

ISSN 1998-6688

KAZAKH  BRITISH
T E C H N I C A L
U N I V E R S I T Y

ВЕСТНИК

КАЗАХСТАНСКО-БРИТАНСКОГО
ТЕХНИЧЕСКОГО УНИВЕРСИТЕТА

Том 17, Выпуск 1
Март 2020

**ҚАЗАҚСТАН - БРИТАН ТЕХНИКАЛЫҚ
УНИВЕРСИТЕТІНІҢ**

ХАБАРШЫСЫ

HERALD

**OF THE KAZAKH - BRITISH TECHNICAL
UNIVERSITY**

ВЕСТИНИК

**КАЗАХСТАНСКО - БРИТАНСКОГО
ТЕХНИЧЕСКОГО УНИВЕРСИТЕТА**

**Volume 17, Issue 1
January-March 2020**

ҚАЗАҚСТАН - БРИТАН ТЕХНИКАЛЫҚ УНИВЕРСИТЕТІНІҢ
ХАБАРШЫСЫ

HERALD
OF THE KAZAKH - BRITISH TECHNICAL UNIVERSITY

ВЕСТНИК
КАЗАХСТАНСКО - БРИТАНСКОГО ТЕХНИЧЕСКОГО УНИВЕРСИТЕТА

Алматы

№ 1 (52)

2020

Главный редактор – Ректор КБТУ,
Ибрашев К.Н.

Заместитель главного редактора –
Габдуллин М.Т.

ЧЛЕНЫ РЕДКОЛЛЕГИИ:

**Акжалова А.Ж., Агсуши Иное, Байгунчеков Ж.Ж., Бекмухаметова З.А.,
Буркитбаев М.М., Gavin Kretzschmar, Джанг Ванг Ли, Джумадилдаев А.С.,
Ергожин Е.Е., Еремин Н.А., Журинов М.Ж., Йозеф Монтаг,
Коробкин В.В., Masakazu Yoshikawa, Мынбаев К.Т., Рамеш Кини,
Сатубалдин С.С., Скакова А.А., Сулейменов Э.Н., Танекенов А.,
Умаров Ф.Ф., Харин С.А., Шакуликова Г.Т., Шейх Али Д.М.**

Издание зарегистрировано Министерством культуры и информации
Республики Казахстан. Свидетельство о постановке на учет
СМИ № 9757 - Ж от 03.12.2008 г.

Журнал зарегистрирован в Международном центре по регистрации сериальных изданий
ISSN (ЮНЕСКО, г. Париж, Франция)

Подписной индекс - 74206

Издается с 2004 года. Выходит 4 раза в год.

УЧРЕДИТЕЛЬ
Казахстанско-Британский технический университет

CONTENTS

OIL AND GAS ENGINEERING

Adilbekova A.O., Orazgali D.T., Ertaeva A.B. MICROWAVE TREATMENT FOR DEWATERING OF CRUDE OIL EMULSIONS	9
Ivakhnenko A.P., Yessentayeva A.A., Nifontov Yu.A., Nadirov K.S. SELECTION OF FILLERS FOR EXTERNAL COATING OF OIL PIPELINES	17
Satiev N.B., Tikebaev T.A. THE FIRST DEVIATED WELLBORE UNDERREAMING WHILE CLOSED HOLE CIRCULATION DRILLING	26

CHEMICAL, TECHNOLOGICAL AND ENVIRONMENTAL SCIENCES

Ahat G., Tleuov A.S., Tleuova S.T., Pazylova D.T. THERMODYNAMIC MODELING OF AGGLOMERATION OF MANGANESE- CONTAINING RAW MATERIALS USING OIL AND BITUMINOUS ROCKS.....	39
Bektenov N.A., Nurzhigitova A.T., Sadiyeva K.R., Masalimova B.K., Nurlybayeva A.N. OBTAINING AMBER BY REACTING MOLTEN SULFUR-CONTAINING WASTE FROM THE SULFURIC ACID PRODUCTION PLANT WITH ORGANIC ACIDS.....	49
Brzhanov R.T. TIME FACTOR FOR SET OF CRITICAL STRENGTH OF WINTER CONCRETE.....	56
Yessimova O.A., Kazizkhanova B.K., Kumargaliyeva S.Sh., Mussabekov K.B., Kerimkulova M.Zh. THE EFFECT OF COMPOSITIONS OF ANIONIC AND NONIONIC SURFACTANTS ON THE STABILITY OF EMULSIONS	61
Kydyralieva A., Besterekov U., Petropavlovskiy I., Bolysbek A. DIFFICULT-MIXED NPK-FERTILIZERS BASED ON AMMONIUM NITRATE, PHOSPHOROUS FLOUR AND POTASSIUM CHLORIDE.....	68
Makanova L.K. RESEARCH OF THE INFLUENCE OF CONCENTRATION OF PHOSPHORIC AND SULFURIC ACIDS DECOMPOSITION OF PHOSPHATE RAW MATERIAL.....	81
Nurlybayeva A.N., Darmenbayeva A.S., Sholak A.A., Kulazhanova A.S., Nazarbekova A.N., Kemelbekova M.I. TECHNOLOGY FOR MODIFYING ACTIVE COAL WITH COPPER CHLORIDE HAS BEEN DEVELOPED.....	90
Sainova G.A., Akbasova A.D., Nurdillayeva R.N., Zhumabay B.Zh., Baikhamurova M.O. THE NATURE OF HUMIC ACIDS IN VERMICOMPOST	95

PHYSICAL, MATHEMATICAL AND TECHNICAL SCIENCES

Abdigalykova G.A., Dzhumagalieva A.M., Toleshev A.T. FUNDAMENTALS OF DESIGNING AN AUTOMATED MANAGEMENT DECISION MAKING SYSTEM FOR PERSONNEL ISSUES IN MODERN ENTERPRISES.....	102
Amirkhanov B.S., Zholmagambetova B.R., Dzhomartova Sh.A., Shormanov T.S. BIOPYTHON ALGORITHMS	105
Altybay A., Tokmagambetov N. MPI PARALLEL IMPLEMENT OF A WAVE EQUATION USING AN IMPLICIT FINITE DIFFERENCE SCHEME	112
Gagarina L.G., Petrozhitsky D.V., Slyusar V.V., Atanov S.K., Brimzhanova S.S.	

RESEARCH AND DEVELOPMENT OF MODELS OF EXPERT ANALYSIS OF RISK INDICATORS IN THE IMPLEMENTATION OF PROGRAMS FOR THE CREATION OF SPACE ASSETS	120
Zhanys A. B., Ramazanov N.S., Tursynbay N. F.	
PROSPECTS OF DEVELOPMENT OF AUTOMATION OF DISTRIBUTION OF FORAGES ON AGRICULTURAL FARMS	130
Zhussupbekov A.Z., Tleulenova G.T., Omarov A.R., Tanyrbergenova G.K.	
NUMERICAL SIMULATION OF FOUNDATIONS OF FREEZING SOIL.....	137
Zueva Ye.	
ANALYSIS OF WORK OF DEVICES WITH BAD-USB VULNERABILITY.....	143
Kubayev K., Baisholanova K.	
METHODS OF MANAGEMENT OF TECHNICAL SYSTEMS RELIABILITY BY IMPROVING EFFICIENCY	150
Kudaibergenova R.M., Sugurbekova G.K., Nurlybayeva A.N., Kantarbayeva S.M., Baybazarova E.A.	
FUNCTIONALIZATION AND MODIFICATION OF CARBON NANOMATERIALS BASED ON GRAPHENE	159
Sagitova G. K., Mukhamedzhanova G. S.	
PROSPECTS AND FEATURES OF THE DEVELOPMENT CHAT-BOT AS A SIMPLE AND CONVENIENT METHOD OF OBTAINING INFORMATION	167
Uvalieva I.M., Ismukhamedova A.M.	
IMPLEMENTATION OF INTELLECTUAL ANALYSIS OF THYROID GLAND INDICATORS.....	172
Umarov F.F., Dzhurakhalov A.A., Rasulov A.M., Yadgarov I.D.	
COMPUTER SIMULATION OF PARTICLE- SOLID SURFACE INTERACTIONS.....	182
Tsoy D.D., Daineko Y.A. Ipalakova M.T., Daineko R.A.	
VISUALIZATION SYSTEM OF CARDIOVASCULAR PATHOLOGIES WITHIN THE TRAINING APPLICATION OF VIRTUAL REALITY	198
Yunicheva N.R., Bostanbekov K.A., Alimova A.N., Vitkovskaya I.S.	
NUMERICAL EXPERIMENTS ON THE SELECTION OF PARAMETRIZATION SCHEMES OF MICROPHYSICAL CLIMATE SYSTEM PROCESSES IN THE CENTRAL ASIA REGION	204
 ECONOMICS AND SOCIAL SCIENCES	
Omarov T., Taikulakova G.	
PLANNING AND OPTIMIZATION USING PLANNING TOOL.....	222
Uvaliyeva I., Abylkassymuly B., Vays Yu.	
APPLICATION OF DATA ANALYSIS METHODS IN HUMAN RESOURCE MANAGEMENT	229
 ANNIVERSARY DATES AND PERSONALITIES	 235
 INFORMATION ABOUT AUTHORS	 237

СОДЕРЖАНИЕ

НЕФТЕГАЗОВАЯ ИНЖЕНЕРИЯ

Адилъбекова А.О., Оразгали Д.Т., Ертаева А.Б МИКРОВОЛНОВОЕ ВОЗДЕЙСТВИЕ ДЛЯ ОБЕЗВОЖИВАНИЯ НЕФТЯНЫХ ЭМУЛЬСИЙ.....	9
Ивахненко А.П., Есентаева А.А., Нифонтов Ю.А., Надиров К.С. ПОДБОР НАПОЛНИТЕЛЕЙ ДЛЯ НАРУЖНОГО ПОКРЫТИЯ НЕФТЕПРОВОДОВ.....	17
Сатиев Н.Б., Тикебаев Т.А. ПЕРВАЯ НАКЛОННАЯ РАСШИРЕНИЯ СТВОЛА СКВАЖИНЫ ПРИ БУРЕНИИ БЕЗ ВЫХОДА ЦИРКУЛЯЦИИ	26

ХИМИКО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ И ЭКОЛОГИЯ

Ахат Г., Тлеуов А.С., Тлеуова С.Т., Пазылова Д.Т. ТЕРМОДИНАМИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ АГЛОМЕРАЦИИ МАРГАНЕЦ- СОДЕРЖАЩЕГО СЫРЬЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ НЕФТЕБИТУМИНОЗНЫХ ПОРОД	39
Бектенов Н.А., Нуржигитова А.Т., Садиева Х.Р., Масалимова Б.К., Нурлыбаева А.Н. ПОЛУЧЕНИЕ ЯНТАРЯ ПУТЕМ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ РАСПЛАВЛЕННОГО СЕРОСОДЕРЖАЩЕГО ОТХОДА ЦЕХА ПО ПРОИЗВОДСТВУ СЕРНОЙ КИСЛОТЫ С ОРГАНИЧЕСКИМИ КИСЛОТАМИ	49
Бржанов Р.Т. ФАКТОР ВРЕМЕНИ ДЛЯ НАБОРА КРИТИЧЕСКОЙ ПРОЧНОСТИ ЗИМНЕГО БЕТОНА	56
Есимова О.А., Құмарғалиева С.Ш., Қазизханова Б.Қ., Мусабеков К.Б., Керімкулова М.Ж. ВЛИЯНИЕ КОМПОЗИЦИЙ АНИОННЫХ И НЕИОННЫХ ПАВ НА УСТОЙЧИВОСТЬ ЭМУЛЬСИЙ.....	60
Кыдыралиева А., Бестереков У., Петропавловский И., Болысбек А. СЛОЖНО-СМЕШАННЫЕ НРК-УДОБРЕНИЯ НА ОСНОВЕ АММИАЧНОЙ СЕЛИТРЫ, ФОСФОРИТНОЙ МУКИ И ХЛОРИДА КАЛИЯ	67
Маканова Л.К. ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ КОНЦЕНТРАЦИИ ФОСФОРНОЙ И СЕРНОЙ КИСЛОТ ПРИ РАЗЛОЖЕНИИ ФОСФАТНОГО СЫРЬЯ	81
Нурлыбаева А.Н., Дарменбаева А.С., Шолак А.А., Кулажанова А.С., Назарбекова А.Н., Кемелбекова М.И. РАЗРАБОТКА ТЕХНОЛОГИИ МОДИФИЦИРОВАНИЯ АКТИВНОГО УГЛЯ ХЛОРИДОМ МЕДИ	90
Саинова Г.А., Акбасова А.Д., Нурдиллаева Р.Н., Жумабай Б.Ж., Байхамурова М.О. ПРИРОДА ГУМУСОВЫХ КИСЛОТ В ВЕРМИКОМПОСТЕ.....	95

ФИЗИКО-МАТЕМАТИЧЕСКИЕ И ТЕХНИЧЕСКИЕ НАУКИ

Абдыгаликова Г.А., Джумагалиева А.М., Толешев А.Т. ОСНОВЫ ПРОЕКТИРОВАНИЯ АВТОМАТИЗИРОВАННОЙ СИСТЕМЫ ПРИНЯТИЯ	
------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	--

УПРАВЛЕНЧЕСКИХ РЕШЕНИЙ ПО ВОПРОСАМ ПЕРСОНАЛА В СОВРЕМЕННЫХ ПРЕДПРИЯТИЯХ	101
Амирханов Б.С., Жолмагамбетова Б.Р., Джомартова Ш.А., Шорманов Т.С.	
АЛГОРИТМЫ BIOPUTHON.....	105
Алтыбай А., Токмагамбетов Н.	
МРІ ПАРАЛЛЕЛЬНАЯ РЕАЛИЗАЦИЯ ДВУМЕРНОГО ВОЛНОВОГО УРАВНЕНИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ НЕЯВНОЙ КОНЕЧНО-РАЗНОСТНОЙ СХЕМЫ.....	112
Гагарина Л.Г., Петрожицкий Д.В., Слюсарь В.В., Атанов С.К., Бримжанова С.С.	
ИССЛЕДОВАНИЕ И РАЗРАБОТКА МОДЕЛЕЙ ЭКСПЕРТНОГО АНАЛИЗА ПОКАЗАТЕЛЕЙ РИСКОВ ПРИ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММ СОЗДАНИЯ КОСМИЧЕСКИХ СРЕДСТВ	119
Жаныс А.Б., Рамазанов Н.С., Турсынбай Н.Ф.	
ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ АВТОМАТИЗАЦИИ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ КОРМОВ НА СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ХОЗЯЙСТВАХ.....	130
Жусупбеков А.Ж., Тлеуленова Г.Т., Омаров А.Р., Танырбергенова Г.К.	
ЧИСЛЕННОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ФУНДАМЕНТОВ В ПРОМЕРЗАЮЩИХ ГРУНТАХ	138
Зуева Е.А.	
АНАЛИЗ РАБОТЫ УСТРОЙСТВ С УЯЗВИМОСТЬЮ VAD-USB	143
Кубаев К.Е., Байшоланова К.С.	
МЕТОДИКА УПРАВЛЕНИЯ НАДЕЖНОСТЬЮ ТЕХНИЧЕСКИХ СИСТЕМ ПУТЕМ УЛУЧШЕНИЯ ЕЕ РЕМОНТОПРИГОДНОСТИ	149
Кудайбергенова Р.М., Сугурбекова Г.К., Нурлыбаева А.Н., Кантарбаева С.М., Байбазарова Э.А.	
ФУНКЦИОНАЛИЗАЦИЯ И МОДИФИЦИРОВАНИЕ УГЛЕРОДНЫХ НАНОМАТЕРИАЛОВ НА ОСНОВЕ ГРАФЕНА	158
Сагитова Г.К., Мухамеджанова Г.С.	
ПЕРСПЕКТИВЫ И ОСОБЕННОСТИ РАЗРАБОТКИ ЧАТ-БОТ КАК ПРОСТОЙ И УДОБНЫЙ СПОСОБ ПОЛУЧЕНИЯ ИНФОРМАЦИИ	166
Увалиева И.М., Исмухамедова А.М.	
РЕАЛИЗАЦИЯ ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОГО АНАЛИЗА ДАННЫХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ	172
Умаров Ф.Ф., Джурахалов А.А., Расулов А.М., Ядгаров И.Д.	
КОМПЬЮТЕРНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ ЧАСТИЦА-ПОВЕРХНОСТЬ ТВЕРДОГО ТЕЛА	182
Цой Д.Д., Дайнеко Е.А., Ипалакова М.Т., Дайнеко Р.А.	
СИСТЕМА ВИЗУАЛИЗАЦИИ СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТЫХ ПАТОЛОГИЙ В РАМКАХ ТРЕНИРОВОЧНОГО ПРИЛОЖЕНИЯ ВИРТУАЛЬНОЙ РЕАЛЬНОСТИ	198
Юничева Н.Р., Бостанбеков К.А., Алимова А.Н., Витковская И.С.	
ЧИСЛЕННЫЕ ЭКСПЕРИМЕНТЫ ПО ПОДБОРУ СХЕМ ПАРАМЕТРИЗАЦИИ МИКРОФИЗИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ КЛИМАТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ В РЕГИОНЕ ЦЕНТРАЛЬНАЯ АЗИЯ	204
ЭКОНОМИЧЕСКИЕ И СОЦИАЛЬНО-ГУМАНИТАРНЫЕ НАУКИ	
Омаров Т.Ж., Тайкулакова Г.С.	
ПЛАНИРОВАНИЕ И ОПТИМИЗАЦИЯ РАБОТ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИНСТРУМЕНТА ПЛАНИРОВАНИЯ “PRIMAVERA”	221

Увалиева И., Абылкасымулы Б., Вайс Ю. ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДОВ АНАЛИЗА ДАННЫХ В УПРАВЛЕНИИ ЧЕЛОВЕЧЕСКИМИ РЕСУРСАМИ.....	228
ЮБИЛЕЙНЫЕ ДАТЫ И ПЕРСОНАЛИИ.....	235
СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ.....	237

УДК 004.94-57.090
МРНТИ 76.13.23

АЛГОРИТМЫ BIOPYTHON

АМИРХАНОВ Б.С.¹, ЖОЛМАГАМБЕТОВА Б.Р.³, ДЖОМАРТОВА Ш.А.^{1,2},
ШОРМАНОВ Т.С.²

¹Институт информационных и вычислительных технологий КН МОН РК, Казахстан, Алматы

²Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Казахстан, Алматы

³Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, Казахстан, Нур-Султан

Аннотация: Проведен обзор по алгоритмам биоинформатики на BioPython. Рассмотрены основные задачи биоинформатики и алгоритмы, с примерами на Python: алгоритм по обработке последовательностей ДНК, поиск паттернов, алгоритм множественного выравнивания последовательностей, алгоритмы филогенетического анализа, граф де Брёйна. Показана основная обработка биологических последовательностей в качестве реализации процессов, связанных с экспрессией генов, включая транскрипцию, трансляцию и идентификацию открытых рамок считывания. А также рассмотрена возможность вычислять частоту различных символов в последовательностях. Определена потенциальная сложность некоторых алгоритмов, что показывает важность этих алгоритмов и потенциал проблем. Рассмотрены скрытые марковские модели, графы и биологические сети.

Ключевые слова: BioPython, биоинформатика, паттерны, графы, марковские модели, алгоритмы, ДНК, РНК

BIOPYTHON ALGORITHMS

Abstract: A review of bioinformatics algorithms on BioPython. The main tasks of bioinformatics and algorithms, with examples in Python, are considered: an algorithm for processing DNA sequences, searching for patterns, a multiple sequence alignment algorithm, phylogenetic analysis algorithms, Count de Bruyne. The main processing of biological sequences is shown as the implementation of processes associated with gene expression, including transcription, translation and identification of open reading frames. And also considered the ability to calculate the frequency of various characters in the sequences. The potential complexity of some algorithms is determined, which shows the importance of these algorithms and the potential problems. Hidden Markov models, graphs, and biological networks are considered.

Key words: BioPython, bioinformatics, patterns, graphs, Markov models, algorithms, DNA, RNA

BIOPYTHON АЛГОРИТМДЕРІ

Аңдатпа: BioPython-дағы биоинформатика алгоритмдеріне шолу жасалды. Python-да мысалдары бар биоинформатика мен алгоритмдердің негізгі міндеттері қарастырылады: ДНК тізбегін өңдеу алгоритмі, заңдылықтарды іздеу, бірнеше тізбекті туралау алгоритмі, филогенетикалық талдау алгоритмдері, де Брёйна графигі. Биологиялық тізбектің негізгі өңдеуі генді экспрессиялаумен байланысты процестерді, соның ішінде транскрипцияны,

аударманы және ашық оқу шеңберлерін сәйкестендіруді көрсетеді. Сонымен қатар әр түрлі таңбалардың жиілігін есептеу мүмкіндігі қарастырылды. Кейбір алгоритмдердің ықтимал күрделілігі анықталады, бұл осы алгоритмдердің маңыздылығын және ықтимал проблемаларды көрсетеді. Марковтың жасырын модельдері, графикасы және биологиялық желілері қарастырылады.

Түйінді сөздер: *BioPython, биоинформатика, паттерндер, графтар, Марков модельдері, алгоритмдер, ДНК, РНК*

Введение

Научное сообщество использует несколько языков программирования для решения задач биоинформатики. Основным для исследователей является язык программирования Python. Python используется многими компаниями, от небольших и неизвестных магазинов до крупных игроков в своих областях, таких как Google, National Geographic, Disney, NASA, NYSE и многие другие. Это один из четырех “официальных языков” Google среди Java, C++ и Go. У них есть веб-сайты, сделанные на Python, автономные программы и даже хостинг-решения. В качестве подтверждения того, что Google серьезно относится к Python, в декабре 2005 года они наняли Гвидо ван Россума, создателя Python. Возможно, это не основной язык Google, но это показывает, что Google является его решительным сторонником. Даже Microsoft разработала версию Python для своей платформы «.Net» (IronPython), а также разработала Python Tools for Visual Studio 21, бесплатный плагин с открытым исходным кодом, который превращает Visual Studio в среду разработки Python. Многие известные дистрибутивы Linux уже используют Python в своих ключевых инструментах. Ubuntu Linux «предпочитает, чтобы сообщество вносило вклад в работу с Python». Python настолько тесно интегрирован в Linux, что некоторые дистрибутивы не будут работать без рабочей копии Python [1].

Biopython – это очень полезный пакет модулей для разработки приложений биоинформатики. Хотя каждая задача биоинформатики уникальна, все же есть некоторые задачи, которые повторяются, у которых возникает

необходимость обмена между отдельными программами и стандартными форматами файлов. Такая ситуация говорит о необходимости разработки пакета мер по решению таких задач, основанных на биологических проблемах. Для решения таких задач используется Biopython [2-6].

Методы исследования

Основная обработка биологических последовательностей. Здесь мы рассмотрим реализацию процессов, связанных с экспрессией генов, включая транскрипцию, трансляцию и идентификацию открытых рамок считывания. Так как последовательность ДНК является строкой начнем с функции, в которой подсчитываются действительные символы, а их сумма сравнивается с длиной строки, чтобы проверить правильность всех символов. Подобные функции могут быть легко построены для последовательностей РНК или белка.

Другим полезным примером является возможность вычислять частоту различных символов в последовательностях. Результатом функции будет словарь, где ключи – это символы, а соответствующие значения - частоты. Обратите внимание, что это может быть применено к любому из типов последовательностей, определенных выше (ДНК, РНК и белки).

Также можно запрограммировать функции, которые:

- возвращают частоту аминокислот от самых частых до наименее частых;

- возвращают процентное содержание G и C нуклеотидов в последовательности ДНК;
- возвращают содержимое GC непересекающихся подпоследовательностей размера k ;
- вычисляют РНК, соответствующую транскрипции предоставленной последовательности ДНК; вычисляют обратный комплемент последовательности ДНК; переводят кодон в аминокислоту, используя внутренний словарь со стандартным генетическим кодом; переводят последовательность ДНК в аминокислотную последовательность.

Поиск конкретных паттернов в биологических последовательностях является одной из наиболее распространенных задач, с которыми биоинформатики сталкиваются ежедневно. Поскольку соответствующая биологическая информация хранится в последовательностях, анализ локальных закономерностей в этих последовательностях является весьма актуальным. Алгоритмы данного направления – это алгоритмы относящиеся к поиску подстроки в строке. Наиболее распространенные: это примитивный поиск, алгоритм Бойера-Мура, использование детерминированного конечного автомата, алгоритм Кнута-Морриса-Пратта и многие другие. Очень часто для поиска паттернов используют регулярные выражения. Регулярные выражения - это концепция программирования, существующая во всех современных языках программирования, которая позволяет гибко определять шаблоны для поиска в строках, что позволяет находить паттерны используя гибкие шаблоны.

Сравнение последовательностей и выравнивание последовательностей

Одним из основных вкладов, которые биоинформатика вносит в биологические исследования, является помощь в выяснении функции данных генов или белков, которые они кодируют. Общий подход к решению этих задач состоит в том, чтобы генерировать гипотезы относительно их биологической функции на основе сходства их последовательностей с другими, которые имеют определенную функцию, предпочтительно с экспериментальной проверкой. На самом деле мы пытаемся достичь гомологии, то есть существования общей родословной, основанной на сходстве последовательностей. Важно подчеркнуть, что эти понятия не эквивалентны. Однако на практике последовательности, которые демонстрируют высокую степень сходства, имеют высокую вероятность того, что они будут гомологичны и имеют схожие функции. Эта вероятность возрастает с увеличением степени подобия. Когда сходство достигает высоких уровней (определение правильного порога, к сожалению, не очевидно), мы можем вывести функцию с некоторой достоверностью, хотя идеалом всегда является экспериментальное подтверждение. Целевую функцию для задачи оптимизации (проблемы парного выравнивания последовательности) можно определить следующим образом:

Вход: две последовательности с четко определенным алфавитом; целевая функция для оценки каждого решения выравнивания;

Вывод: оптимальное сочетание символов в каждой последовательности, расставляя пробелы в соответствующих позициях, чтобы максимизировать целевую функцию.

Прежде чем смотреть более подробно на особенности целевой функции, давайте попробуем понять потенциальную сложность этой проблемы, оценив число возможных решений. Для этой цели мы рассмотрим упрощение, согласно которому обе последовательности имеют одинаковый размер n . Это ограничение будет служить только для упрощения наших выражений и будет достаточным, чтобы дать представление о сложности. Поскольку для нашей задачи решения различаются по способу размещения пробелов в последовательностях, мы можем легко выяснить, что максимальный размер всего выравнивания будет равен $2n$, для случая, когда мы помещаем n пробелов, поскольку это не имеет смысла иметь разрыв в обеих последовательностях. Таким образом, общее количество решений будет обеспечено возможными комбинациями размера n из $2n$

Вход: две последовательности с четко определенным алфавитом; целевая функция для оценки каждого решения выравнивания;

Вывод: оптимальное сочетание символов в каждой последовательности, расставляя пробелы в соответствующих позициях, чтобы максимизировать целевую функцию.

Прежде чем смотреть более подробно на особенности целевой функции, давайте попробуем понять потенциальную сложность этой проблемы, оценив число возможных решений. Для этой цели мы рассмотрим упрощение, согласно которому обе последовательности имеют одинаковый размер n . Это ограничение будет служить только для упрощения наших выражений и будет достаточным, чтобы дать представление о сложности. Поскольку для нашей задачи решения различаются по способу размещения пробелов в последовательностях, мы можем легко выяснить, что максимальный размер всего выравнивания будет равен $2n$, для случая, когда мы помещаем n пробелов, поскольку это не имеет смысла иметь разрыв в обеих последовательностях. Таким образом, общее количество решений будет обеспечено возможными комбинациями размера n из $2n$

элементов, определяемыми как:

$$\left(\frac{2n}{n}\right) = \frac{(2n)!}{n!^2} \quad (1)$$

Чтобы иметь представление о представленном значении, для $n = 20$ (очень маленькое значение для реальных биологических последовательностей) это составляет около 130 миллиардов решений. Это дает представление о том, что проблема довольно сложна и что ее невозможно решить с помощью метода грубой силы, в котором перебираются все возможные варианты [7].

Выравнивание нескольких последовательностей. Отдельной задачей стоит выравнивание нескольких последовательностей сразу. Если выше мы рассматривали попарное выравнивание, то сейчас задача ставится для n последовательностей сразу. Это имеет особое значение, например, при определении функции белков, где комбинация различных последовательностей с потенциальной гомологией нашей цели из разных организмов может придать дополнительную уверенность в создании гипотез для функционального описания и обеспечивает более надежный способ идентифицировать консервативные области тех белков, которые могут играть соответствующую функциональную роль. Белковые выравнивания могут также очень помочь в определении их вторичных или третичных структур.

Филогенетический анализ

Филогенетика – это раздел биологии, который изучает эволюционную историю и отношения между людьми или видами. Алгоритмы филогенетического анализа можно в целом разделить на три основных класса, которые в основном различаются по стратегии, используемой для вычисления целевой функции, и в то же время предлагают альтернативные подходы для поиска в огромном пространстве решения этой проблемы. Основными классами являются следующие алгоритмы на основе расстояний: включают в себя методы, основанные на расчете парных

расстояний между последовательностями (на основе выравнивания последовательностей), с целью поиска деревьев, в которых расстояния соответствуют значениям во входной матрице;

- максимальная экономия: включает методы, которые ищут деревья, где количество необходимых мутаций (во внутренних узлах дерева) для объяснения изменчивости последовательностей минимизировано;

- статистические/байесовы методы: определяет вероятностные модели для возникновения различных типов мутаций и использует эти модели для оценки деревьев на основе их вероятности (или вероятности), поиска наиболее вероятных деревьев, которые объясняют последовательности в соответствии с предполагаемой моделью.

Алгоритмы обнаружения мотива. В контексте анализа биологической последовательности термин «мотив» относится к нетривиальному последовательному шаблону, который характерен для нескольких последовательностей. Под нетривиальным мы подразумеваем, что мотив имеет минимальную соответствующую длину и захватывает комбинацию символов, которая отличается от базового распределения символов. Однако его главной особенностью является повторение, то есть тот факт, что это происходит в нескольких из проанализированных последовательностей. Проблема обнаружения детерминированных мотивов представляет собой интересную вычислительную задачу, которая привлекала внимание многих биоинформатиков и ученых на протяжении многих лет.

Вероятностные мотивы и стохастические алгоритмы. Вероятностные мотивы, как правило, выражаются через позиционную весовую матрицу (PWM), также называемые шаблонами или профилями. PWM – это матрица взвешенных совпадений каждого из биологических символов (нуклеотидов или аминокислот) в виде строк и каждой позиции мотива в виде столбцов. PWM обеспечивает вероятностное представление мотива путем захвата частоты каждого символа вдоль его положений последовательности. PWM может затем

использоваться для поиска новых совпадений мотивов во входных последовательностях и может быть уточнено путем включения других совпадений с высокими показателями. Стохастические алгоритмы, основанные на максимизации ожиданий (EM), могут решить эту проблему эффективного поиска мотива, предоставляя способ обхода пространства поиска и оптимизации мотивов [8].

Скрытые марковские модели (НММ). В анализе биологической последовательности события, связанные с последовательностью, часто являются вероятностными. Примеры этого включают, например, классификацию субклеточной локализации (например, цитозоль, ядро или мембрана) белка по его последовательности; наличие белковых доменов в последовательности или вероятность связывания транскрипционного фактора с последовательностью области промотора гена. Скрытые марковские модели - стохастические модели, которые фиксируют статистические закономерности из входных последовательностей и позволяют разрабатывать алгоритмы для поиска мотивов и поиска в базе данных [9].

Графы и биологические сети. Граф может быть определен в математике как набор объектов, с которыми связаны некоторые пары объектов в этом наборе. Хотя они могут быть легко определены и имеют простую структуру, они представляют собой мощные и гибкие структуры данных с огромным набором приложений в области компьютерных наук и многих областях науки и техники.

В последние годы различные типы представлений, основанные на концепции графов использовались для характеристики и моделирования различных типов биологических систем, в основном внутри клеток. Эти графы, глобально обозначенные как биологические сети, обычно представляют в своих узлах биологические объекты, такие как гены, белки или химические соединения, в то время как ребра представляют различные типы взаимодействий или отношений между этими объектами с четко определенным биологическим значением (например гены - кодирующие

белки, метаболиты - участвующие в реакциях, белки - которые регулируют экспрессию генов или связываются с соединениями). Для анализа биологических сетей используются: степень распределения, поиск кратчайшего пути, коэффициенты кластеризации и много другое почерпнутого из теории графов.

Сборка генома - процесс объединения большого количества коротких фрагментов ДНК (ридов) в одну или несколько длинных последовательностей в целях восстановления последовательностей ДНК хромосом, из которых возникли эти фрагменты в процессе секвенирования.

Сложность этой проблемы может быть огромной, что легко понять, если учесть, что размер считываний обычно составляет несколько сотен нуклеотидов, в то время как полные геномы обычно содержат от нескольких до тысяч миллионов нуклеотидов. До 1990-х годов это действительно считалось невыполнимой задачей, и даже сегодня некоторые более крупные геномы все еще недоступны для современных программно-аппаратных комплексов.

Графы перекрытия. Одним из вариантов решения этих проблем является теория графов. Действительно, фрагменты для этой последовательности могут быть организованы в особый тип графа, называемый графом перекрытия, который может привести к другой постановке задачи и альтернативным алгоритмам. Граф перекрытия определяется следующим образом:

- узлы (вершины) соответствуют входным фрагментам, то есть для каждого фрагмента будет одна вершина (рид);
- ребра созданы между двумя узлами v и w , если $\text{suffix}_{k-1}(v) = \text{prefix}_{k-1}(w)$, т.е. последовательностей узлов v и w имеют перекрытие $K - 1$ нуклеотидов.

Решением задачи восстановления последовательности можно представить в виде пути по этому графу. Чтобы решение было правильным, этот путь должен проходить ровно один раз по каждому узлу графа.

Гамильтонов цикл. В ориентированном графе гамильтонов цикл – это путь, который

проходит через все узлы графа ровно один раз. Действительно, из пути, заданного гамильтоновым циклом, мы можем легко получить «исходную» последовательность. Это делается простым извлечением последовательности из первого узла в пути и конкатенацией последнего символа последовательностей в оставшихся узлах пути в соответствии с его порядком. При увеличении размера последовательности алгоритм начинает вести себя все хуже и хуже с точки зрения времени выполнения. Фактически этот алгоритм нельзя использовать для больших последовательностей и соответствующих графиков перекрытия. Действительно, проблема нахождения гамильтоновых графов довольно сложна и относится к классу NP-полных задач оптимизации, что подразумевает отсутствие эффективных алгоритмов при масштабировании задачи, в данном случае, когда граф становится больше.

Графы де Брёйна для сборки генома. В поиске эффективных алгоритмов для сборки генома исследовательское сообщество искало другие пути решения. Решениями этой задачи могут быть пути по графу, содержащие все ребра ровно один раз. В случае графов де Брёйна вершины содержат последовательности, которые соответствуют либо $prefix_{k-1}$, либо $suffix_{k-1}$ одного из фрагментов. Таким образом, каждое ребро, соответствующее фрагменту, соединяет узел, представляющий его $prefix_{k-1}$, с узлом,

представляющим его $suffix_{k-1}$. В этом случае, в отличие от предыдущих графиков перекрытия, префиксы и суффиксы длины $k-1$, которые имеют одинаковую последовательность, представлены в одном узле. Таким образом, повторяющиеся фрагменты представлены в виде нескольких ребер, соединяющих одну и ту же пару узлов.

Выводы

В статье исследованы основные алгоритмы биоинформатики: поиск паттернов в цепочке ДНК, сравнение и выравнивание последовательностей, алгоритм множественного выравнивания последовательностей, алгоритмы филогенетического анализа, алгоритмы обнаружения мотива, а также вероятностные мотивы и стохастические алгоритмы. Определена потенциальная сложность некоторых алгоритмов, что показывает важность этих алгоритмов и потенциал проблем, для решения которых используются эти алгоритмы. Рассмотрены скрытые марковские модели, графы и биологические сети. Для решения вопросов сборки генома рассмотрены графы перекрытия, гамильтонов цикл и графы де Брёйна.

Работа выполнена за счет средств грантового финансирования научных исследований на 2018-2020 годы по проекту AP05132044 «Разработка аппаратно-медицинского комплекса оценки психофизиологических параметров человека».

ЛИТЕРАТУРА

1. S.L. Salzberg, D.B. Searls, S. Kasif. Computational Methods in Molecular Biology. – Elsevier Science, 1998. – 368 с.
2. Cock P.J., Antao T., Chang J.T., Chapman B.A., Cox C.J., Dalke A., Friedberg I., Hamelryck T., Kauff F., Wilczynski B., de Hoon M.J. Biopython: freely available python tools for computational molecular biology and bioinformatics. – Bioinformatics, 2009.
3. Jeff Chang, Brad Chapman, Iddo Friedberg, Thomas Hamelryck, Michiel de Hoon, Peter Cock, Tiago Antao, Eric Talevich, Bartek Wilczyński. Biopython Tutorial and Cookbook. Last Update – 6 November 2019 (Biopython 1.75) <http://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html>.
4. Miguel Rocha, Pedro G. Ferreira. Bioinformatics Algorithms. Design and Implementation in Python. – Academic Press is an imprint of Elsevier, 2018. – 400 p.
5. B. Alberts, A. Johnson, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts, P. Walter. Molecular Biology of the Cell,

- 4th edition.– Garland Science, New York, USA, 2002.
6. S.Bassi,Python for bioinformatics,2th edition. – CHAPMAN & HALL/CRC,Mathematical and Computational Biology Series, 2017. – 424 p.
 7. Stephen F. Altschul, Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, David J. Lipman. Gapped blast and psi-blast: a new generation of protein database search programs, Nucleic Acids Research,1997.
 8. R. Andersson, et al. An atlas of active enhancers across human cell types and tissues, Nature 507 (Mar 2014).–P.455-461.
 9. Lawrence R. Rabiner. A tutorial on hidden Markov models and selected applications in speech recognition // Proceedings of the IEEE, 1989.- P. 257–286.

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

- 1 Абдыгаликова Г.А. к.п.н., ст.преподаватель, Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, г. Нур-Султан
- 2 Абылкасымулы Б. магистрант, Восточно-Казахстанский государственный технический университет им. Д. Серикбаева
- 3 Адильбекова А.О. к.х.н., доцент, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 4 Акбасова А.Д. д.т.н., профессор, Международный казахско-турецкий университет им. Х.А. Ясави
- 5 Алимова А.Н. доктор PhD, Казахский Национальный исследовательский технический университет им. К.И. Сатпаева
- 6 Алтыбай А. PhD-докторант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 7 Амирханов Б.С. докторант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 8 Атанов С.К. д.т.н., профессор, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева, г. Нур-Султан
- 9 Ахат Г.Б. магистрант, Южно-Казахстанский государственный университет им. М.Ауэзова
- 10 Байбазарова Э.А. магистр, ст.преподаватель, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 11 Байхамурова М.О. PhD-докторант, Казахский Национальный аграрный университет
- 12 Байшоланова К.С. д.э.н., профессор, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби, член-корреспондент Российской академии естествознания
- 13 Бектенов Н.А. д.х.н., профессор, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 14 Бестереков У. д.т.н., профессор, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 15 Болысбек А. к.т.н., доцент, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 16 Бостанбеков К.А. доктор PhD, Казахский Национальный исследовательский технический университет им. К.И. Сатпаева
- 17 Бржанов Р.Т. к.т.н., профессор, академик МАИН, Каспийский государственный университет технологии и инжиниринга им. Ш.Есенова, г. Актау
- 18 Бримжанова С.С. докторант, Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова

- 19 Вайс Ю. к.т.н, Восточно-Казахстанский государственный технический университет им. Д. Серикбаева
- 20 Витковская И.С. к.ф.-м.н., ВНС, Институт информационных и вычислительных технологий
- 21 Гагарина Л.Г. д.т.н., профессор, Национальный исследовательский университет «МИЭТ», г. Зеленоград, Россия
- 22 Дайнеко Е.А. PhD, проректор, Международный университет информационных технологий, Институт прикладных наук и информационных технологий
- 23 Дайнеко Р.А. МНС, Институт прикладных наук и информационных технологий
- 24 Дарменбаева А.С. д.х.н., доцент, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 25 Джомартова Ш.А. д.т.н., профессор Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 26 Джумагалиева А.М. магистр, ст.преподаватель, Казахский Агротехнический университет им. С. Сейфуллина, г. Нур-Султан
- 27 Джурахалов А.А. д.ф.-м.н., профессор, университет Антверпена, Бельгия
- 28 Ертаева А.Б. докторант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 29 Есентаева А.А. докторант, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 30 Есимова О.А. к.х.н., доцент, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 31 Жаныс А.Б. PhD, ст.преподаватель, Казахский Агротехнический университет им. С. Сейфуллина, г. Нур-Султан
- 32 Жолмагамбетова Б.Р. докторант, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева
- 33 Жумабай Б.Ж. магистрант, Международный казахско-турецкий университет им. Х.А. Ясави
- 34 Жусупбеков А.Ж. д.т.н., профессор, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева
- 35 Зуева Е.А. PhD-докторант, магистр, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 36 Ивахненко А.П. PhD, профессор, АО «Казахстанско-Британский технический университет»
- 37 Ипалакова М.Т. к.т.н., и.о. ассоц.профессора, Международный университет информационных технологий

- 38 Исмухамедова А.М. докторант, Восточно-Казахстанский государственный технический университет им. Д. Серикбаева
- 39 Кантарбаева С.М. магистр, ст.преподаватель, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 40 Кемелбекова М.И. магистрант, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 41 Керимкулова М.Ж. к.х.н., и.о.доцента, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 42 Кубаев К.Е. Академик МАИ, к.т.н., д.э.н., член-корр. Российской академии естествознания, профессор, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби, директор Центра инноваций
- 43 Кудайбергенова Р.М. PhD-докторант, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 44 Кулажанова А.С. ст.преподаватель, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 45 Кыдыралиева А. PhD-докторант, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 46 Қазизханова Б.Қ. магистрант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 47 Құмарғалиева С.Ш. к.х.н., доцент, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 48 Маканова Л.К. магистрант, Инновационный Евразийский университет, г. Павлодар
- 49 Масалимова Б.К. к.х.н., доцент, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 50 Мусабеков К.Б. д.х.н., профессор, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 51 Мухамеджанова Г.С. ст.преподаватель, университет «Нархоз»
- 52 Надиров К.С. д.х.н., профессор, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 53 Назарбекова А.Н. магистрант, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 54 Нифонтов Ю.А. д.т.н., профессор, Санкт-Петербургский государственный морской технический университет
- 55 Нурдиллаева Р.Н. к.х.н., и.о. профессора, Международный казахско-турецкий университет им. Х.А. Ясави
- 56 Нуржигитова А.Т. магистр, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 57 Нурлыбаева А.Н. PhD, д.х.н., доцент, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати

- 58 Омаров А.Р. доктор PhD, ст.преподаватель, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева
- 59 Омаров Т.Ж. магистрант, Алматы Менеджмент университет
- 60 Оразғали Д.Т. магистрант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 61 Пазылова Д.Т. докторант, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 62 Петрожицкий Д.В. ВНС, Национальный исследовательский университет «МИЭТ», г. Зеленоград, Россия
- 63 Петропавловский И. д.т.н., профессор, Российский химико-технологический университет им. Д.И. Менделеева, г. Москва
- 64 Рамазанов Н.С. магистр, Казахский Агротехнический университет им. С. Сейфуллина, г. Нур-Султан
- 65 Расулов А.М. д.ф.-м.н., профессор, Ферганский Политехнический институт, Узбекистан
- 66 Сагитова Г.К. ст.преподаватель, университет «Нархоз»
- 67 Садиева Х.Р. к.т.н., доцент, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 68 Саинова Г.А. д.т.н., профессор, ГНС, Международный казахско-турецкий университет им. Х.А. Ясави
- 69 Сатиев Н.Б. магистрант, АО «Казахстанско-Британский технический университет»
- 70 Слюсарь В.В. к.т.н., доцент, Национальный исследовательский университет «МИЭТ», г. Зеленоград, Россия
- 71 Сугурбекова Г.К. д.х.н., СНС, Национальная лаборатория Астана, Назарбаев Университет
- 72 Тайкулакова Г.С. доцент, Алматы Менеджмент Университет
- 73 Танырбергенова Г.К. магистр, ст.преподаватель, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева
- 74 Тикебаев Т.А. PhD, ассистент-профессор, АО «Казахстанско-Британский технический университет»
- 75 Тлеуленова Г.Т. ст.преподаватель, Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева
- 76 Тлеуов А.С. профессор, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова
- 77 Тлеуова С.Т. к.т.н., доцент, Южно-Казахстанский государственный университет им. М. Ауэзова

- 78 Токмагамбетов Н. PhD, и.о.доцента, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 79 Толешев А.Т. магистрант, Казахский Агротехнический университет им. С. Сейфулина, г. Нур-Султан
- 80 Турсынбай Н.Ф. магистр, ст.преподаватель, Казахский Агротехнический университет им. С. Сейфуллина, г. Нур-Султан
- 81 Увалиева И.М. PhD, доцент, Восточно-Казахстанский государственный технический университет им. Д. Серикбаева
- 82 Умаров Ф.Ф. д.ф.-м.н., профессор, АО "Казахстанско-Британский технический университет"
- 83 Цой Д.Д. МНС, Международный университет информационных технологий
- 84 Шолақ А.А. к.т.н., профессор, Таразский государственный университет им. М.Х. Дулати
- 85 Шорманов Т.С. докторант, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби
- 86 Юничева Н.Р. к.т.н., доцент, ВНС, Институт информационных и вычислительных технологий
- 87 Ядгаров И.Д. д.ф.-м.н., Институт ионно-плазменных и лазерных технологий Академии наук Республики Узбекистан

ҚАЗАҚСТАН-БРИТАН ТЕХНИКАЛЫҚ УНИВЕРСИТЕТІНІҢ
ХАБАРШЫСЫ

HERALD
OF THE KAZAKH-BRITISH TECHNICAL UNIVERSITY

ВЕСТНИК
КАЗАХСТАНСКО-БРИТАНСКОГО ТЕХНИЧЕСКОГО УНИВЕРСИТЕТА

Ответственный за выпуск	Есбергенов Досым Бектенович
Редакторы	Далабаева Айсара Касымбековна Садганова Эльмира Абуовна
Компьютерный дизайн	Аязбаева Зарина Козубековна
Компьютерная верстка	Елеманова Дана Каиркельдыевна

Редакция журнала «Вестник КБТУ» не несет ответственность за содержание публикуемых статей. Содержания статей целиком принадлежат авторам, и размещаются в журнале исключительно под их ответственность.

Издание Казахстанско-Британского технического университета
Издательский центр КБТУ, Алматы, ул. Толе би, 59

ФАКУЛЬТЕТ ГЕОЛОГИИ И НЕФТЕГАЗОВОГО ДЕЛА: ПРОГРАММА «НЕФТЕГАЗОВОЕ ДЕЛО»

- тесное партнерство с нефтегазовыми компаниями;
- получение знаний непосредственно от представителей нефтегазовой индустрии;
- получение производственного опыта на базе национальных и транснациональных компаний энергетического комплекса;
- работа с современными программными продуктами (Eclipse, Petrel, PetroMod, KAPPA, PC-PUMP, GOCAD, ECOS, Surfer)

Наши выпускники работают в компаниях:



HALLIBURTON



Наши контакты:
+7 (727) 357 42 42
www.kbtu.kz