

СЕРТИФИКАТ

Настоящим подтверждается, что

Яценко Виктория, гр. 11001717

принял(а) участие в заседании межинститутского
круглого стола «**We make the future**» 05.04.2019

с докладом „Taxonomic composition of the
bacterial components of the microbial community
of the biogas reactor BGS "Luchki"“

И. о. завкафедрой
ин. языков и
профессиональной
коммуникации

Борисовская У.В.

Главный организатор

Таранова Е.Н.

Научный руководитель

Руководитель секции



Блатевский Ю.С.

Блатевский Ю.С.

СЕРТИФИКАТ

Настоящим подтверждается, что

Лещенко Викторен, гр. 11001717

принял(а) участие в заседании межинститутского
круглого стола «We make the future» 28.03.2019

с докладом «Понятие языкового кода
в лингвистике»

И. о. завкафедрой
ин. языков и
профессиональной
коммуникации

Борисовская У. Б.

Главный организатор

Тарасова Е. Н.

Научный руководитель

Руководитель секции



Блатевич Ю. С.

Блатевич Ю. С.

TAXONOMIC COMPOSITION OF THE BACTERIAL COMPONENTS OF THE MICROBIAL COMMUNITY OF THE BIOGAS REACTOR BGS "LUCHKI"

*Yatcenko Victoria Alexandrovna,
Student, Institute of Pharmacy, Chemistry and Biology
Belgorod State National Research University, Belgorod
E-mail: viktori-y-99@mail.ru*

*Scientific advisor:
Blazhevich Yuliya Sergeevna,
Ph.D. in Philology,
Associate Professor of the Department of Foreign Languages and
Professional Communication Belgorod State National Research University,
Belgorod
E-mail: blazhevich@bsu.edu.ru*

This study is devoted to the development of methods for analyzing complex microbial communities using the real-time polymerase chain reaction and analyzing the methanogenic community of the BGS "Luchki" biogas plant.

The biogas plant "Luchki" belonging to the company Altenergo opened in the Prokhorovskiy district, Belgorod region in 2012. This is the first industrial biogas plant in Russia, which is built for processing the waste products of a meat-ware factory and the selection and hybrid center of the Agro-Belogorye Group. This small plant with the capacity of 2.4 MW can supply electrical energy for the people of the Prokhorovskiy district during the year.

This biogas plant gives researchers great opportunities for complex microbial community studies. For this purpose, various methods can be used. Traditionally, microbiological method is applied by planting the obtained colonies on nutrient media, bringing them into a pure culture, then, determining their species.

There are methods based on the analysis of genomic DNA of microorganisms. They require the isolation of total genomic DNA of the entire community, and, in many cases, the creation of metagenomic libraries of microbial DNA. One of the common methods used is metagenomic sequencing of genomic DNA regions, as a result of which sequences of hundreds of thousands of genes belonging to various community members are identified.

Another common method that has been implemented in this work is the RT-PCR method using taxon-specific primers.

In the course of the study, an analysis of scientific information was carried out, concerning both promising approaches to optimizing and improving the technology of biogas production, and the use of real-time polymerase chain reaction for analyzing multicomponent microflora samples.

Taxon-specific primers for the detection of microorganisms belonging to the *Firmicutes*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Deferribacteres*, *Saccharibacteria*,

Verrucomicrobia, *Tenericutes*, and three classes of the heterogeneous *Proteobacteria* were used.

The dominance of the types of *Firmicutes*, *Bacteroidetes* and *Proteobacteria* is observed at both stages of the process of fermentation of substrates, with the predominant dominance of the type *Firmicutes* increasing at the stage of fermentation.

In the *Proteobacteria* type, the *Gammaproteobacteria* class dominates. Representatives of the class *Betaproteobacteria* of this type are extremely scarce, its other classes are not represented in detectable quantities.

The types of *Sacharibacteria* and *Actinobacteria* are no longer detectable during the fermentation stage.

Representatives of the types *Verrucomicrobia* and *Deferribacteria* are also practically absent.

Thus, the method used allows analyzing and monitoring the methanogenic microbial communities of biogas plants to control the processes occurring in them and optimize the technology with the maximization of biogas output.

Fachsprachen ist prägend, die einen relativ starken Bezug auf Latein oder Griechisch nehmen, zum Beispiel die Sprache der Naturwissenschaften oder der Medizin.

Bei der Rechtssprache ist der Umgang mit Internationalismen eher beschränkt. Diese Tatsache hängt damit zusammen, dass das Recht eines Staates auf die Ordnung und Normen primär dieses und nur dieses einen Staates gerichtet ist. So zum Beispiel finden sich im Bürgerlichen Recht und seiner wichtigsten Quelle, dem Bürgerlichen Gesetzbuch, eher selten Beispiele für Internationalismen finden, treten in der deutschen Sprache häufig Internationalismen gleichen Ursprungs im Bereich des Handelsrechts auf, indem die Rechtstermini vom internationalen Charakter des Handels beeinflusst sind.

Das gilt für Termini wie die Aktie, die Dividende, den Emissionskurs, die Firma, das Kapital, die Option. Diese Fachterminologie sind stark an ihr Fachgebiet Handelsrecht gebunden.

In Strafrecht oder Bürgerlichen Recht sind oft Wörter, die auch außerhalb dieser rechtsgebiete in der Gemeinsprache verwendet werden. Einige Beispiele: die Adoption, die Alimente, illegal, terroristisch.

Eine besondere Rolle in der Rechtssprache spielen die festen Wortverbindungen aus dem römischen Recht, d.h. Formulierungen aus dem Lateinischen wie *pacta sunt servanda* (Verträge sind einzuhalten), *in dubio pro reo* (im Zweifel für den Angeklagten) usw. Es gibt nur sehr wenige Termini dieser Art, die vielen Nicht-Juristen bekannt sind, wie in *fragranti* oder *Status quo*, die auch außerhalb der Rechtssprache, z.B. im journalistischen Texten, Kriminalfilmen verwendet werden.

Zusammenfassend kann man sagen, die Bedeutung der Internationalismen in der Rechtssprache ist gering, was in den anderen Fachsprachen der Fall ist.

ПОНЯТИЕ ЯЗЫКОВОГО КОДА В ЛИНГВИСТИКЕ

*Yatcenko Victoria Alexandrovna,
Student, Institute of Pharmacy, Chemistry and Biology
Belgorod State National Research University, Belgorod
E-mail: viktori-y-99@mail.ru*

*Scientific advisor:
Blazhevich Yuliya Sergeevna,
Ph.D. in Philology,
Associate Professor of the Department of Foreign Languages and
Professional Communication
Belgorod State National Research University, Belgorod
E-mail: blazhevich@bsu.edu.ru*

Код – «это уникальное средство коммуникации, обозначающее объединение неких правил, ограничений, которые помогают в осуществлении речевой деятельности и выполняющие функции

определённой знаковой системы». Существуют различные виды кодов, к которым социолингвисты Беликов И.В. и Крысин Л.П., например, относят «естественные языки» (русский, английский и т.д.) и «искусственные языки» (например, эсперанто). В детстве многие из нас придумывали свой собственный тайный язык (*код*), например, свист или перестукивание.

Говоря о языковых кодах в лингвистике, имеют в виду так называемые «языковые образования». Сюда входят следующие понятия: «язык, территориальный или социальный диалект, городское койне, молодежный или профессиональный жаргон, пиджины и креолы, лингва франка» и т.п.

Также стоит отметить, что в лингвистике существует понятие «*субкод*». Под ним понимают «разновидность, подсистему какого-то общего кода». По своей сути «*субкод*» также представляет собой средство коммуникации только меньшего объема и более узкой сферы (русский литературный язык, территориальный диалект, городское просторечие, социальный жаргон). Таким образом, эти два термина – «*код*» и «*субкод*» являются синонимичными.

В отечественной лингвистике *субкоды* часто называются формами существования языка, на Западе их также именуют регистрами языка. Так, Скребнев Ю.М. читает субязык подсистемой языка, которая служит для удовлетворения целей общения в той или иной сфере. Подобно регистрам субязыки выделяются пока произвольно в зависимости от точки зрения исследователя, и число их неопределенно велико.

Функциональные стили изучены лучше, и расхождения в их выделении касаются только стиля художественной прозы и единого газетного стиля. Выделяются три основных языковых регистра (подъязыка): высокий (формальный, официальный, книжный, полный), просторечный (сниженный, неформальный, разговорный) и литературный (нейтральный, общий).

Говоря о языковых кодах, необходимо упомянуть о таком понятии как «*переключение кодов*». Большинство из нас овладевают двумя или несколькими языковыми системами (или подсистемами) в той или иной степени и умеют использовать каждую в отдельности в зависимости от ситуации. Такая способность переходить с одного языка на другой говорит о довольно высоком уровне владения языками. Так, двуязычный говорящий может соединить в одном высказывании единицы двух языков, при этом, не нарушив грамматические нормы ни одного из них.

Однако, использование в речи любых иноязычных элементов нельзя считать переключением. Переключение происходит, если в текст другого языка вносятся фразы или целые предложения, сохраняющие свою собственную внутреннюю синтаксическую структуру. Что касается включения в высказывание отдельных иноязычных вкраплений, то их можно скорее считать «инкрустациями», поскольку для их использования совсем не обязательно владеть вторым языком.



БелГУ
BELGOROD STATE
UNIVERSITY (BSU)



*Сохраним лучшее!
Приумножим достигнутое!
Сделаем это вместе!*



ГРАМОТА

Награждается

**ЯЦЕНКО ВИКТОРИЯ
АЛЕКСАНДРОВНА**

Учащийся группы 11001717
Института фармации, химии и биологии НИУ «БелГУ»

за II место в конкурсе докладов секционного заседания
Недели науки-2019 Института фармации, химии и биологии
в секции «Биотехнология сегодня и завтра»

Директор,
д.фарм.н., профессор

И.В. Спичак



Белгород 2019

Как видно, локус β -Аmy-А1 расположен на расстоянии $13,70 \pm 3,37\%$ рекомбинации от гена *B1*, контролирующего остистость колоса хромосомы 5А. Другой локус, β -Аmy-*D1*, показал сцепление величиной около 35% рекомбинации с геном *Rht-D1*, расположенным в хромосоме 4D и ответственным за высоту растений (табл. 2).

Таблица 2. Оценка сцепления локусов, контролирующих синтез изоферментов бета-амилазы (X- β), и фактора *Rht2* (= *Rht-D1b*) в комбинации F₂ АНК-12 x Руготrix

Символы аллелей	Фенотипы в F ₂		Фаза	χ^2_L	Процент рекомбинации	
	B ₋	b				
$\frac{A-\beta \times Rht-D1a}{a-\beta \quad Rht-D1b}$	A ₋	115	2	притяж.	0,14	независимая
	aa	41	1			
$\frac{D-\beta \times Rht-D1a}{d-\beta \quad Rht-D1b}$	A ₋	118	2	притяж.	5,49	38,89 \pm 4,75
	aa	38	1			
$\frac{B-\beta \times Rht-D1a}{b-\beta \quad Rht-D1b}$	A-C ₋ ,--	147	3	притяж.	89,87	33,40 \pm 10,31
	aaC ₋ ,--	9	3			

Литература.

1. Ainsworth C.C., Gale M.D. & Baird S.// Theoretical and Applied Genetics. 1983. V. 66. P. 39-49.
2. Sharp P.J., Desai S. & Gale M.D.// Theoretical and Applied Genetics. 1988. V. 76. P. 691-699.
3. McIntosh R.A., Yamazaki Y., Dubcovsky J., et. al // 12th International Wheat Genetics Symposium, 8-13 September 2013. Yokohama, Japan, 29-30, Supplements, 2017.

TAXONOMICAL STRUCTURE OF BLACK SOIL BACTERIAL COMMUNITY ON THE LEVEL OF PHYLA

Nechayeva A.I., Yatsenko V.A., Boyarshin K.S., Klyueva V.V., Kurkina Yu.N., Batlutskaya I.V.

Belgorod State National Research University (BelSU), Belgorod, Russia, kboyarshin@mail.ru

In ensuring soil fertility, an important factor is the microbial communities functioning in them. Their analysis is important to determine the functional state

of the soil, the prospects for its use in agriculture and measures that will increase its fertility. Despite the active development of powerful methods for the analysis of soil microbial communities based on metagenomic and metaproteomic approaches, taxon-specific RT-PCR remains the most convenient for wide practical use, as the fastest and cheapest method.

In this study, a technique was developed for using a set of taxon-specific primers in the taxonomic analysis of the bacterial component of the soil microflora using the example of black soil enriched with regular application of organic fertilizers.

Soil samples were taken from a depth of ~ 5 cm after thawing in March and stored for three weeks at room temperature with abundant moistening to activate the microbiota. For the study, a set of taxon-specific primers [1] was used, which included pairs specific to 6 phyla and one class of bacteria, as well as to the *Bacteria* domain as a whole.

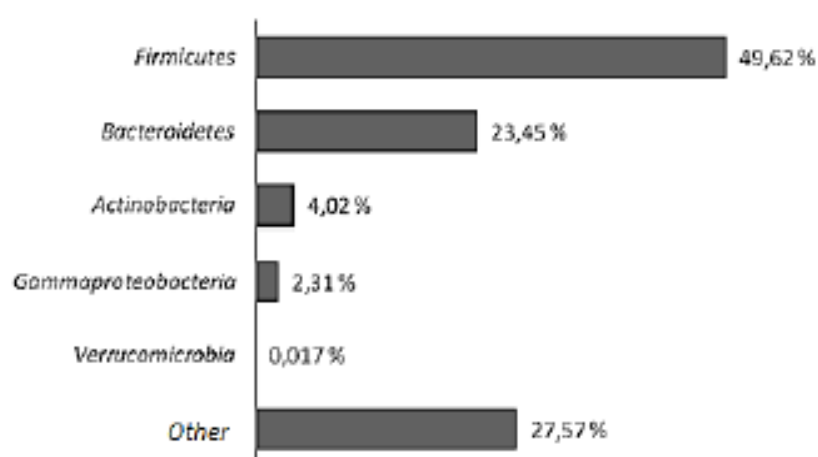


Fig. 1. Percentages of phyla Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Verrucomicrobia and class Gammaproteobacteria in a black soil sample

According to the data obtained, *Firmicutes* and *Bacteroidetes* phyla were found in large numbers in the studied sample (fig. 1). The phylum *Actinobacteria* and class *Gammaproteobacteria*, belonging to the phylum *Proteobacteria*, were represented in a smaller amount, and the phylum *Verrucomicrobia* - in the insignificant amount. The phyla *Deferribacteres* and *Tenericutes* were not detected.

Choice of taxon-specific pairs of primers for analysis was based on literature data indicating the presence of chosen taxa in the soil microflora [2, 3]. A significant proportion of bacteria belonging to phyla *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, and class *Gammaproteobacteria* is consistent with data presented in these sources. A high percentage of representatives of the phylum *Firmicutes* may be associated with the application of organic fertilizers, since the microorganisms belonging to this taxon dominate in the manure of farm animals [4].

Reference:

1. Yun-Wen Yang Use of 16S rRNA Gene-Targeted Group-Specific Primers for Real-Time PCR Analysis of Predominant Bacteria in Mouse Feces / Yun-Wen Yang, Mang-Kun Chen, Bing-Ya Yang, Xian-Jie Huang, Xue-Rui Zhang, Liang-Qiang He, Jing Zhang, Zi-Chun Hua // Applied and Environmental Microbiology, 2015 - Volume 81 - №19.
2. Iratxe Zarraonaindia. The Soil Microbiome Influences Grapevine-Associated Microbiota / Iratxe Zarraonaindia, Sarah M. Owens, Pamela Weisenhorn, Kristin West, Jarrad Hampton-Marcell, Simon Lax, Nicholas A. Bokulich, David A. Mills, Gilles Martin, Safiyh Taghavi, Daniel van der Lelie, Jack A. Gilbert // mBio, 2015 - Volume 6 - Issue 2 e02527-14.
3. Yongkyu Kim Differential Assemblage of Functional Units in Paddy Soil Microbiomes / Yongkyu Kim, Werner Liesack // PLOS ONE, 2015.
4. Michelle M. O' Donnell Core fecal microbiota of domesticated herbivorous ruminant, hindgut fermenters, and monogastric animals / Hugh M. B. Harris, R. Paul Ross, Paul W. O'Toole // Microbiology Open, 2017; 6:509

БИОХИМИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ *RIBES AUREUM* PURSH В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ

*Нигматзянов Р.А.¹, Бурменко Ю.В.², Сорокопудов В.Н.²,
Вострикова Т.А.³, Сорокопудова О.А.², Воронин А.А.³*

1 – Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства - обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимский федеральный исследовательский центр РАН, Россия, Уфа, gadmil.nigmatzyanov@yandex.ru

2 – Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Всероссийский селекционно-технологический институт садоводства и питомниководства", Россия, Москва.

3 – Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Воронежский государственный университет", Россия, Воронеж,

Ribes aureum Pursh нетрадиционная пищевая культура. Сорты этой культуры обладают широкой экологической пластичностью, что позволяет их возделывать в условиях, где другие виды смородины чувствуют себя угнетенно. В ягодах смородины золотистой содержатся сахара (6,3 - 17,0 %), сухие вещества (17 - 25 %), витамин С (23,2 – 125 мг %), пектин (0,6 - 2,9 %), органические кислоты (до 2,1 %), антоцианы (200 - 470 мг %). По содержанию в ягодах каротина (8- 19 мг % в пересчете на β-каротин) *R. aureum* стоит на первом месте в роде смородин. Плоды *R. aureum* имеют различную окраску, от желтой с переходом через красный до черной. Максимальное содержание каротина характерно для наиболее темноокрашенных форм.

В период с 2010 по 2016 года проведено многолетнее исследование первых районированных в России сортов смородины золотистой 'Венера', 'Ляйсан' и 'Шафак' в условиях Белгородской области и республике Башкортостан. Регионы различны по климатическим условиям, так для

MICROBIAL COMMUNITY OF BIOGAS PLANT FEEDING WITH COMPLEX SUBSTRATE: ARCHAEA/BACTERIA RATIO DYNAMICS BY THE STAGES OF FERMENTATION

*Iatsenko V.A.¹, Nechaeva A.I.¹, Boyarshin K.S.¹, Klyueva V.V.¹,
Ohrimchuk D.P.², Bredihin V.P.², Batlutskaya I.V.¹*

1 – Belgorod State National Research University (BelSU), Belgorod, Russia, kboyarshin@mail.ru

2 – L.L.C. "AltEnergo", Belgorod, Russia

Bacteria and *Archaea* play different roles in biomethanation process and their quantities are important parameter to govern it [1, 2]. The aim of our work is to elaborate the fast and cheap methodic for quantification of *Archaea* and *Bacteria* in methanogenic communities. To achieve it RT PCR technology was used with three primer pairs specific to 16S rRNA genes of *Bacteria* and *Archaea* [3] and to lambda phage DNA. 311.24 pM lambda phage DNA was added to each 150 µl sample of fermenting mix and effluent prior to microbiota DNA isolation to enable quantification of bacterial and archaeal 16S rRNA genes despite occasional levels of DNA losses. DNA was isolated using diaGene DNA extraction kit (Dia-M, Moscow). Reaction mixture for RT PCR contained 2,5x Reaction Mix + SYBR Green I (Syntol, Moscow), 5 µg/ml of template DNA and 0.3 µM of each primer. The amplification program included 5 min 95 °C initial denaturing step and 40 cycles with 95, 60 and 72 °C steps 20 s each.

Quantification of bacterial and archaeal 16S rRNA genes was carried out using the formula based on the assumption of equality of lambda phage and bacterial/archaeal amplicon DNA mass amounts in the fluorescence threshold points.

$$C_1 = C_\lambda \frac{A_\lambda^{Cq_\lambda} L_\lambda}{A_1^{Cq_1} L_1}$$

C – molar concentration of recognizable sequences on the template DNA, L – amplicon length, A – amplification factor, Cq – amplification cycle quantity needed to achieve the fluorescence intensity threshold for the chosen template delution. Index λ corresponds standard DNA (lambda phage), index 1 – DNA to be analysed.

Amplification factors for three primer pairs were calculated on the base of three 10-fold template dilutions used in triplicate. Despite the presence of DNA recognizable by the primers for lambda phage in the control DNA preparations without its addition, amount of such sequences was negligible compared with amount of lambda phage DNA added to the main preparations and could not influence the results.

The biogas plant “Luchki” (AltEnergо L.L.C.) is situated in the north of Belgorod oblast (Russia). Its architecture consists of the four main tanks with mixing and thermostat facilities. Fermenting mix from tanks 1 and 2 enters tank 3, than tank 4 and than is discarded and utilized. Tanks 1 and 2 are loaded with complex mix of swine manure, meat waste, silage, sugar beet pulp and other organic substrates. Operating temperature is 39 °C. Molar concentrations of 16S rRNA genes of *Bacteria* and *Archaea* that were determined in the present research are shown on the table 1.

Table 1

Molar concentrations of bacterial and archaeal 16S rRNA genes in the samples from different tanks and effluent of biogas plant “Luchki” and the percentages of archeal ones.

	Tank 1	Tank 2	Tank 3	Tank 4	Effluent
<i>Bacteria</i> , pM	776	1 571	1 461	615	634
<i>Archaea</i> , pM	71	32	125	10	17
<i>Archaea</i> , %	8.3	2.0	7.9	1.6	2.6

The most dense bacterial population we detected in the tanks 2 and 3. This should mark the most intense processes of substrate decomposition and fermentation. The highest amount of archaea is observed in the tank 3. Here we should observe the most active methanogenesis processes. The lowest levels of both bacteria and archaea are in the tank 4 and in effluent poured out from it. The results are consistent with technological partition of the biomethanation process in the plant and confirm applicability of the method used.

Literature

1. Enzmann F., Mayer F., Rother M., Holtmann D. // *AMB Express*. 2018. V. 91. Article number: 1.
2. Kougiyas, P.G., Angelidaki, I. // *Frontiers of Environmental Science & Engineering*. 2018. V. 12. N. 14. P. 1-12.
3. Bayer K., Kanke J., Hentschel U. // *FEMS Microbiology Ecology*. 2014. V. 89. N. 3. P. 679-690.