЬ**

***Аннотация.** В статье авторы охарактеризовали нуклеотидную последовательность (L)-сегмента штамма вируса Пуумала (PUUV), циркулирующего в популяции грызунов Республики Татарстан, и сравнили ее с аналогичными последовательностями штаммов PUUV из близлежащих регионов. Филогенетический анализ результатов выявил заметную дивергенцию (6%) между последовательностями L-сегмента PUUV из РТ, Республики Башкортостан и Самарской области. Авторы обнаружили также два генетически различных кластера в популяции PUUV Татарстана.*

***Ключевые слова:** вирус Пуумала; Хантавирусы; Буньявирусов; Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом.*

**KABWE E., DAVIDJUK Y.N., KHAIBOULINA S.F., RIZVANOV A.A.
GENETIC CHARACTERIZATION OF LARGE (L)-SEGMENT GENOME RODENT
PUUMALA VIRUS STRAIN KAZAN**

***Abstract.** In this paper, the authors characterized the large (l)-segment of PUUV strain circulating in the republic of Tatarstan and compared it with PUUV strains from nearby regions. Phylogenetic analysis results showed variability (6%) between L segment sequences of PUUV in Tatarstan and nearby regions of Samara and Ufa also, the authors found two genetically distinct clusters of PUUV circulating in Tatarstan.*

***Keywords:** Puumala virus; Hantaviruses; Bunyaviridae; Hemorrhagic fever with renal syndrome.*

Puumala virus (PUUV) infection has alarmed global health attention since it was isolated in 1978[1]. PUUV has a single stranded negative sense RNA genome. It belongs to the genus Hantavirus, family Bunyaviridae. PUUV causes mild form of the hemorrhagic fever with renal syndrome referred as nephropathia epidemica[2].

The aim of the study was to sequence the L segment of PUUV circulating in republic of Tatarstan, Russia.

Total RNA extracted from the lung tissue of infected rodents and used to generate cDNA. cDNA was used as a template for PCR amplification of the L segment. Nucleotide sequencing was done using ABI PRISM Dye terminator sequencing kit. Obtained L segment sequences were analyzed using lasergene package (software)[3] and compared to L segments of PUUV circulating in Russia.

The total of 6550 nucleotides of the PUUV L segment was sequenced. Also, analysis of the coding amino acid sequence was performed.

Phylogenetic tree analysis showed that all PUUV sequences obtained in this study were PUUV. Phylogenetic analysis on partial L-segment revealed 2% variability within the L-segment sequences among the PUUV strains circulating in Republic of Tatarstan. More variability (6%) was found between L segment sequences of PUUV in Tatarstan and nearby regions of Samara and Ufa.

These data suggests that PUUV circulating in republic of Tatarstan are closely related to other PUUV endemic in nearby regions. However, within the PUUV circulating in Tatarstan, there are two genetically distinct clusters.

REFERENCES

1. Khaiboullina, S.F., S.P. Morzunov, and S.C. St Jeor, *Hantaviruses: molecular biology*,

evolution and pathogenesis. Curr Mol Med, 2005. 5(8): p. 773-90.

2. Christova, I., et al., *Detection of Dobrava hantavirus RNA in Apodemus mice in Bulgaria*. J Med Virol, 2015. 87(2): p. 263-8.

3. Clewley, J.P., *Macintosh sequence analysis software*. DNASTar's LaserGene. Mol Biotechnol, 1995. 3(3): p. 221-4.

ДААННЫЕ ОБ АВТОРАХ

EMMANUEL KABWE, PhD- student Kazan Federal University Research Fellow- at Exploratory Research, Scientific and Educational Center of Pharmaceutics, Kazan (Volga Region) Federal University, Kazan Russia E-mail: emmanuelkabwe@ymail.com, or e-kabve@stud.kpfu.ru

Давидюк Юрий Николаевич, старший научный сотрудник, к.б.н., доцент / Институт фундаментальной медицины и биологии OpenLab «Генные и клеточные технологии» ИФМиБ КФУ. Электронная почта: davi.djuk@hotmail.com

Хайбуллина Светлана Францевна, к.м.н, ведущий научный сотрудник, КФУ / биологии, openlab генные и клеточные технологии ИФМиБ КФУ Электронная почта: sv.khaiboullina@gmail.com

Альберт Анатольевич Ризванов, д.б.н., Ph.D, главный научный сотрудник, профессор кафедры генетики, заведующий отделом поисковых исследований НОЦ фармацевтики Казанского (Приволжского) федерального университета ИФМиБ КФУ Электронная почта: rizvanov@gmail.com

УДК 579.64

БАЙМУХАМБЕТОВА А.С.

ВЛИЯНИЕ БАКТЕРИЙ РОДА BACILLUS НА ВСХОЖЕСТЬ РАСТЕНИЙ В ЛАБОРАТОРНЫХ УСЛОВИЯХ

Аннотация. Рассмотрено влияние бактерий рода *Bacillus* на всхожесть культур хлопчатника (*Gossypium hirsutum*) в лабораторных условиях

Ключевые слова: биудобрения, бактерии рода *Bacillus*, хлопчатник.

BAIMUKHAMBETOVA A.S.

THE IMPACT OF BACTERIA OF GENUS BACILLUS FOR GERMINATION GOSSYPIUM HIRSUTUM IN THE LABORATORY EXPERIMENT

Abstract. Examined the impact of bacteria of genus *Bacillus* for germination *Gossypium hirsutum* in the laboratory experiment

Keywords: fertilizers, bacteria of genus *Bacillus*, *Gossypium hirsutum*,

Взаимодействие микроорганизмов с высшими растениями, обеспечивают регуляцию жизненных процессов на планете. Микроорганизмы в жизни растений выполняют функцию средообразования и общего питания. Растения в свою очередь осуществляют физическую защиту микроорганизмов, обеспечивают питательными веществами, а также участвуют в их распространении [3,4,5].

Бактерии рода *Bacillus* вызывают большой интерес у исследователей по причине повсеместного распространения представителей этого рода, цикла развития, необычной устойчивости их спор к химическим и физическим агентам и патогенности.