

ISSN 1991-346X

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ
ҰЛТТЫҚ ҒЫЛЫМ АКАДЕМИЯСЫНЫҢ

Х А Б А Р Л А Р Ы

ИЗВЕСТИЯ

НАЦИОНАЛЬНОЙ АКАДЕМИИ НАУК
РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН

NEWS

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES
OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

**ФИЗИКА-МАТЕМАТИКА
СЕРИЯСЫ**



СЕРИЯ

ФИЗИКО-МАТЕМАТИЧЕСКАЯ



**PHYSICO-MATHEMATICAL
SERIES**

2 (300)

НАУРЫЗ – СӘУІР 2015 ж.

МАРТ – АПРЕЛЬ 2015 г.

MARCH – APRIL 2015

1963 ЖЫЛДЫҢ ҚАҢТАР АЙЫНАН ШЫҒА БАСТАҒАН
ИЗДАЕТСЯ С ЯНВАРЯ 1963 ГОДА
PUBLISHED SINCE JANUARY 1963

ЖЫЛЫНА 6 РЕТ ШЫҒАДЫ
ВЫХОДИТ 6 РАЗ В ГОД
PUBLISHED 6 TIMES A YEAR

АЛМАТЫ, ҚР ҰҒА
АЛМАТЫ, НАН РК
ALMATY, NAS RK

Б а с р е д а к т о р

ҚР ҰҒА академигі,

Мұтанов Г. М.

Р е д а к ц и я а л қ а с ы:

физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Әшімов А.А.**; техн. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Байғұнчечков Ж.Ж.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Жұмаділдаев А.С.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Қалменов Т.Ш.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Мұқашев Б.Н.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Өтелбаев М.О.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Тәкібаев Н.Ж.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА академигі **Харин С.Н.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Әбішев М.Е.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Жантаев Ж.Ш.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Қалимолдаев М.Н.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Косов В.Н.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Мұсабаев Т.А.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Ойнаров Р.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Рамазанов Т.С.** (бас редактордың орынбасары); физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Темірбеков Н.М.**; физ.-мат. ғ. докторы, проф., ҚР ҰҒА корр. мүшесі **Өмірбаев У.У.**

Р е д а к ц и я к ең е с і:

Украинаның ҰҒА академигі **И.Н. Вишневский** (Украина); Украинаның ҰҒА академигі **А.М. Ковалев** (Украина); Беларусь Республикасының ҰҒА академигі **А.А. Михалевич** (Беларусь); Әзірбайжан ҰҒА академигі **А. Пашаев** (Әзірбайжан); Молдова Республикасының ҰҒА академигі **И. Тигиняну** (Молдова); мед. ғ. докторы, проф. **Иозеф Банас** (Польша)

Главный редактор

академик НАН РК

Г. М. Мутанов

Редакционная коллегия:

доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **А.А. Ашимов**; доктор техн. наук, проф., академик НАН РК **Ж.Ж. Байгунчеков**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **А.С. Джумадильдаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **Т.Ш. Кальменов**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **Б.Н. Мукашев**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **М.О. Отелбаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **Н.Ж. Такибаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., академик НАН РК **С.Н. Харин**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **М.Е. Абишев**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **Ж.Ш. Жантаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **М.Н. Калимолдаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **В.Н. Косов**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **Т.А. Мусабаев**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **Р. Ойнаров**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **Т.С. Рамазанов** (заместитель главного редактора); доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **Н.М. Темирбеков**; доктор физ.-мат. наук, проф., чл.-корр. НАН РК **У.У. Умирбаев**

Редакционный совет:

академик НАН Украины **И.Н. Вишневский** (Украина); академик НАН Украины **А.М. Ковалев** (Украина); академик НАН Республики Беларусь **А.А. Михалевич** (Беларусь); академик НАН Азербайджанской Республики **А. Пашаев** (Азербайджан); академик НАН Республики Молдова **И. Тигиняну** (Молдова); д. мед. н., проф. **Иозеф Банас** (Польша)

«Известия НАН РК. Серия физико-математическая». ISSN 1991-346X

Собственник: РОО «Национальная академия наук Республики Казахстан» (г. Алматы)

Свидетельство о постановке на учет периодического печатного издания в Комитете информации и архивов Министерства культуры и информации Республики Казахстан №5543-Ж, выданное 01.06.2006 г.

Периодичность: 6 раз в год.

Тираж: 300 экземпляров.

Адрес редакции: 050010, г. Алматы, ул. Шевченко, 28, ком. 219, 220, тел.: 272-13-19, 272-13-18,

www.nauka-nanrk.kz / physics-mathematics.kz

© Национальная академия наук Республики Казахстан, 2015

Адрес типографии: ИП «Аруна», г. Алматы, ул. Муратбаева, 75.

Editor in chief

G. M. Mutanov,
academician of NAS RK

Editorial board:

A.A. Ashimov, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **Zh.Zh. Baigunchekov**, dr. eng. sc., prof., academician of NAS RK; **A.S. Dzhumadildayev**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **T.S. Kalmenov**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **B.N. Mukhashev**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **M.O. Otelbayev**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **N.Zh. Takibayev**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **S.N. Kharin**, dr. phys-math. sc., prof., academician of NAS RK; **M.Ye. Abishev**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **Zh.Sh. Zhantayev**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **M.N. Kalimoldayev**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **V.N. Kosov**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **T.A. Mussabayev**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **R. Oinarov**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **T.S. Ramazanov**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK (deputy editor); **N.M. Temirbekov**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK; **U.U. Umirbayev**, dr. phys-math. sc., prof., corr. member of NAS RK

Editorial staff:

I.N. Vishnievski, NAS Ukraine academician (Ukraine); **A.M. Kovalev**, NAS Ukraine academician (Ukraine); **A.A. Mikhalevich**, NAS Belarus academician (Belarus); **A. Pashayev**, NAS Azerbaijan academician (Azerbaijan); **I. Tighineanu**, NAS Moldova academician (Moldova); **Joseph Banas**, prof. (Poland).

News of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan. Physical-mathematical series.
ISSN 1991-346X

Owner: RPA "National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan" (Almaty)

The certificate of registration of a periodic printed publication in the Committee of information and archives of the Ministry of culture and information of the Republic of Kazakhstan N 5543-Ж, issued 01.06.2006

Periodicity: 6 times a year

Circulation: 300 copies

Editorial address: 28, Shevchenko str., of. 219, 220, Almaty, 050010, tel. 272-13-19, 272-13-18,

www.nauka-nanrk.kz / physics-mathematics.kz

© National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, 2015

Address of printing house: ST "Aruna", 75, Muratbayev str, Almaty

NEWS

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

PHYSICO-MATHEMATICAL SERIES

ISSN 1991-346X

Volume 2, Number 300 (2015), 124 – 128

SEARCH OF THE HOMOLOGOUS NUCLEOTIDE SEQUENCES BASED ON BIOINFORMATIC MODELING

B. M. Mazakova¹, A. T. Zhakipov², A. C. Zhumakhanova¹

¹S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University, Astana, Kazakhstan,

²Lomonosov Moscow State University (MSU) branch of Kazakhstan, Astana

Keywords: nucleotide sequence homology, alignment, bioinformatics, Smith-Waterman algorithm.

Abstract. This paper will consider the problem of searching the sequence of nucleotide homology, the result of which is the construction ordered by degree of similarity with the query of *list of sequences*. Subsequently, this list can be used by geneticists to determine the degree of relatedness of organisms. Solution of the problem is reduced to finding the optimal alignment.

In other words, it is necessary to find such sites in the sequences and a transformation that they would give the maximum weight on the similarity. The result of this work is the software with graphical user interface that provides homology search and display the corresponding results.

УДК 004.42

БИОИНФОРМАТИКАЛЫҚ МОДЕЛЬДЕУ НЕГІЗІНДЕ ГОМОЛОГИЯЛЫҚ НУКЛЕОТИДТІ ТІЗБЕКТЕРДІ ІЗДЕУ

Б. М. Мазақова¹, А. Т. Жақыпов², А. С. Жұмаханова¹

¹С. Сейфуллин атындағы Қазақ Агротехникалық университет

²М. В. Ломоносов атындағы ММУ Қазақстандық филиалы, Астана

Тірек сөздер: нуклеотидті тізбектер, гомологтар, теңестіру, биоинформатика, Смит-Ватерман алгоритмі.

Аннотация. Осы жұмыста тізбектер тізімін сұратумен ұқсаушылық дәрежесі бойынша реттелген құрылым нәтижесі болатын нуклеотидті тізбектердің гомологтарын табу есебі қарастырылады. Кейін бұл тізімді организмдердің туыстық дәрежесін анықтау үшін генетиктер қолдана алады. Қойылған есептің шешімі оңтайлы теңестіруді табуға бағытталған. Басқаша айтқанда, салыстырылатын тізбектерде ұқсаушылық бойынша максимал ықпал ететіндей бөліктерді және өзгерісті табу қажет. Осы жұмыстың қорытындысы гомологтарды табу және сәйкес нәтижелерді шығаруды іске асыратын пайдаланушылық графикалық интерфейсін бар бағдарламалық өнім болып табылады.

Биоинформатика – төмендегілерді қамтитын [1] әдістер және тәсілдер жиынтығы:

1. Салыстырмалы геномикадағы (геномдық биоинформатика) компьютерлік талдаудың математикалық әдістері.
2. Белоктардың кеңістіктік құрылымын (құрылымдық биоинформатика) болжау үшін алгоритмдер және бағдарламалар әзірлемесі.
3. Есептеу әдіснамаларға сәйкес стратегияларды зерттеу, сондай-ақ, биологиялық жүйелердің ақпараттық күрделігін жалпы басқару.

Биоинформатиканың негізгі мақсаты – биологиялық үдерістерді түсінуге ықпал ету. Биоинформатиканың басқа тәсілдерден айырмашылығы осы мақсатқа жетудегі қарқынды есептеу

әдістерін жасау және қолдануды көздеуі деп саналады. Осындай әдістер үлгілері: бейнелерді танып білу, datamining, машиналық оқыту алгоритмдері және биологиялық деректердің визуалдандыруы. Зерттеушілердің негізгі күш салуы тізбектерді теңестіру есептерін шешуге, гендерді табуға (гендерді кодтайтын ДНҚ аймағын табу), геномның мағынасын ашуға, дәрі-дәрмектерді құрауға, дәрі-дәрмектерді әзірлеуге, ақуыз құрылымын теңестіруге, ақуыз құрылымын болжауға, гендердің дәлдігін және «ақуыз-ақуыз» өзара әрекетін болжауға, ассоциацияларды толықгеномды іздеуге және эволюцияны модельдеуге бағытталған. Қазіргі күні биоинформатика биологиялық деректерді талдау және басқаруда кездесетін практикалық және теориялық мәселелерді шешуге арналған есептеу және статистикалық әдістер мен теорияларды, алгоритмдерді, деректер қорын жасау және жетілдіруді білдіреді.

Алдағы қарастыру жеңіл болу үшін бірнеше анықтамаларды енгіземіз.

Тізбекті қарапайым өзгерту – әріпті алмастыру немесе әріпті өшіру немесе әріпті кірістіру.

Редакциялық арақашықтық – бір тізбекті басқасына аударатын қарапайым өзгертулердің минимал саны. *Тізбектерді салыстыру есебін ресімдеу*: минимал редакциялық арақашықтық және оны іске асыратын өзгертулер жиынтығын табу.

Бұл есептің негізгі түсінігін теңестіру құрайды.

Тізбектерді теңестіру – осы тізбектерде ұқсас бөліктерді оңай көру үшін екі немесе одан көп ДНҚ, РНҚ мономерлер тізбектерінің немесе ақуыздардың бір-бірінің астында қатар орналасуына негізделген биоинформатикалық әдіс. Екі молекуланың алғашқы құрылымының ұқсастығы олардың функционалдық, құрылымдық немесе эволюциялық өзара байланысын [1] көрсете алады. Көбінде теңестіру нәтижесін түсіндіруде, тізбектер матрицаның жолдарында бірдей элементтер (нуклеотидтер және аминқышқылдар) бір-бірінің астында (бір бағанда) болатындай орналасады. «Алшақтықтар» «-» белгісімен алмастырылады немесе ұяшық бос қалады. Іздеу алгоритмдері үлкен деректер қорында көрсетілген өлшемдер бойынша бір берілген тізбекпен ұқсас тізбектерді іздеу үшін қолданылады. Кеңінен танымал бағдарламалар: BLAST және FASTA3х.

Қос теңестіру екі тізбектің ұқсас бөліктерін табу үшін қолданылады. Ғаламдық және жергілікті теңестірулер ерекшеленеді.

Ғаламдық теңестіру тізбектер бүкіл ұзындығы бойынша ұқсас болатынын ұйғарады. Ғаламдық теңестіру екі кіріс тізбекті толығымен қамтиды.

Жергілікті теңестіру қолданылады, егер тізбектер туыстық (гомологиялық) сияқты туыстық емес бөліктерді де қамтыған жағдайда. Жергілікті теңестірудің нәтижесі тізбектердің әрқайсысында бөлікті таңдау және осы бөліктердің арасында теңестіру болып табылады.

Қос теңестіруді шығару үшін динамикалық бағдарламалау әдісінің түрлері қолданылады: ғаламдық теңестіру үшін Нидлман–Вунш алгоритмі, жергілікті үшін – Смит–Ватерман алгоритмі. Теңестіру параметрлері – сәйкестік үшін сыйлықақы; – сәйкессіздік үшін айыппұл; – делеция үшін айыппұл.

Ғаламдық теңестіру Нидлман–Вунш алгоритмі – биоинформатикада аминқышқылды немесе нуклеотидті тізбектердің теңестіруін құруда қолданылатын екі тізбектің (оларды А және В деп атаймыз) теңестіруін орындауға арналған алгоритм. Алгоритмді 1970 жылы Сол Нидлман және Кристиан Вунш [3] ұсынды. Нидлман–Вунш алгоритмі динамикалық бағдарламалау үлгісі бола отырып, ол биологиялық тізбектерді салыстыруда динамикалық бағдарламалау қолданбасының алғашқы үлгісі де болды. Теңескен символдардың сәйкестігі ұқсастық матрицасымен беріледі. Мұндағы $S(a, b)$ – а және b символдарының ұқсастығы. Сондай-ақ, d болып белгіленген, алшақтық үшін сызықтық айыппұл қолданылады. Мысалы, егер ұқсастық матрицасы кестемен берілсе

–	A	G	C	T
A	10	-1	-3	-4
G	-1	7	-5	-3
C	-3	-5	9	0
T	-4	-3	0	8

онда теңестіру

A G A C T A G T T A C (3.1)

C G A – – – G A C G T (3.2)

$d = -5$ алшақтық үшін айыппұлмен бірге баға төмендегідей:

$$S(A,C) + S(G,G) + S(A,A) + 3 \times d + S(G,G) + S(T,A) + S(T,C) + S(A,G) + S(C,T) = \\ = -3 + 7 + 10 - (3 \times 5) + 7 - 4 + 0 - 1 + 0 = 1.$$

Ең жоғарғы бағамен теңестіруді табу үшін A тізбегінде неше символ болса, сонша жолдарды және B тізбегінде неше символ болса, сонша бағандарды қамтитын F матрицасы белгіленеді. i жолындағы және j бағанында жазба F_{ij} болып белгіленеді. Сонымен, егер біз n және m өлшеміндегі тізбектерді теңестірсек, онда қажет жадының саны $O(nm)$ болады. Алгоритм жұмысының барысында F_{ij} шамасы A -да алғашқы $i = 0, \dots, n$ символдарын және B -да алғашқы $j = 0, \dots, m$ символдарын теңестіру үшін оңтайлы бағаның мәндерін қабылдайды. Онда Беллман оңтайлылық принципі төмендегідей болады:

$$\text{Базис:} \quad F_{0j} = d \cdot j \quad (3.4), \quad F_{i0} = d \cdot i \quad (3.3)$$

Оңтайлылық принципіне негізделген рекурсия:

$$F_{ij} = \max(F_{i-1, j-1} + S(A_i, B_j), F_{i, j-1} + d, F_{i-1, j} + d).$$

F матрицасы есептеліп шығарылғанда, оның F_{ij} элементі мүмкін болатын теңестірулер ішінен максимал бағаны береді. Осындай бағаны иеленген теңестірудің өзін есептеу үшін оның қайдан шыққанын көру үшін оң жақ төменгі шақпақтан бастап, ондағы мәндерді үш мүмкін негіздермен (сәйкестік, кірістіру немесе делеция) салыстыру қажет. Сәйкестік жағдайында A_i және B_j теңестірілген, делеция жағдайында A_i алшақтықпен теңестірілген, ал алшақтықпен кірістіру жағдайында B_j теңестірілген. (Жалпы жағдайда, альтернативтік оңтайлы теңестірулерге әкелетін, бірдей мәндерімен бір нұсқадан артық болуы мүмкін.)

Смит–Ватерман алгоритмі тізбектердің жергілікті теңестірулерін алу үшін арналған, яғни екі нуклеотидті немесе ақуыздық тізбектердің ұқсас бөліктерін анықтау үшін. Тізбектерді бүкіл ұзындығы бойынша теңестіруді жүзеге асыратын Нидлман–Вунш алгоритмінен айырмашылығы, Смит–Ватерман алгоритмі барлық мүмкін ұзындықтардың кесінділерін салыстырады және барлық кесінділер және осы кесінділердің барлық теңестірулері бойынша ұқсастық мөлшерін оңтайландырады. Алгоритмді 1981 жылы [3] Т.Ф.Смит және М.Ватерман ұсынған. Нидлман–Вунш алгоритміне ұқсас, Смит–Ватерман алгоритмі динамикалық бағдарламалау принципін қолданады. Ол бағалау сапасының мөлшерін қолдану жөніндегі оңтайлы жергілікті теңестіруді табуға кепілдік береді. Бұл бағалау мөлшері – бір аталатын салмақ, немесе алмастырулар және «гэптер» үшін айыппұлдар (яғни кірістірулер мен делециялар) матрицасының қолдануын қамтитын (Score) теңестіру есебі (3.1) мысалында теңестіру оңтайлы болады

$$\begin{matrix} GA \\ GA \end{matrix}$$

ал оған сәйкес баға

$$S(G,G) + S(A,A) = 7 + 10 = 17.$$

Нидлман–Вунш алгоритміндегідей, (3.3) ережесі бойынша F матрицасы құрылады, мұндағы рекурсия төмендегідей:

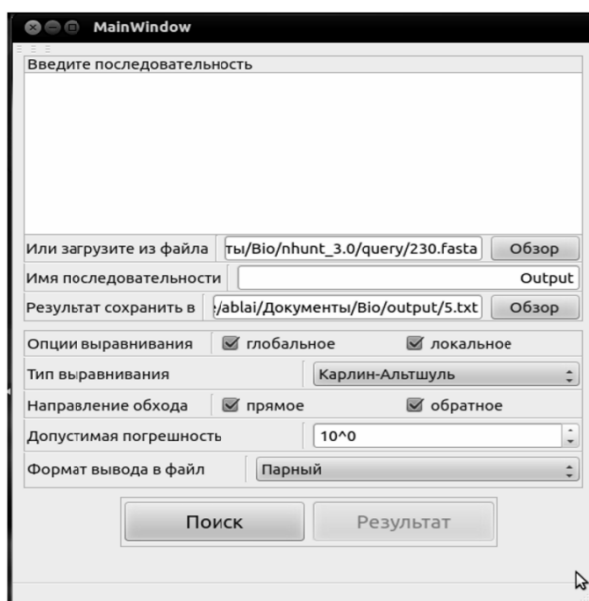
$$F_{ij} = \max(F_{i-1, j-1} + S(A_i, B_j), F_{i, j-1} + d, F_{i-1, j} + d, 0).$$

Теңестірудің құрылуы басталатын жол соңының нүктесі былай анықталады:

$$(i_{\max}, j_{\max}) = \operatorname{argmax} F_{ij}.$$

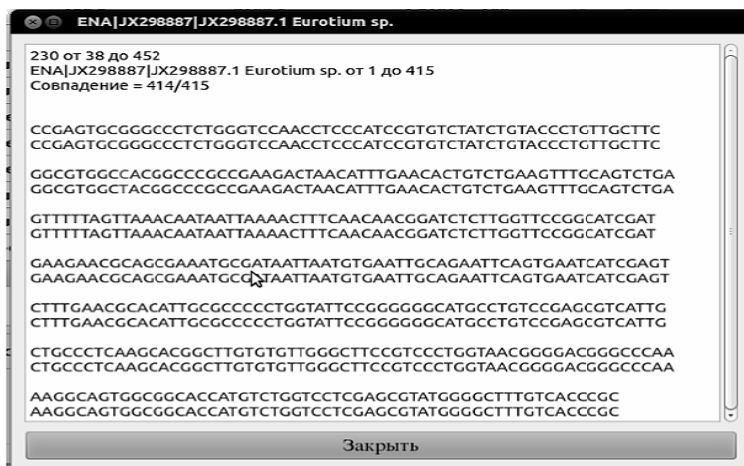
Ағымдағы F_{ij} элементінде оң алдынгы қалаушылар біткен кезде теңестірудің құрылу үдерісі аяқталады.

Бағдарламаны жазу үшін жоғарыда сипатталған Нидлман–Вунш и және Смит–Ватерман теңестіру алгоритмдері, C++ бағдарламалау тілі, Qt5, ОС Linux біріктірілген әзірлеу ортасы. Пайдаланушыға енгізу үшін ұсынылатын кіріс параметрлері – сұрату-тізбек (оны қамтитын файлға жол немесе тікелей енгізу), іздеу нәтижесі форматталып шығарылған файлға жол, теңестіру типі, мүмкін болатын ауытқушылық және шығару форматы. Бағдарламаның интерфейсін күрделендірмеу үшін, сәйкестік үшін сыйлықақы, сәйкессіздік үшін айыппұл, делецияның ашылуы және жалғасуы, сәйкестіктің минимал саны сияқты теңестіру параметрлерінің мәндері үнсіздік бойынша орнатылған. «Іздеу» батырмасын басқанда деректер қоры бойынша гомологтарды іздеу жүргізіледі. Деректер қорының өзі ENA-дан (European Nucleotide Archive) алынған. Шығару ретінде сұратумен ұқсас, кему бойынша реттелген гомологтар кестесі беріледі.



Штамп	Имя	Совпадение, %	Схожесть, баллы	Погрешность
1 ENA AM901702 A...	Eurotium sp.	100.0	2198.6	1.01811e-188
2 ENA HM991283 H...	Eurotium sp.	99.8	2189.7	6.25282e-188
3 ENA U18357 U183...	Eurotium rubrum	99.6	2185.6	1.43525e-187
4 ENA JX232274 JX...	Eurotium rubrum	98.9	2152.1	1.32546e-184
5 ENA AF455464 AF...	Eurotium amstelo...	98.9	2152.1	1.32546e-184
6 ENA AF455470 AF...	Eurotium amstelo...	98.9	2152.1	1.32546e-184
7 ENA AF455520 AF...	Eurotium amstelo...	98.9	2152.1	1.32546e-184
8 ENA HQ026739 H...	Eurotium rubrum	99.8	2082.3	2.0128e-178
9 ENA EF634402 EF...	Eurotium rubrum	99.8	2063.8	8.78929e-177
10 ENA FR727115 FR...	Aspergillus ruber	99.8	2048.3	2.1031e-175
11 ENA JX298887 JX...	Eurotium sp.	99.8	2008.1	7.69795e-172
12 ENA FJ430774 FJ4...	Penicillium chryso...	84.1	1652.6	2.39291e-140

Кесте штамп, түрдің атауы, дәл келу пайызы, теңестіру салмағы және ауытқушылық сияқты деректерді қамтиды. Мұнда көрсетілген теңестіру салмағынан кем емес тізбектерді ғана шығаруға мүмкіндік беретін фильтри бар. Үнсіздік бойынша бұл шек 0-ге тең. Кестенің кез-келген жолын таңдауда теңестірудің өзін қарап шығуға болады



ӘДЕБИЕТ

- [1] Дурбин Р., Эдди Ш., Крэг А., Митчисон Г. Анализ биологических последовательностей. – М. – Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотичная динамика», 2006. – 480 б.
- [2] Бородовский М., Екишева С. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей. – М. – Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотичная динамика», 2008. – 420 б.
- [3] Сетубал Ж., Мейданис Ж. Введение в вычислительную молекулярную биологию. – М. – Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотичная динамика», 2007. – 420 б.
- [4] Altschul S., Gish W., Miller W., Myers E., Lipman D. Basic local alignment search tool. – Journal of Molecular Biology, 215(3): 403–410, October 5, 1990.

REFERENCES

- [1] Durbin R, Eddy S., A. Krogh, G. Mitchison analysis of biological sequences. - M. - Izhevsk: "Regular and chaotic dynamics", 2006, 480 p. (in Russ.)
- [2] Borodovskii M., S. Ekisheva Challenges and solutions for the analysis of biological sequences. - M. - Izhevsk: "Regular and chaotic dynamics ung", 2008, 420 p. (in Russ.)
- [3] J. Setubal, Meydanis J. Introduction to computational molecular biology. - M. - Izhevsk: "Regular and chaotic dynamics", 2007, 420 p. (in Russ.)
- [4] Altschul S., Gish W., Miller W., Myers E., Lipman D. Basic local alignment search tool. – Journal of Molecular Biology, October 5, 1990, 215(3): 403–410, (in English.).

**ПОИСК ГОМОЛОГИЧЕСКИХ НУКЛЕОИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ
НА ОСНОВЕ БИОИНФОРМАТИЧЕСКОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ**

Б. М. Мазакова¹, А. Т. Жакыпов², А. С. Жумаханова¹

¹Казахский агротехнический университет имени С.Сейфуллина (Астана)

²Казахстанский филиал МГУ имени М.В.Ломаносова (Астана)

³Казахский агротехнический университет имени С.Сейфуллина (Астана)

Ключевые слова: нуклеотидные последовательности, гомологи, выравнивание, биоинформатика, алгоритм Смита-Ватермана.

Аннотация. В настоящей работе рассматривается задача поиска гомологов нуклеотидных последовательностей, результатом которой является построение упорядоченного по степени схожести с запросом списка последовательностей. Впоследствии этот список может использоваться генетиками для определения степени родства организмов. Само решение поставленной задачи сводится к поиску оптимального выравнивания. Иными словами, нужно найти такие участки в сравниваемых последовательностях и такое преобразование, что они давали бы максимальный вес по схожести. Итогом данной работы является программный продукт с пользовательским графическим интерфейсом, реализующий поиск гомологов и вывод соответствующих результатов.

Поступила 17.03.2015 г.

**Publication Ethics and Publication Malpractice
in the journals of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan**

For information on Ethics in publishing and Ethical guidelines for journal publication see <http://www.elsevier.com/publishingethics> and <http://www.elsevier.com/journal-authors/ethics>.

Submission of an article to the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan implies that the described work has not been published previously (except in the form of an abstract or as part of a published lecture or academic thesis or as an electronic preprint, see <http://www.elsevier.com/postingpolicy>), that it is not under consideration for publication elsewhere, that its publication is approved by all authors and tacitly or explicitly by the responsible authorities where the work was carried out, and that, if accepted, it will not be published elsewhere in the same form, in English or in any other language, including electronically without the written consent of the copyright-holder. In particular, translations into English of papers already published in another language are not accepted.

No other forms of scientific misconduct are allowed, such as plagiarism, falsification, fraudulent data, incorrect interpretation of other works, incorrect citations, etc. The National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan follows the Code of Conduct of the Committee on Publication Ethics (COPE), and follows the COPE Flowcharts for Resolving Cases of Suspected Misconduct (http://publicationethics.org/files/u2/New_Code.pdf). To verify originality, your article may be checked by the Cross Check originality detection service <http://www.elsevier.com/editors/plagdetect>.

The authors are obliged to participate in peer review process and be ready to provide corrections, clarifications, retractions and apologies when needed. All authors of a paper should have significantly contributed to the research.

The reviewers should provide objective judgments and should point out relevant published works which are not yet cited. Reviewed articles should be treated confidentially. The reviewers will be chosen in such a way that there is no conflict of interests with respect to the research, the authors and/or the research funders.

The editors have complete responsibility and authority to reject or accept a paper, and they will only accept a paper when reasonably certain. They will preserve anonymity of reviewers and promote publication of corrections, clarifications, retractions and apologies when needed. The acceptance of a paper automatically implies the copyright transfer to the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan.

The Editorial Board of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan will monitor and safeguard publishing ethics.

Правила оформления статьи для публикации в журнале смотреть на сайте:

www.nauka-nanrk.kz

physics-mathematics.kz

Редактор *М. С. Ахметова*
Верстка на компьютере *Д. Н. Калкабековой*

Подписано в печать 20.03.2015.
Формат 60x881/8. Бумага офсетная. Печать – ризограф.
10,5 п.л. Тираж 300. Заказ 2.