

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ

«Қ.И.Сәтбаев атындағы Қазақ ұлттық техникалық зерттеу университеті»
коммерциялық емес акционерлік қоғамы

Қ.Тұрысов атындағы Геология және мұнай-газ ісі институты

Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасы

6B05101 – Химиялық және биохимиялық инженерия

Сайлауов Альбек Талғатұлы

«Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық
стресс жағдайындағы микроРНҚ молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау»

Дипломдық жобаға
ТҮСІНДІРМЕ ЖАЗБА

6B05101 – Химиялық және биохимиялық инженерия

Алматы 2025

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ

«Қ.И.Сәтбаев атындағы Қазақ ұлттық техникалық зерттеу университеті»
коммерциялық емес акционерлік қоғамы

Қ.Тұрысов атындағы Геология және мұнай-газ ісі институты

Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасы

6B05101 – Химиялық және биохимиялық инженерия

ҚОРҒАУҒА ЖІБЕРІЛДІ

«Химиялық және биохимиялық инженерия» кафедрасының
менгерушісі,

Х.Ғ.К. қауым профессор

Мангазбаева Р.А.

2025 ж.



Дипломдық жобаға
ТҮСІНДІРМЕ ЖАЗБА

«Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау»

6B05101 – Химиялық және биохимиялық инженерия

Орындаған

Сайлауов А. Т.

Пікір беруші:
эл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық
университеті, биология және
биотехнология факультеті, биофизика,
биомедицина және нейроғылым
кафедрасының PhD, аға оқытушысы

 Есенбекова А.Е.
"11" 06 2025 ж

Ғылыми жетекші: PhD.,
қауым. профессор

 Белкожаев А.М.
"12" 06 2025 ж

Алматы 2025

«Қ.И.Сәтбаев атындағы Қазақ ұлттық техникалық зерттеу университеті»
коммерциялық емес акционерлік қоғамы

Қ.Тұрысов атындағы Геология және мұнай-газ ісі институты

Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасы

6B05101 – Химиялық және биохимиялық инженерия

БЕКІТЕМІН

«Химиялық және биохимиялық инженерия» кафедрасының
меңгерушісі,

Х.Ғ.К. қауым профессор

 Мангазбаева Р.А.
" " 2025 ж.

**Дипломдық жобаны орындауға арналған
ТАПСЫРМА**

Білім алушылар: Сайлауов Альбек

Тақырыбы: « Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау»

Оқу жұмысы жөніндегі проректордың 2025 жылғы 29 қаңтардағы № 26-П/Ө бұйрығымен бекітілген.

Аяқталған жұмыстың тапсыру мерзімі: « __ » 06.2025 ж.

Дипломдық жобаның әзірлеуге жататын мәселелер тізімі:

а) Қазақстандағы атом өндірісімен байланысты радиациялық ластануға ұшыраған аймақтарда өсетін өсімдіктер түрлерінде дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларын және гендерін анықтау мақсатында биоинформатикалық деректер базаларын құру;

б) Анықталған микроРНК молекулаларының радиациялық стресс кезінде реттелетін нысана-гендерін болжау мақсатында miRDB баздарламасы арқылы болжау;

с) Өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайына бейімделуінде маңызды рөл атқаратын микроРНК-нысана ген жұптарын *in silico* әдістермен талдау нәтижесінде ұсынылатын болжамды молекулалық механизмді BioRender платформасында визуализациялау.;

Графикалық материалдар тізімі (міндетті сызбаларды дәл көрсете отырып):

Жұмыс презентациясы слайдтарда көрсетілген

Ұсынылған негізгі әдебиеттер: 38 атаулардан тұрады.

Дипломдық жобаны дайындау
КЕСТЕСІ

Бөлім атаулары, дайындалатын сұрақтардың тізімі	Ғылыми жетекшіге ұсыну мерзімдері	Ескерту
Әдебиетке аналитикалық шолу	31.01.2025	-
Материалдар мен әдістер	28.02.2025	-
Зерттеу қорытындылары: жасалған жұмыстар	30.05.2025	-

Аяқталған дипломдық жобаның және оларға қатысты диплом жобасының бөлімдерінің
кеңесшілерінің және қалып бақылаушыларының
қолдары

Бөлімдер атауы	Кеңесшілер тегі, аты, әкесінің аты, (ғылыми дәрежесі, атағы)	Қол қойылған күні	Қолы
Әдебиетке аналитикалық шолу	Белкожаев А.М.	31.01.2025	
Материалдар мен әдістер	Белкожаев А.М.	28.02.2025	
Зерттеу қорытындылары: жасалған жұмыстар	Белкожаев А.М.	30.05.2025	
Норма бақылаушы	Белкожаев А.М.	12.06.2025	

Ғылыми жетекшісі



Белкожаев А. М.

Білім алушылар тапсырманы орындауға алды _____ Сайлауов А. Т.

Күні

«12» 06 2025 ж.

АНДАТПА

«Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау» атты дипломдық жоба 39 бетте баяндалған. Дипломдық жоба құрылымына кіріспе және 3 бөлімнен (ғылыми әдебиет көздеріне шолу, қолданылған материалдар мен тәсілдер және зерттеу нәтижелері) тұрады. Дипломдық жобада мәтінінде 4 кесте және 7 сурет көрсетілген. Зерттелген ғылыми әдебиеттер саны – 38.

Зерттеу жұмысының мақсаты: Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау. Дипломдық жобаның міндеттері: Қазақстандағы атом өндірісімен байланысты радиациялық ластануға ұшыраған аймақтарда өсетін өсімдіктер түрлерінде дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларын және гендерін анықтау мақсатында биоинформатикалық деректер базаларын құру; Анықталған микроРНК молекулаларының радиациялық стресс кезінде реттелетін нысана-гендерін болжау мақсатында miRDB бағдарламасы арқылы болжау; Өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайына бейімделуінде маңызды рөл атқаратын микроРНК-нысана ген жұптарын *in silico* әдістермен талдау нәтижесінде ұсынылатын болжамды молекулалық механизмді BioRender платформасында визуализациялау.

Түйін сөздер: miRDB, miRNA, Biorender, ген, NCBI, экспрессия

АННОТАЦИЯ

Дипломный проект "биоинформатический анализ роли молекул микроРНК в условиях радиационного стресса растений в некоторых атомных производственных зонах Казахстана" изложен на 39 страницах. Дипломный проект состоит из введения в структуру и 3 частей (обзор источников научной литературы, использованных материалов и подходов и результатов исследований). В дипломном проекте в тексте представлены 4 таблицы и 7 рисунков. Количество изученной научной литературы – 38.

Цель исследовательской работы: биоинформатический анализ роли молекул микроРНК в условиях радиационного стресса растений в некоторых атомных производственных зонах Казахстана. Задачи дипломного проекта: создание биоинформатических баз данных с целью выявления дифференциально экспрессируемых молекул и генов микроРНК у видов растений, произрастающих в зонах, подверженных радиационному загрязнению, связанным с атомным производством в Казахстане; прогнозирование с помощью программы miRDB с целью прогнозирования генов-мишеней, регулируемых при радиационном стрессе идентифицированных молекул микроРНК; Визуализация предполагаемого молекулярного механизма на платформе BioRender, предложенная в результате анализа пар генов микроРНК-мишеней методами *in silico*, которые играют важную роль в адаптации растений к условиям радиационного стресса.

Ключевые слова: miRDB, miRNA, Biorender, ген, NCBI, экспрессия

ANNOTATION

The graduation project "bioinformatic analysis of the role of microRNA molecules in the radiation stress of plants in some nuclear production zones in Kazakhstan" is presented on 39 pages. The graduation project consists of an introduction to the structure and 3 parts (review of sources of scientific literature, materials and approaches used and research results). The graduation project contains 4 tables and 7 figures in the text. The number of studied scientific literature is 38.

The purpose of the research: bioinformatic analysis of the role of microRNA molecules in the conditions of radiation stress of plants in some regions of atomic production in Kazakhstan. Objectives of the thesis: creation of bioinformatic databases for the detection of differentially expressed microRNA molecules and genes in plant species growing in regions exposed to radiation pollution associated with atomic production in Kazakhstan; prediction of detected microRNA molecules through the miRDB program in order to predict target genes regulated under radiation stress; Visualization on the BioRender platform of the predicted molecular mechanism proposed as a result of the analysis of microRNA-target gene pairs that play an important role in the adaptation of plants to radiation stress conditions by *in silico* methods.

Keywords: miRDB, miRNA, Biorender, gene, NCBI, expression

МАЗМҰНЫ

	Кіріспе	9
	Негізгі бөлім	10
1.	Әдебиетке шолу	10
1.1	Қазақстандағы радиациялық ластанған аймақтардың сипаттамасы және экологиялық мәселелер	10
1.2	Радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердегі микроРНК-дың дифференциалды экспрессиясы	13
1.3	Дифференциалды экспрессияланған микроРНК-дың нысана гендерін анықтау әдістемесі	16
1.4	Өсімдік микроРНК-ы үшін биоинформатикалық деректер базасын құру принциптері	19
2.	Зерттеу әдістері және материалдар	22
2.1	Зерттеуде қолданылатын биоинформатикалық бағдарламалар	22
2.2	Pubmed сайтында гендердің құрылысын анықтау	22
2.3	Mirdb базасымен жұмыс жасау	23
2.4	Biorender платформасы: биологиялық процесстерді визуализациялау құралы.	24
3	Нәтижелер мен талқылаулар	26
3.1	miRNA молекулаларын және гендерін биоинформатикалық мәліметтер базалары негізінде анықтау.	26
3.2	miRDB бағдарламасының көмегімен жүргізілген салыстырмалы жұмыстар	27
3.3	Biorender, бағдарламасы арқылы эксперименттік стратегия әзірлеу	32
	Қорытынды	34
	Қысқарулар тізімі	35
	Әдебиеттер тізімі	36

Кіріспе

Өзектілігі: Қазіргі уақытта экологиялық стресс факторлары, атап айтқанда радиациялық ластану өсімдіктердің өсуі мен дамуына теріс әсер ететін өзекті мәселелердің бірі болып табылады. Қазақстандағы атом өнеркәсібінің аудандары, мысалы, Семей ядролық полигоны мен Үлбі металлургиялық комбинаты радиациялық ластанудың жоғары деңгейімен сипатталады. Бұл аймақтарда өсетін өсімдіктер радиациялық стресске бейімделу үшін арнайы молекулалық және физиологиялық механизмдерді пайдаланады. МикроРНК молекулалары бұл механизмдерде маңызды рөл атқарады, өйткені олар ген экспрессиясын реттейді және өсімдіктердің стресске реакциясын қалыптастыруға қатысады. Осыған қарамастан, радиациялық әсерге ұшыраған Қазақстан аудандарында өсетін өсімдіктердегі микроРНК-ның рөлі туралы ақпарат әлі де аз, бұл осы саладағы зерттеулердің маңыздылығын арттырады.

Зерттеу мақсаты: Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау. Зерттеу мақсатына келесі міндеттер қойылды:

1. Қазақстандағы атом өндірісімен байланысты радиациялық ластануға ұшыраған аймақтарда өсетін өсімдіктер түрлерінде дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларын және гендерін анықтау мақсатында биоинформатикалық деректер базаларын құру.
2. Анықталған микроРНК молекулаларының радиациялық стресс кезінде реттелетін нысана-гендерін болжау мақсатында miRDB бағдарламасы арқылы болжау.
3. Өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайына бейімделуінде маңызды рөл атқаратын микроРНК-нысана ген жұптарын *in silico* әдістермен талдау нәтижесінде ұсынылатын болжамды молекулалық механизмді BioRender платформасында визуализациялау.

Зерттеу әдістері мен нысандары. Зерттеу барысында биоақпараттық әдістер қолданылады, соның ішінде: PubMed: ғылыми әдебиеттерді жинау және талдау үшін; miRDB: микроРНК молекулаларының жынысын анықтау үшін; BioRender: зерттеу нәтижелерін визуализациялау үшін. Зерттеу нысандарына радиациялық инфекцияға ұшыраған аймақтарда жиналған өсімдік үлгілерінің микроРНК профильдері және олардың жынысы кіреді.

1 Әдебиетке шолу

1.1 Қазақстандағы радиациялық ластанған аймақтардың сипаттамасы және экологиялық мәселелер.

Қазақстан аумағындағы атом өндірісімен байланысты радиациялық ластанған аймақтар, әсіресе Семей ядролық полигоны мен Үлбі металлургиялық комбинаты аймақтары, өсімдіктердің молекулалық деңгейдегі өзгерістерін зерттеу үшін ерекше ғылыми қызығушылық тудырады. Бұл аймақтардың экологиялық жағдайы мен радиациялық мұрасы өсімдік организмдерінің стресс жауаптарын түсінуге мүмкіндік береді. Семей ядролық полигоны - бұл XX ғасырдың екінші жартысындағы ядролық сынақтардың Қазақстан жеріне қалдырған терең экологиялық жарасы. 1949 жылы құрылған бұл полигон Кеңес Одағының ядролық қару бағдарламасының негізгі плацдармына айналды. 18 500 шаршы шақырымды қамтыған бұл алып аймақта 1989 жылға дейін 456 ядролық жарылыс өткізілді, оның 125-і атмосферада, 86-ы ауада, 245-і жер астында жүргізілді [1]. Атмосфералық сынақтардың ең қуаттысы 1953 жылы 1,6 мегатонналық қуатпен жасалды, бұл Хиросимада тасталған бомбадан 100 есе күшті болып табылады. Жер асты сынақтарының жалпы қуаты 38 мегатоннаны құрады. Бұл жарылыстар нәтижесінде атмосфераға 155 миллион кюри радиоактивті материал шықты, ол планетамыздың барлық жағында радиациялық фонның өсуіне әкелді. Радиациялық ластану полигон аумағында біркелкі емес, "дақты" сипатта таралды. Ең қауіпті аймақтар - "Алаш" (атмосфералық сынақтар орталығы), "Балапан" (жер асты сынақтары аймағы) және "Дегелен" (жер асты сынақтардың негізгі комплексы). Бұл аймақтарда цезий-137, стронций-90 және плутоний-239 сияқты улы изотоптардың жоғары концентрациясы байқалады, олардың кейбіреулерінің жартылай ыдырау периоды 24 мың жылдан асады. 1991 жылы полигон жабылғаннан кейін Қазақстан үкіметі кешенді экологиялық қалпына келтіру жұмыстарын бастады. Бірақ бүгінде де кейбір аймақтарда радиациялық фон 10-15 микрорентген/сағатты құрайды, бұл табиғи фоннан 10-15 есе жоғары. Мониторинг жүйесінің деректері бойынша, ластанудың "ыстық нүктелері" әлі де сақтауда, әсіресе жарылыс орындарына жақын жерлерде [2]. Радиациялық мұраның экожүйеге әсері өте терең болып табылады. Өсімдіктер дүниесінде генетикалық мутациялар жиі кездеседі, морфологиялық аномалиялар (гүлдердің пішінінің өзгеруі, жапырақтардың деформациясы) байқалады. Жануарлар әлемінде де өзгерістер көзге түседі - иммундық жүйелердің әлсіреуі, ұрпақтық функциялардың бұзылуы. Топырақ микробиоценозы елеулі өзгерістерге ұшырады, нәтижесінде гумус қабатының қалыңдығы азайды, топырақтың құнарлылығы төмендеді. Соңғы 30 жыл ішінде полигон аумағында 50-ден астам халықаралық ғылыми экспедиция жұмыс істеді, 200-ден астам ғылыми еңбек жарияланды. Бұл зерттеулер радиациялық экология саласында жаңа әдістерді әзірлеуге мүмкіндік берді. Әсіресе, радиацияға төзімді өсімдік түрлерін

зерттеу бойынша жұмыстар айрықша маңызға ие [3]. Семей полигонының радиациялық мұрасы - бұл Қазақстан үшін тек экологиялық мәселе ғана емес, сонымен қатар ғылыми зерттеулердің бірегей полигоны. Бұл аймақта жүргізілетін зерттеулер радиациялық экология, генетика және молекулалық биология салаларында жаңа білімдер алуға мүмкіндік береді. Бүгінгі таңда полигон аумағы "индустриалды экожүйенің" өзгеруін зерттеудің бірегей моделі ретінде қызмет етеді [4].

Үлбі металлургиялық комбинаты Шығыс Қазақстан облысында орналасқан және 1930 жылдардан бері уран өндірумен және өңдеумен айналысатын ірі өндіріс кешені болып табылады. Бұл аймақтың экологиялық жағдайы өндірістік қызметтің 90 жылдан астам тарихына байланысты күрделі және көп аспектілі мәселелерді қамтиды. Комбинаттың қызметі уран кенін өндіруден бастап, оны байытуға дейінгі кешенді технологиялық процестерді қамтиды, бұл қоршаған ортаға әртүрлі деңгейдегі әсер етуге әкелді. Аймақтың экожүйесіне ең елеулі әсер еткен факторлардың бірі - радиоактивті материалдардың шығарындылары. Комбинаттың қызметі кезінде уран өндіру процестерінің қалдықтары, соның ішінде уран изотоптары (U-238, U-235) және олардың ыдырау өнімдері қоршаған ортаға түскен. Бұл заттар топырақтың, жер асты және жер үсті суларының ластануына әкелді. Ауада радон газының концентрациясының жоғарылауы да байқалды, бұл жергілікті тұрғындардың денсаулығына теріс әсерін тигізді. Су ресурстарының ластануы аймақтың экологиялық жағдайындағы ең өзекті мәселелердің бірі болып табылады [5]. Комбинаттың қызметі кезінде өндірістік сулардың тазаланбай шығарылуы жергілікті өзендер мен көлдердің химиялық және радиациялық ластануына әкелді. Бұл өзгерістер су биоценоздарына айтарлықтай әсер етті - балықтар популяциясының азаюы, су өсімдіктерінің түрлік құрамының өзгеруі байқалды. Топырақтың экологиялық жағдайы да айтарлықтай өзгерістерге ұшырады. Уран өндіру аймақтарына жақын жерлерде топырақтың микробиологиялық құрамы елеулі өзгерді - микроорганизмдердің түрлік әріптестігі азайды, топырақ ферменттерінің белсенділігі төмендеді. Бұл өзгерістер топырақтың құнарлылығының төмендеуіне әкеліп, ауыл шаруашылығына жарамды жерлердің ауданының азаюына ықпал етті. Өсімдіктер дүниесі де радиациялық және химиялық ластанудан айтарлықтай зардап шекті. Ластану аймақтарында өсімдіктердің морфологиялық аномалиялары (жапырақтардың деформациясы, гүлдердің пішінінің өзгеруі) жиі кездеседі. Кейбір өсімдік түрлерінің тұқымдарында генетикалық өзгерістер байқалды, бұл олардың радиацияға төзімділігінің артуына немесе керісінше, айтарлықтай төмендеуіне әкелді. Қазіргі уақытта комбинат аймағында кешенді экологиялық мониторинг жүйесі жұмыс істейді. Жыл сайын ауаның, судың, топырақтың сапасын бақылау жүргізіліп, радиациялық фон өлшенеді. Соңғы жылдары экологиялық жағдайды жақсарту бойынша бірқатар шаралар қолға алынды, олардың ішінде қалдықтарды қайта өңдеу технологияларын жетілдіру, ластанған аймақтарды рекультивациялау жұмыстары бар [6].

Радиациялық және химиялық ластанудың өсімдік биоценоздарына әсері көптеген аспектілерде көрініс табады, олардың кейбірі айқын морфологиялық өзгерістер ретінде байқалса, басқалары тек молекулалық деңгейде ғана анықталады. Өсімдіктердің ластануға реакциясын бағалау үшін бірқатар биоиндикаторлық көрсеткіштер қолданылады, олардың ішінде морфологиялық, физиологиялық-биохимиялық және генетикалық деңгейдегі өзгерістер ерекше маңызға ие. Морфологиялық көрсеткіштердің ішінде ең айқын байқалатыны - өсімдіктердің өсуінің тежелуі және даму циклының бұзылуы. Радиациялық ластанған аймақтарда өсімдіктердің биіктігінің азаюы, жапырақтардың саны мен өлшемінің кемуі, гүлдеу кезеңінің өзгеруі жиі кездеседі. Сонымен қатар, морфологиялық аномалиялар - жапырақтардың асимметриясы, гүлдердің пішінінің бұзылуы, сабақтардың қисық өсуі сияқты айқын көріністер де ластану дәрежесін бағалауда маңызды рөл атқарады. Физиологиялық-биохимиялық көрсеткіштердің ішінде ең маңыздылары - фотосинтез процестерінің бұзылуы, хлорофиллдің ыдырауы, антиоксиданттық жүйенің белсенділігінің өзгеруі. Ластану аймақтарындағы өсімдіктерде макро- және микроэлементтердің дисбалансы байқалады, бұл олардың минералдық қоректену процестерінің бұзылуына әкеледі. Сонымен қатар, өсімдіктердің стресс жауабы ретінде пролин, малат және басқа да органикалық қосылыстардың жиналуы да ластану дәрежесін бағалауда маңызды диагностикалық көрсеткіш болып табылады [7]. Генетикалық деңгейдегі өзгерістер ластанудың ең терең әсерлерінің бірі болып табылады. Хромосомалық аберрациялардың жиілігінің артуы, ДНҚ бүлінуінің деңгейі, микроРНК профилінің өзгеруі - осының барлығы өсімдіктердің генетикалық аппаратына ластанудың әсерін анықтауға мүмкіндік береді. Атап айтқанда, дифференциалды экспрессияланған микроРНК-лардың анықталуы стресс жауабының ең сезімтал көрсеткіштерінің бірі болып табылады. Өсімдік биоценоздарының түрлік құрамының өзгеруі де ластанудың маңызды көрсеткіші болып табылады. Радиациялық ластанған аймақтарда түрлік әріптестіктің азаюы, төзімді түрлердің үстемдік етуі, синантроптық өсімдіктердің пайызының артуы байқалады. Бұл өзгерістер экожүйенің тұрақтылығының төмендеуіне әкеліп, биоценоздардың қайта құрылуына әкеледі. Соңғы жылдардың зерттеулері өсімдіктердің метаболиттік профилінің өзгеруін ластанудың жаңа және өте сезімтал көрсеткіші ретінде анықтады [8]. Метаболиттердің концентрациясының өзгеруі, әсіресе фенолдық қосылыстардың, терпендердің және басқа да екіншілік метаболиттердің деңгейінің өзгеруі өсімдіктердің стресс жауабының маңызды маркерлері болып табылады. Осындай көрсеткіштердің кешенді талдауы ластану дәрежесін дәл бағалауға, оның экожүйеге әсерін болжауға және қоршаған ортаны қорғау бойынша тиімді шаралар әзірлеуге мүмкіндік береді. Өсімдік биоценоздарының ластануға реакциясын зерттеу тек экологиялық мониторинг үшін ғана емес, сонымен қатар радиациялық және химиялық стресс жағдайында өсімдіктердің адаптация механизмдерін түсіну үшін де өте маңызды болып табылады [9].

1.2 Радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердегі микроРНК-дың дифференциалды экспрессиясы.

Радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердегі микроРНК-лардың дифференциалды экспрессиясы - бұл молекулалық биологияның өзекті мәселелерінің бірі болып табылады. МикроРНК-лар - 18-24 нуклеотидтен тұратын қысқа, кодтамайтын РНК молекулалары, олар гендік экспрессияны пост-транскрипциялық деңгейде реттеуде маңызды рөл атқарады. Радиация әсерінен өсімдіктерде микроРНК-лардың экспрессия деңгейі айтарлықтай өзгерістерге ұшырайды, бұл олардың стресс жауабындағы маңызды функциясын көрсетеді. МикроРНК-лар - бұл эукариоттық организмдерде гендік экспрессияны реттейтін 18-24 нуклеотидтен тұратын қысқа, кодтамайтын РНК молекулалары. Олардың молекулалық құрылымы мен биологиялық функциялары өсімдіктер мен жануарларда әлемінде ерекше маңызға ие. МикроРНК-лардың биогенезі күрделі көп кезеңді процесс болып табылады. Өсімдіктерде бұл процесс ядрода басталады, мұнда RNA полимераза II микроРНК гендерін транскрипциялайды. Нәтижесінде алғашқы микроРНК (pri-miRNA) түзіледі, ол бірнеше жүздеген нуклеотидтен тұрады. Кейіннен бұл алғашқы транскрипт DICER-LIKE1 (DCL1) ферментінің қатысуымен қысқарады және микроРНК-прекурсоры (pre-miRNA) түзіледі. Соңғы қадамда микроРНК/микроРНК қос тізбекшесі түзіледі, оның бір тізбегі (бастапқы микроРНК) арнайы белкілермен қосылып, РНК-ыңдалған үйлесімді кешенді құрайды [10]. МикроРНК-лардың биологиялық рөлі негізінен гендік экспрессияны реттеуге бағытталған. Өсімдіктерде олар мақсатты мРНК-лармен толық немесе іргелес қосылысу арқылы олардың деградациясына немесе трансляцияның тежелуіне әкеледі. Бұл реттеу механизмі өсімдіктердің дамуында, морфогенезінде, стресс жауабында және метаболизмінде маңызды рөл атқарады. МикроРНК-лар өсімдіктердің онтогенезінің барлық кезеңдерінде белсенді, олар өсімдіктердің өсуінің, жапырақ пен гүлдердің қалыптасуының, тұқымның дамуының реттелуін қамтамасыз етеді. Стресс жағдайында микроРНК-лардың рөлі ерекше маңызға ие. Өсімдіктер радиациялық, құрғақшылық, ауыр металдардың әсері сияқты әртүрлі стресс факторларына микроРНК профилінің өзгеруі арқылы жауап береді. Мысалы, miR398 жоғары температура жағдайында Cu/Zn супероксиддисмутаза гендерін тежейді, ал miR393 ауксин сигнал беру жолын реттейді. Бұл өзгерістер өсімдіктердің стресс төзімділігін арттыруға мүмкіндік береді. МикроРНК-лардың эволюциялық сақталуы олардың биологиялық маңыздылығын көрсетеді. Әртүрлі өсімдік түрлерінде микроРНК-лардың кейбір отбасылары (мысалы, miR156, miR166) жоғары дәрежеде сақталған, бұл олардың негізгі биологиялық процестердегі маңызды рөлін көрсетеді. Сонымен қатар, микроРНК-лардың түрлік ерекшеліктері де бар, бұл әр түрлі өсімдіктердің адаптациялық стратегияларының әртүрлілігін көрсетеді [11]. Ғылыми зерттеулер микроРНК-лардың өсімдіктердің иммунитет жүйесінде де маңызды рөл атқаратынын көрсетеді. Олар патогендерге қарсы қорғаныс реакцияларын реттейді және өсімдіктердің инфекцияға төзімділігін

арттырады. Мысалы, miR393 бактериялық патогендерге жауап ретінде экспрессиясы артып, ауксин сигнал беру жолын тежейді. МикроРНК-лардың молекулалық құрылымы мен биологиялық рөлін зерттеу молекулалық биологияның өзекті бағыттарының бірі болып табылады. Бұл білім генетикалық инженерия әдістерін жетілдіруге, жаңа өсімдік сорттарын шығаруға және экологиялық стресс жағдайларына төзімді өсімдіктерді селекциялауға мүмкіндік береді. Сонымен қатар, микроРНК-ларды зерттеу адам ауруларын диагностикалау және емдеу үшін де перспективалы бағыт болып табылады [12].

Өсімдіктерде микроРНК-лар стресс жауаптарын реттеудің негізгі молекулалық механизмдерінің бірі болып табылады. Бұл қысқа РНК молекулалары әртүрлі абиотикалық (құрғақшылық, тұздылық, температуралық стресс, радиация) және биотикалық (патогендер, зиянкестер) стресс факторларына өсімдіктердің бейімделуін қамтамасыз етеді. МикроРНК-лар стресс жауабында нысана гендердің экспрессиясын реттеу арқылы әрекет етеді, бұл өсімдіктердің стресс төзімділігін арттыратын физиологиялық және биохимиялық өзгерістерге әкеледі. Радиациялық стресс жағдайында микроРНК-лардың бірнеше маңызды отбасыларының экспрессиясы айтарлықтай өзгерістерге ұшырайды. Мысалы, miR398 отбасының экспрессиясының артуы мыс/мырыш супероксиддисмутаза-лардың (CSD1 және CSD2) синтезін тежейді, бұл өсімдіктердің оксиданттық стресске төзімділігін арттырады. miR393 ауксин рецепторларының (*TIR1*, *AFB1*, *AFB2*, *AFB3*) экспрессиясын тежей отырып, ауксин сигнал беру жолын реттейді, бұл өсімдіктердің өсуінің тежелуіне әкеледі және стресс төзімділігін арттырады [13]. miR402 ДНК метилтрансферазаларды реттеу арқылы геномдық тұрақтылықты сақтауға ықпал етеді. Құрғақшылық стрессі кезінде miR169 отбасының экспрессиясы айтарлықтай төмендейді, бұл ядролық фактор Y (NF-Y) транскрипция факторларының экспрессиясының артуына әкеледі және өсімдіктердің құрғақшылыққа төзімділігін арттырады. miR396 өсу реттеуші факторларын тежей отырып, өсімдіктердің өсуін реттейді және қолайсыз жағдайларда энергияны үнемдеуге мүмкіндік береді. miR395 отбасы сульфат тасымалдаушыларын және *ATP* күйілген сульфурилазаларды реттеу арқылы өсімдіктердің тұз стрессіне төзімділігін арттырады. Температуралық стресс кезінде miR172 экспрессиясының өзгеруі *AP2*-транскрипция факторларын реттейді, бұл өсімдіктердің жоғары және төмен температураларға бейімделуін қамтамасыз етеді. miR156 *SBP*-транскрипция факторларын реттеу арқылы өсімдіктердің даму фазаларының ауысуына әсер етеді және стресс жағдайында өсімдіктердің өмір сүру стратегиясын өзгертеді [14]. МикроРНК-лар стресс жауаптарында әртүрлі сигнал беру жолдарының өзара байланысын қамтамасыз етеді. Олар гормондық сигнал беру жолдарын (ауксин, абсциз қышқылы, жасмонаттар) реттеу арқылы өсімдіктердің стресс жауабын интеграциялайды. Мысалы, ауксин сигнал беру жолын реттейтін микроРНК-лар (miR160, miR167) өсімдіктердің өсуі мен дамуының стресс жағдайларына бейімделуін қамтамасыз етеді. Стресс жауаптарында микроРНК-лардың реттеушілік функциясының ерекшелігі - олардың динамикалық сипаты.

Әртүрлі стресс факторларына жауап ретінде микроРНК-лардың экспрессиясы тез өзгеріп, стресс жауабының әртүрлі кезеңдерінде әртүрлі микроРНК-лар белсенді болады. Бұл өсімдіктерге стресс жағдайларына жылдам және икемді жауап беруге мүмкіндік береді. МикроРНК-лардың стресс жауаптарындағы рөлін зерттеу жаңа биотехнологиялық әдістерді әзірлеуге мүмкіндік береді. МикроРНК-лардың экспрессиясын басқару арқылы стресс төзімді өсімдік сорттарын шығаруға болады, бұл ауыл шаруашылығы өнімділігін арттыруға және азық-түлік қауіпсіздігін қамтамасыз етуге мүмкіндік береді. Сонымен қатар, микроРНК-ларды зерттеу экологиялық стресс жағдайларында өсімдіктердің адаптация механизмдерін түсінуге көмектеседі [15].

Радиациялық сәулелену өсімдіктерде микроРНК-лардың экспрессиялық профилінде терең өзгерістерге әкеледі, бұл процесстің молекулалық механизмдері соңғы жылдарда ерекше зерттеу пәніне айналды. Радиация әсерінен өсімдіктерде 3 негізгі микроРНК-лар тобының экспрессиясы өзгереді: экспрессиясы артатындар, экспрессиясы төмендейтіндер және экспрессиясы өзгермейтіндер. Бұл өзгерістер өсімдіктердің радиациялық стресске жауап беру стратегиясын анықтайды және олардың төзімділік механизмдерін түсінудің маңызды аспектісі болып табылады. Экспрессиясы артатын микроРНК-лардың ішінде miR395, miR398 және miR408 ерекше орын алады. miR395 сульфаттардың метаболизмі мен тасымалдануын реттейтін гендерді тежей отырып, өсімдіктердің радиациялық стресс кезіндегі метаболизмін қайта құруға мүмкіндік береді. miR398 Cu/Zn супероксиддисмутазаларды (CSD1, CSD2) реттеу арқылы реактивті оттегі түрлерінің (ROS) деңгейін бақылайды, бұл радиация әсерінен туындайтын оксиданттық стресті азайтады. miR408 пластоцианиндердің синтезін реттеу арқылы фотосинтез аппаратын қорғайды және электрон тасымалдау тізбегіндегі үзілістерді болып табыладырмайды [16]. Экспрессиясы төмендейтін микроРНК-лардың ішінде miR156, miR159 және miR160 ерекше атап өтуге болады. Бұл микроРНК-лардың экспрессиясының төмендеуі олардың нысана гендерінің (*SBP*-транскрипция факторлары, *MYB*-транскрипция факторлары, *ARF*-транскрипция факторлары) экспрессиясының артуына әкеледі. Нәтижесінде өсімдіктердің өсуі мен дамуы реттеліп, радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердің тіршілік ету стратегиясы өзгереді. Атап айтқанда, miR156 экспрессиясының төмендеуі өсімдіктердің вегетативтік фазадан генеративтік фазаға өтуін жеделдетуі мүмкін, бұл стресс жағдайында тұқымдарды тезірек түзіп, түрдың сақталуын қамтамасыз етеді. Радиациялық стресс кезінде микроРНК-лардың экспрессиясының өзгеру динамикасы да ерекше назар аударады. Алғашқы сағаттарда экспрессиясы өзгертін "жедел жауап беруші" микроРНК-лар (miR393, miR397, miR399) негізінен ДНҚ қалпына келтіру жүйелерін және оксиданттық стресс реакцияларын реттейді. Бірнеше күннен кейін экспрессиясы өзгертін "кеш жауап беруші" микроРНК-лар (miR156, miR164, miR172) өсімдіктердің ұзақ мерзімді адаптация стратегияларын қалыптастырады [17]. Радиациялық стресс жағдайында микроРНК-лардың дифференциалды экспрессиясы өсімдік

түрлеріне байланысты айтарлықтай айырмашылықтар көрсетеді. Мысалы, астық тұқымдас өсімдіктерде miR169 отбасының экспрессиясының күрт артуы байқалса, ал бұталы өсімдіктерде miR395 отбасының экспрессиясының артуы басым болады. Бұл айырмашылықтар әр түрлі өсімдіктердің радиациялық стресске төзімділік механизмдерінің әртүрлілігін көрсетеді. МикроРНК-лардың дифференциалды экспрессиясының радиациялық стресс жағдайындағы зерттелуі өсімдіктердің молекулалық деңгейдегі адаптация механизмдерін түсінуге мүмкіндік береді. Бұл білім радиациялық ластанған аймақтарда өсімдіктердің тіршілік ету стратегияларын болжауға, сонымен қатар радиацияға төзімді өсімдік түрлерін селекциялауға негіз бола алады. Сонымен қатар, дифференциалды экспрессияланған микроРНК-лар радиациялық ластанудың биоиндикаторлары ретінде пайдаланылуы мүмкін, бұл экологиялық мониторингтің жаңа әдістерін әзірлеуге мүмкіндік береді [18].

1.3 Дифференциалды экспрессияланған микроРНК-дың гендерін анықтау әдістемесі.

МикроРНК-дың нысана гендерімен өзара әрекеттесуін болжау биоинформатиканың өзекті мәселелерінің бірі болып табылады. Бұл процесті модельдеу үшін әртүрлі алгоритмдер мен әдіснамалар қолданылады, олардың әрқайсысының өзіндік артықшылықтары мен шектеулері бар. Негізгі болжам әдістеріне *in silico* талдау, эксперименттік тексеру және комбинациялық тәсілдер жатады. *In silico* талдау бағдарламалық құралдардың кең спектрін қамтиды. miRanda, TargetScan және RNAhybrid сияқты алгоритмдер микроРНК мен мРНК арасындағы қосылу энергиясын, консервативтілік дәрежесін және байланысу орнының құрылымдық ерекшеліктерін есепке ала отырып, ықтимал нысана гендерді анықтайды. DIANA-microT, PicTar және PITA сияқты кеңінен қолданылатын бағдарламалар статистикалық модельдерді пайдаланып, әртүрлі параметрлерді біріктіреді. Соңғы жылдардың дамуларында machine learning тәсілдері, әсіресе deep learning әдістері (мысалы, DeepTarget, miRTar2GO) пайда болып табылады, олар үлкен деректер жинақтарын талдау арқылы дәлдікті айтарлықтай арттырады. Эксперименттік тексеру әдістеріне degradome секвенирлеу, CLIP-seq және әртүрлі репортерлық жүйелер жатады. Degradome талдауы микроРНК-лардың әсерінен қиылатын мРНК фрагменттерін анықтауға мүмкіндік береді, бұл *in vivo* жағдайындағы нақты өзара әрекеттесуді растайды [19]. CLIP-seq әдісі микроРНК-белкі кешендерінің мРНК-мен байланысу орындарын карталауға мүмкіндік береді. Репортерлық жүйелер микроРНК-нысана ген өзара әрекеттесуін функционалдық деңгейде тексеруге мүмкіндік береді. Комбинациялық тәсілдер әртүрлі биоинформатикалық және эксперименттік әдістерді біріктіреді. Мысалы, интегративтік талдау бірнеше болжам алгоритмдерінің нәтижелерін біріктіреді және эксперименттік деректермен растайды. Функционалдық талдау болжанған нысана гендердің биологиялық маңыздылығын бағалауға мүмкіндік береді. Соңғы жылдардағы негізгі

тенденция - мультиомикалық деректерді интеграциялау (микроРНК-омика, транскриптомика, протеомика), бұл микроРНК-нысана ген өзара әрекеттесулерін жан-жақты талдауға мүмкіндік береді. Network analysis әдістері микроРНК-лар мен олардың нысана гендерінің желілік өзара әрекеттестіктерін визуализациялауға мүмкіндік береді [20]. МикроРНК-нысана ген өзара әрекеттестерін болжаудағы негізгі қиындықтарға микроРНК-лардың бір нысана генмен жартылай комплементарлық байланысуы, контекстке тәуелділік және түрлік ерекшеліктер жатады. Болашақтағы зерттеулер single-cell технологияларын, CRISPR-негізді әдістерді және жасанды интеллекттің одан әрі дамуын пайдалануға бағытталуы мүмкін, бұл микроРНК-лардың гендік реттеу механизмдерін түсінуде жаңа қадамдар жасауға мүмкіндік береді [21].

Радиациялық стресс жағдайында өсімдіктерде бірнеше негізгі сигналдық жолдар белсенділенеді, олардың әрқайсысы организмнің стресске бейімделу механизмдерінде маңызды рөл атқарады. Бұл жолдардың талдауы молекулалық деңгейдегі адаптация процестерін түсінуге мүмкіндік береді. Радиация әсерінен бірінші кезекте реактивті оттегі түрлерінің (ROS) сигналдық жолы белсенділенеді. Радиациялық сәулелену клеткада су молекулаларының иондалуын тудырып, супероксид аниондары (O_2^-), гидроксил радикалдары ($OH\cdot$) және гидроген пероксиді (H_2O_2) сияқты ROS түзілуіне әкеледі. Бұл компоненттер MAPK (митогенмен активтенген протеинкиназалар) каскадын іске қосады, ол өсімдіктердің стресске жауап беру транскрипция факторларын (*MYB*, *WRKY*, *NAC*) активтендіреді. ДНҚ зақымдануына жауап ретінде p53-тәрізді транскрипция факторларының сигналдық жолы белсенділенеді. Бұл жол ATM/ATR протеинкиназалары арқылы іске қосылып, циклиндердің тәуелді киназаларын (CDK) тежейді, нәтижесінде клеткалық цикл тоқтатылады және ДНҚ қалпына келтіру жүйелері активтенеді [22]. Радиациялық стресс жағдайында ауксин сигнал беру жолында да елеулі өзгерістер байқалады. МикроРНК-лардың (*miR160*, *miR167*) *TIR1/AFB* ауксин рецепторларының экспрессиясын реттеуі нәтижесінде ауксин сигнал беру жолының өзгеруі өсімдіктердің өсуінің тежелуіне әкеледі, бұл энергияны стресс жауаптарына бағыттауға мүмкіндік береді. Абсциз қышқылы (АБК) сигналдық жолы да радиациялық стресс кезінде маңызды рөл атқарады. Радиация әсерінен *NCED* гендерінің экспрессиясы артып, АБК синтезі күшейеді. АБК *PYR/PYL* рецепторларына байланысып, *PP2C* фосфатазаларын тежейді, нәтижесінде SnRK2 киназалары активтеніп, стресс жауап беру гендерінің экспрессиясын реттейтін транскрипция факторларын (*ABF/AREB*) фосфорлайды. Бұл жол өсімдіктердің радиациялық стресс кезіндегі төзімділігін арттырады. Ясмонат сигнал беру жолы радиациялық стресс кезінде ерекше маңызға ие [23]. Радиация әсерінен липоксигеназалардың белсенділігі артып, ясмонат синтезі күшейеді. Ясмонат *JAZ* репрессорларын деградациялау арқылы *MYC2* транскрипция факторын босатады, ол стресс жауап беру гендерінің экспрессиясын реттейді. Бұл жол өсімдіктердің радиациялық стресс кезіндегі қорғаныш реакцияларын күшейтеді. Сигналдық жолдардың талдауы үшін қазіргі уақытта

мультиомикалық тәсілдер (транскриптомика, протеомика, метаболомика) кеңінен қолданылады. Бұл әдістер сигналдық жолдардың компоненттерін жан-жақты анықтауға мүмкіндік береді. Сонымен қатар, математикалық модельдеу тәсілдері (мысалы, Boolean желілері, дифференциалдық теңдеулер) сигналдық жолдардың динамикасын түсінуге көмектеседі. Радиациялық стресс кезіндегі сигналдық жолдардың талдауы өсімдіктердің молекулалық деңгейдегі адаптация механизмдерін ашуға мүмкіндік береді және радиацияға төзімді өсімдік сорттарын шығаруға негіз бола алады [24].

МикроРНК-лардың нысана гендерін функционалдық топтастыру және талдау молекулалық биологияның күрделі және көпқырлы процесі болып табылады. Бұл процесстің негізінде гендік онтология (GO) талдауы, *KEGG* жолдарының анықтамасы және белгілі биологиялық процестермен байланыстыру жатады. Функционалдық топтастырудың басты мақсаты - микроРНК-лар арқылы реттелетін гендердің биологиялық жүйедегі рөлін анықтау және олардың өзара байланыстарын түсіну. Бірінші кезекте, микроРНК-лардың нысана гендерінің функциясын анықтау үшін Gene Ontology талдауы жүргізіледі. Бұл талдау үш компоненттен тұрады: молекулалық функция (мысалы, каталитикалық әрекет, байланысу функциясы), клеткалық компонент (мысалы, ядро, мембрана, рибосома) және биологиялық процесс (мысалы, метаболизм, сигнал беру, жасуша циклі). GO талдауы арқылы нысана гендердің негізгі функционалдық категориялары анықталады және олардың радиациялық стресс жағдайындағы рөлі түсініледі. Екінші маңызды талдау - *KEGG* (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) жолдарының анықтамасы. Бұл әдіс нысана гендердің метаболизм жолдарындағы, сигнал беру жүйелеріндегі және клеткалық процестердегі орнын анықтауға мүмкіндік береді [25]. Радиациялық стресс жағдайында ерекше маңызға ие болатын жолдарға ROS детоксикациясы, ДНҚ қалпына келтіру, апоптоз, ауксин сигнал беру жолдары жатады. *KEGG* талдауы арқылы микроРНК-лар арқылы реттелетін гендердің осы жолдардағы орны мен әсері анықталады. Функционалдық топтастырудың тағы бір маңызды аспектісі - белгілі биологиялық процестермен байланыстыру. Мысалы, радиациялық стресс жағдайында нысана гендерді оксиданттық стресс реакциясы, жасуша циклінің реттелуі, ДНҚ қалпына келтіру, гормондық сигнал беру сияқты процестермен байланыстыруға болады. Бұл байланыстар арқылы микроРНК-лардың радиациялық стресс кезіндегі молекулалық механизмдерге әсері түсініледі. Функционалдық талдаудың қазіргі заманғы әдістеріне желілік талдау жатады [26]. Бұл әдіс арқылы микроРНК-лар мен олардың нысана гендерінің өзара әрекеттесу желілері құрастырылады. Желілік талдау арқылы "hub" гендерді (ең көп байланысқан гендерді) анықтауға болады, олар жүйенің тұрақтылығында маңызды рөл атқарады. Сонымен қатар, модульдік талдау арқылы гендердің функционалдық топтарын (модульдерін) анықтауға болады. Функционалдық талдаудың соңғы кезеңі - нәтижелерді биологиялық тұрғыдан интерпретациялау. Бұл кезеңде микроРНК-лардың нысана гендері арқылы қандай биологиялық процестердің реттелетіні, осы процестердің радиациялық

стресс жағдайындағы маңызы анықталады. Мысалы, егер микроРНК-лардың нысана гендері негізінен ДНҚ қалпына келтіру және оксиданттық стресс реакциясымен байланысты болса, онда бұл микроРНК-лардың негізгі рөлі радиациялық зақымдануды жоюға бағытталған деп қорытынды жасауға болады. Нысана гендердің функционалдық топтастыруы мен талдауы микроРНК-лардың биологиялық рөлін түсінуде маңызды қадам болып табылады. Бұл талдау арқылы радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердің молекулалық деңгейдегі адаптация механизмдері ашылады және болашақта радиацияға төзімді өсімдік сорттарын шығаруға негіз бола алады. Сонымен қатар, бұл зерттеулер экологиялық стресс жағдайларында өсімдіктердің молекулалық жауаптарын түсінуге көмектеседі [27].

1.4 Өсімдік микроРНК-ы үшін биоинформатикалық деректер базасын құру принциптері.

МикроРНК деректер базаларын құру үшін кешенді ғылыми тәсілдер қолданылады. Бұл процестің негізінде молекулалық биология, биоинформатика және деректерді өңдеу технологияларының заманауи әдістері жатады. Деректер базасын құрудың бастапқы кезеңінде әртүрлі көздерден (NGS эксперименттері, микрочиптер, ғылыми жарияланымдар, халықаралық дерекқорлар) алынған микроРНК деректері жинақталады және сапасы тексеріледі. Деректерді аннотациялау кезінде әрбір микроРНК үшін оның прекурсор құрылымы, жетілген тізбегі, хромосомадағы орналасуы, консервативтілік дәрежесі және нысана гендері туралы толық ақпарат қамтылады. Нысана гендерді болжау үшін miRanda, TargetScan, RNAhybrid сияқты алгоритмдер мен machine learning әдістері қолданылады, олар комплементарлық дәрежесін, термодинамикалық тұрақтылықты және эволюциялық сақталуды есепке алады. Деректер базасының архитектурасы үш деңгейлі модельді қолданады: деректерді сақтау үшін реляциялық немесе NoSQL базалары, есептеу логикасы үшін API интерфейсі және пайдаланушыға арналған веб-интерфейс. Арнайы функционалдық талдау құралдары (GO enrichment analysis, Pathway талдауы, Protein-protein interaction желілері) микроРНК-лардың биологиялық рөлін түсінуге мүмкіндік береді [28]. Радиациялық стресс жағдайында зерттеулер жүргізу үшін дерекқорда ДНҚ зақымдануына байланысты жолдар, ROS метаболизмінің реттелуі және радиацияға төзімділікпен байланысты гендер туралы арнайы бөлімдер қамтылады. Деректер базасы үздіксіз жаңартылып отырады және жаңа эксперименттік деректермен толықтырылады, бұл молекулалық зерттеулерді жеделдетуге және жаңа диагностикалық маркерлерді ашуға мүмкіндік береді. МикроРНК деректер базаларын құрудың ғылыми негіздері молекулалық биологияның соңғы жетістіктерімен, биоинформатиканың заманауи әдістерімен және есептеуіш технологиялардың қуатымен тығыз байланысты болып табылады [29].

Жергілікті микроРНК-деректер базасы Қазақстанның радиациялық ластанған аймақтарындағы өсімдіктердің микроРНК профильдерін зерттеуге

арналған арнайы құрал болып табылады. Бұл базаның негізгі ерекшелігі - ол жергілікті өсімдік түрлерінің радиациялық стресс жағдайындағы молекулалық реакцияларына бағытталған және Қазақстанның экологиялық ерекшеліктерін ескере отырып жасалған. Базаның құрылымы үш негізгі бөлімнен тұрады: микроРНК профильдерінің деректер жинағы, нысана гендердің функционалдық аннотациясы және радиациялық стресс жауабының сигналдық жолдары. Деректер жинағына Семей полигоны мен Үлбі металлургиялық комбинаты аймақтарынан алынған өсімдік үлгілерінің NGS секвенирлеу нәтижелері, микрочип талдаулары және qPCR тексерулерінің деректері енгізілген. Функционалдық аннотация бөлімінде гендік онтология (GO) талдауы, KEGG жолдарының сипаттамасы және белгілі биологиялық процестермен байланыстыру жүйелері қамтылған. Сигналдық жолдар бөлімінде радиациялық стресс кезіндегі микроРНК-лардың өзара әрекеттесу желілері, ROS метаболизмінің реттелу механизмдері және ДНҚ қалпына келтіру процестерінің динамикасы көрсетілген [30]. Базаның арнайы ерекшеліктерінің бірі - ол жергілікті өсімдік түрлерінің (мысалы, *Artemisia*, *Stipa*, *Festuca*) радиацияға төзімділік механизмдерін зерттеуге мүмкіндік беретін арнайы филтрлермен жабдықталған. Дерекқордың құрылымдық архитектурасы MySQL негізіндегі реляциялық базаны, Python негізіндегі API интерфейсін және React фреймворкінде жасалған интуитивті веб-интерфейсті қамтиды. Базада қолданылатын биоинформатикалық алгоритмдер жергілікті өсімдіктердің геномдық ерекшеліктерін ескере отырып, халықаралық стандарттарға сәйкес бейімделген. Деректердің сапасын қамтамасыз ету үшін әрбір жаңа енгізілетін дерек эксперименталды түрде тексеріледі және ғылыми әдебиеттердегі дәлелдермен расталады. Жергілікті микроРНК-деректер базасы Қазақстандағы радиобиологиялық зерттеулердің дамуына үлес қосатын және экологиялық мониторингтің жаңа әдістерін әзірлеуге мүмкіндік беретін маңызды ғылыми құрал болып табылады [31].

Деректер базасын толықтыру және өңдеу үшін кешенді әдістемелер қолданылады, олардың негізінде эксперименттік зерттеулер мен биоинформатикалық талдаулар жатады. Деректерді жинау процесінде радиациялық ластанған аймақтардан алынған өсімдік үлгілеріне Next-Generation Sequencing (NGS) технологиясы арқылы жоғары өнімді секвенирлеу жүргізіледі, нәтижесінде алынған raw reads-тер FastQC бағдарламасы арқылы сапасы тексеріледі. Деректерді алдын ала өңдеу кезеңінде Trimmomatic немесе Cutadapt құралдары арқылы адаптерлік тізбектер алынып тасталып, сапасы төмен reads-тер филтрленеді. МикроРНК-ларды анықтау үшін miRDeep2 алгоритмі қолданылады, ол прекурсорлық микроРНК құрылымын модельдеп, жетілген микроРНК тізбектерін анықтайды. Алынған микроРНК тізбектері miRBase халықаралық дерекқорымен сәйкестендіріліп, жергілікті өсімдік түрлеріне тән жаңа микроРНК-лар белгіленеді. Дифференциалды экспрессияны талдау DESeq2 немесе edgeR бағдарламалары арқылы жүргізіліп, радиациялық стресс жағдайында экспрессиясы өзгерген микроРНК-лар анықталады. Нысана гендерді болжау үшін TargetFinder және psRNATarget арнайы алгоритмдері

қолданылады, олар микроРНҚ мен мРНҚ арасындағы комплементарлық байланысты және термодинамикалық тұрақтылықты есепке алады [32]. Функционалдық талдау кезеңінде Gene Ontology (GO) және KEGG жолдарының талдауы жүргізіліп, микроРНҚ-лардың биологиялық процестердегі рөлі анықталады. Деректер базасына енгізілетін ақпараттардың дәлдігін қамтамасыз ету үшін qPCR арқылы эксперименттік тексерулер жүргізіледі, нәтижелер статистикалық түрде өңделіп, p-value және FDR корректировкалары есепке алынады. Деректер базасы үздіксіз жаңартылып отырады, жаңа зерттеулердің нәтижелері арнайы валидациялық процедуралардан өткен соң қосылады. Деректерді визуализациялау үшін R тіліндегі ggplot2 пакеті немесе Python-дағы Matplotlib кітапханасы қолданылады, бұл кешенді деректерді түсінуді жеңілдетеді. Деректер базасының сенімділігін арттыру мақсатында халықаралық стандарттарға сәйкес тексерулер жүргізіліп, мета-талдау арқылы алынған нәтижелердің дәлдігі бағаланады. Бұл әдістердің жиынтығы жергілікті микроРНҚ-деректер базасының сапасын қамтамасыз етеді және оны радиобиологиялық зерттеулердің сенімді құралына айналдырады [33].

2 Зерттеу әдістері және материалдар

2.1 Зерттеуде қолданылатын биоинформатикалық бағдарламалар.

Бұл зерттеу жұмысында Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін анықтайтын компьютерлік бағдарламалар қолданылды. микроРНК молекулаларының радиациялық стресс кезінде реттелетін нысана-гендерін болжау мақсатында miRDB бағдарламасы арқылы болжау (1 кесте).

1 Кесте – Зерттеу жұмысымда қолданылған биоинформатикалық бағдарламалар

Бағдарлама	Ақпараттық сілтеме	Сипаттама
PubMed	https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/	Ұлттық биотехнологиялық ақпараттар орталығы
miRDB	https://mirdb.org/	miRDB-бұл miRNA мақсатты болжау және функционалдық аннотациялар үшін онлайн дерекқор.
BioRender	https://www.biorender.com/	Ғылыми салаларда пайдаланылатын схемалар мен диаграммаларды визуализациялауға көмектеседі

2.2 PubMed сайтында гендердің құрылысын анықтау.

PubMed-Medline дерекқорына қол жеткізу үшін АҚШ Ұлттық медицина кітапханасы (NLM) әзірлеген тегін іздеу жүйесі. Онда медицина, биология және соған байланысты ғылымдардағы биомедициналық мақалалар мен ғылыми зерттеулерге миллиондаған сілтемелер бар. PubMed-ті зерттеушілер, Денсаулық сақтау мамандары және студенттер өзекті ғылыми ақпаратты іздеу және талдау үшін пайдаланады [34].

PubMed зерттеушілерге, Денсаулық сақтау мамандарына және студенттерге маңызды ғылыми ақпаратты табуға және медициналық әдебиеттерді талдауға көмектесетін маңызды құрал болып табылады [35].

PubMed арқылы *MYC* генінің қатерлі ісікті емдеуге ақпарат табуға болады (1-сурет).

The screenshot shows the PubMed search results for the article "MYC as a target for cancer treatment". The search bar at the top contains the keyword "MYC". The article title is prominently displayed, along with the authors: Michael J Duffy, Shane O'Grady, Minhong Tang, and John Crown. The article is from "Cancer Treat Rev" (2021 Mar;94:102154). The abstract is visible, starting with "The MYC gene which consists of 3 paralogs, C-MYC, N-MYC and L-MYC, is one of the most frequently deregulated driver genes in human cancer." The interface includes navigation links like "PREV RESULT" and "NEXT RESULT", and action buttons like "Cite" and "Collections".

1 Сурет – PubMed сайтындағы *MYC as a target for cancer treatment* мақаласы [36].

2.3 miRDB базасымен жұмыс жасау.

miRDB-микроРНК нысандарын болжауға және олардың функционалдық аннотациясына арналған онлайн дерекқор. MiRDB-дегі барлық мақсаттар miRtarget биоақпараттық құралының көмегімен болжалды, ол жоғары өнімді секвенирлеу эксперименттері кезінде мыңдаған микроРНК-ның мақсатты өзара әрекеттесуін талдау негізінде жасалған. Машиналық оқыту әдістері арқылы микроРНК мақсаттарын болжау үшін қолданылатын микроРНК-мен байланысуға және мақсатты экспрессияны басуға байланысты жалпы белгілер анықталды. MiRDB бес түрге арналған микроРНК-ның болжамды мақсаттарын ұсынады: адам, тышқан, егеуқұйрық, ит және тауық. Сондай-ақ, пайдаланушылар жаңартылған болжау алгоритмі арқылы жеке нысандарды болжау үшін өздерінің реттіліктерін ұсына алады. Сонымен қатар, біріктірілген есептеу талдауы мен әдебиеттерді зерттеу арқылы адамдар мен тышқандарда функционалды белсенді микроРНК анықталды. Бұл микроРНК-лар, сондай-ақ олармен байланысты функционалдық аннотациялар miRDB-дегі FuncMir жинағында ұсынылған. Соңғы жаңарту ретінде miRDB жүздеген жасуша сызықтарының экспрессиялық профильдерін ұсынады және пайдаланушы оны қызықтыратын жасуша сызығында көрсетілген микроРНК нысандарын іздеуді шектей алады. МикроРНК функцияларын болжауды жеңілдету үшін miRDB мақсатты болжау мен Gene Ontology деректерін кешенді талдауға арналған жаңа веб-интерфейсті ұсынады [37].

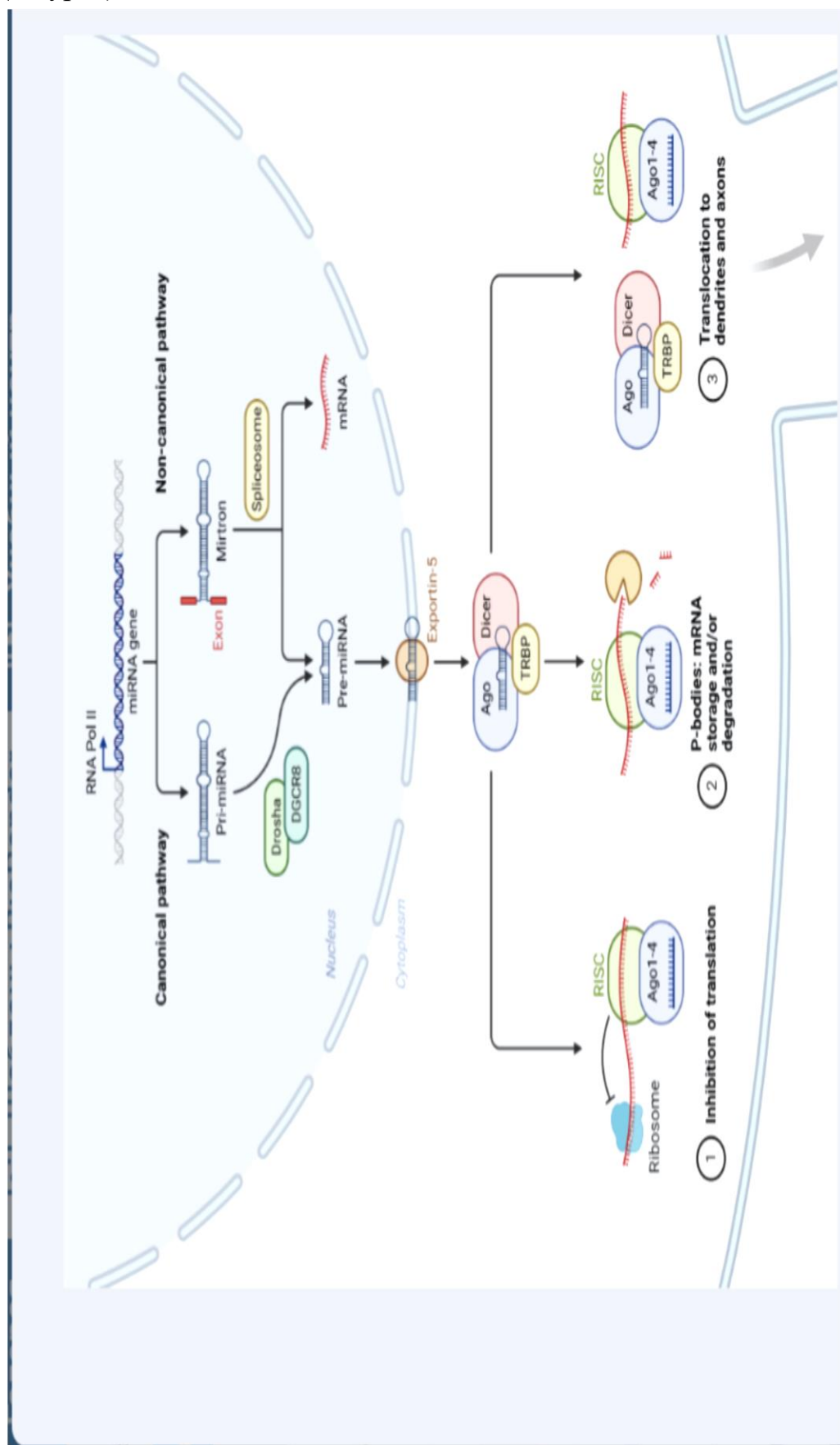


2 Сурет – miRDB бағдарламасы [37].

2.4 BioRender платформасы: биологиялық процесстерді визуализациялау құралы.

BioRender – биологиялық және медициналық зерттеулерді көрнекі түрде бейнелеуге арналған кәсіби онлайн-платформа. Бұл қызмет ғалымдарға, зерттеушілерге және медициналық мамандарға күрделі биологиялық процестерді молекулалық деңгейден бастап органдар жүйесіне дейін жеңіл түсінікті етіп көрсетуге мүмкіндік береді. Платформада 20 000-нан астам стандартты элементтер бар, олардың ішінде молекулалар, жасуша құрылымдары, органдар және басқа да биологиялық объектілердің дәл моделдері ұсынылған. BioRender-дың интуитивті интерфейсі Adobe Illustrator немесе PowerPoint сияқты қарапайым болып табылады, бұл пайдаланушыларға кез келген күрделі схемаларды жылдам жасауға мүмкіндік береді [38]. Платформада сигналдық жолдар, метаболизм схемалары және генетикалық механизмдер сияқты күрделі процестерді бейнелеуге арналған дайын шаблондар бар. Сонымен қатар, BioRender командалық жұмыс мүмкіндіктерін ұсынады, яғни бірнеше қатысушы бір уақытта жобаларды өңдей алады. Платформа Nature, Science және Cell сияқты беделді ғылыми журналдардың талаптарына сәйкес келетін суреттерді экспорттау мүмкіндігін береді. BioRender академиялық зерттеулерде, дәрі-дәрмек әзірлеу саласында және білім беру үшін кеңінен қолданылады. Ғылыми мақалаларға, диссертацияларға және презентацияларға иллюстрациялар жасау үшін бұл платформа өте ыңғайлы. Фармацевтикалық компаниялар үшін молекулалық механизмдерді модельдеуге арналған қуатты құрал ретінде қызмет етеді. Сондай-ақ, BioRender студенттерге оқу материалдарын визуалды түрде жасауға көмектеседі. Оның қарапайым интерфейсі мен кәсіби шаблондары

ғалымдар мен зерттеушілерге ғылыми ақпаратты тиімді ұсынуға көмектеседі (3-сурет).



3 Сурет – BioRender платформасындағы шаблондар үлгісі.

3 Нәтижелер мен талқылаулар

3.1 miRNA молекулаларын және гендерін биоинформатикалық мәліметтер базалары негізінде анықтау.

Қазақстандағы атом өндірісімен байланысты радиациялық ластануға ұшыраған аймақтарда өсетін өсімдіктер түрлерінде дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларын және гендерін анықтау барысында miRDB бағдарламасын қолдандым. Бұл бағдарламаның нәтижесінде дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларына қатысы бар miR-548h-3p, miR-4522, miR-4739, miR-429, miR-608, hsa-miR-564, hsa-miR-4319, miR-21, hsa-miR-6127, hsa-miR-650, hsa-miR-4500, hsa-miR-6131, hsa-miR-4656, hsa-miR-4464, hsa-miR-4748 молекулалардың MYC, GAL, OPA3, TIMP2, RIN3 сияқты нысана гендермен байланысатыны анықталды (2-кесте).

2 Кесте – miRNA мен нысана гендердің mRNA-ның өзара әрекеттесуі

Ген	miRNA	miRNA тізбегі	Орналасу аймағы	Функционалдық әсері
MYC	hsa-miR-548h-3p, hsa-miR-548ac, hsa-miR-548bb-3p, hsa-miR-548z	CAAAAAC CGCAAUU ACUUUUG CA	chr8:2704885 3-27048963	MYC-жасуша өсуінің негізгі реттеушісі. Оның шамадан тыс экспрессиясы жасушалардың бөлінуін жеделдету және олардың метаболизмін өзгерту арқылы қатерлі ісік ауруын тудырады.
GAL	hsa-miR-4522, hsa-miR-4464, hsa-miR-4748	UGACUCU GCCUGUA GGCCGGU	chr17:272939 10-27293996	GAL-галактоза алмасуына жауап беретін ген. Оның мутациялары галактоземияны тудырады — көмірсулар алмасуының бұзылуы.
OPA3	hsa-miR-4739, hsa-miR-4500, hsa-miR-6131, hsa-miR-4656	AAGGGAG GAGGAGC GGAGGGG CCCU	chr17:797071 76-79707249	OPA3-мутациялары оптикалық нейропатия-3 тудыратын митохондриялық ген

2-кестенің жалғасы

<i>TIMP2</i>	hsa-miR-429, hsa-miR-6127, hsa-miR-650	UAAUACU GUCUGGU AAAACCG U	chr1:1169005 -1169087	<i>TIMP2</i> -жасушадан тыс матрицаны реттейтін металлопротеиназа ингибиторы. Фиброзбен, қатерлі ісікпен және тіндерді қайта құрумен байланысты.
<i>RIN3</i>	hsa-miR-608, hsa-miR-564, hsa-miR-4319	AGGGGUG GUGUUGG GACAGCU CCGU	chr10:100974 985- 100975084	<i>RIN3</i> -Паркинсон ауруымен байланысты ген. Нейрондардағы эндоцитозды және жасушаішілік тасымалдауды реттейді.

2 Кесте бойынша алынған miRNA бірнеше нысана гендермен байланыса алатынын байқадық, соның ішінде көрсеткіштері жоғары miRNA түрлерін таңдап алған болатынбыз. Бұл miRNA-лар дифференциалды экспрессияланған микроРНК молекулаларына қатысы бар маңызды молекулалар болып саналады. Кестеде көрсетілген miRNA-мен байланысқан нысана гендер дифференциалды экспрессиялануда негізгі гендер болып саналады.

3.2 MiRDB бағдарламасының көмегімен жүргізілген салыстырмалы жұмыстар.

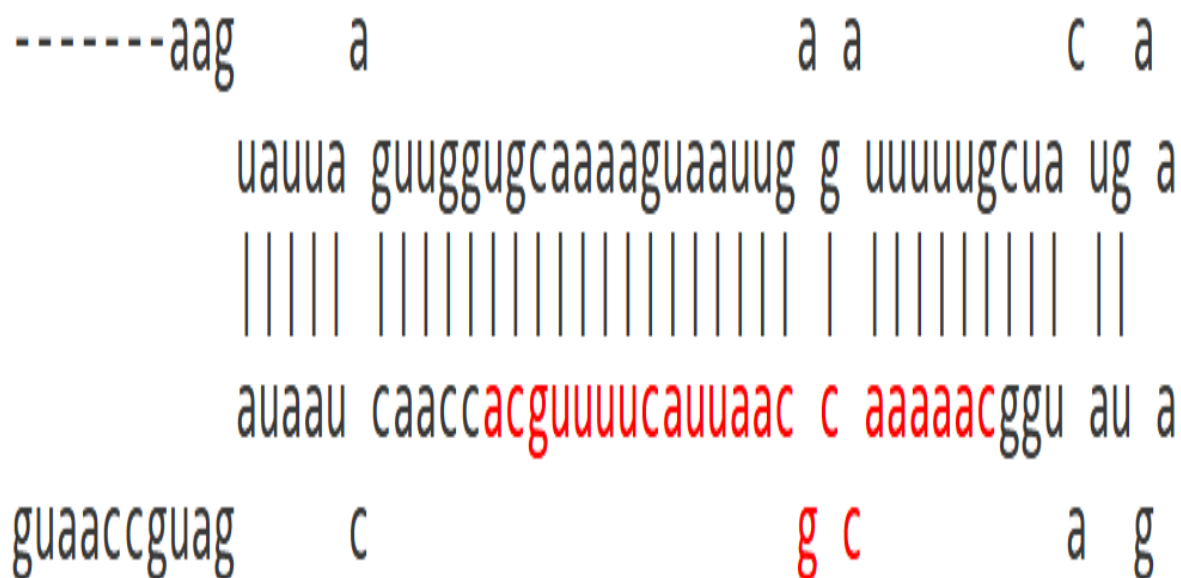
MiRDB бағдарламасында жүргізілген зерттеулерде де біз MYC генін және miR-21 молекуласын қарастырған болатынбыз. Бұл бағдарламада MYC генін нысана ретінде танитын 48 miRNA тізімін шығарған болатын (4-сурет).

Бұл тізім ішінде ген экспрессиясына қатысы бар 6 miRNA іріктеліп, анықталды (3-кесте). Бұл бағдарлама белгілі бір генді нысана ретінде қарастыратын miRNA тізімін шығарып бере алады және сол тізім бойынша ары қарай зерттеу жұмыстарын жүргізуге мүмкіндік береді. miRDB-дан тек 3'-UTR аймағында қалай байланысатынын және нуклеотидтік тізбегін біле аламыз (5-сурет).

Target Detail	Target Rank	Target Score	miRNA Name	Gene Symbol	Gene Description
Details	1	99	hsa-miR-548z	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	2	99	hsa-miR-548aj-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	3	99	hsa-miR-548am-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	4	99	hsa-miR-548h-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	5	99	hsa-miR-548ae-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	6	99	hsa-miR-548j-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	7	99	hsa-miR-548aq-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	8	99	hsa-miR-548ac	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	9	99	hsa-miR-548bb-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	10	99	hsa-miR-548x-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	11	99	hsa-miR-548ah-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	12	99	hsa-miR-548d-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	13	96	hsa-miR-1304-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	14	93	hsa-miR-4699-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	15	92	hsa-miR-5197-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	16	92	hsa-miR-1827	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	17	92	hsa-miR-4652-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	18	91	hsa-miR-34b-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	19	90	hsa-miR-2682-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	20	90	hsa-miR-449c-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	21	88	hsa-miR-548au-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	22	88	hsa-miR-1294	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	23	88	hsa-miR-9986	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	24	85	hsa-miR-548at-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	25	83	hsa-miR-4282	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	26	80	hsa-miR-5692a	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	27	76	hsa-miR-548e-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	28	75	hsa-miR-203a-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	29	75	hsa-miR-12129	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	30	70	hsa-miR-548c-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	31	70	hsa-miR-510-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	32	69	hsa-miR-4799-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	33	68	hsa-miR-5000-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	34	68	hsa-miR-4263	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	35	68	hsa-miR-576-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	36	66	hsa-miR-586	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	37	66	hsa-miR-3934-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	38	64	hsa-miR-8074	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	39	63	hsa-miR-4436a	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	40	62	hsa-miR-369-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	41	61	hsa-miR-12136	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	42	58	hsa-miR-10527-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	43	55	hsa-miR-5584-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	44	55	hsa-miR-491-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	45	54	hsa-miR-16-2-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	46	54	hsa-miR-195-3p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	47	51	hsa-miR-4426	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor
Details	48	50	hsa-miR-629-5p	MYC	MYC proto-oncogene, bHLH transcription factor

4 Cypet – 48 miRNA tizimi.

miRNA	Дифференциалды экспрессияға қатысуы
hsa-miR-548z	Көбінесе иммундық жауап және вирусқа қарсы реакциялармен байланысты.
hsa-miR-548aj-3p	Ген экспрессиясын реттеуде рөл атқарады.
hsa-miR-548c-3p	ДНҚ жөндеу, иммунитет
hsa-miR-4426	Метаболизм, радиорезистенттілік
hsa-miR-586	Транскрипциядан кейінгі деңгейде ген экспрессиясын реттеңіз
hsa-miR-1294	Ген экспрессиясын реттейді, мРНҚ-ны транскрипциядан кейінгі бақылауға қатысады.



Енді осы бағдарламадан miR-21-дің болжамды нысана гендерін анықтадық (6-сурет).

There are 326 predicted targets for cfa-miR-21 in miRDB.

Target Detail	Target Rank	Target Score	miRNA Name	Gene Symbol	Gene Description
Details	1	97	cfa-miR-21	FGF18	fibroblast growth factor 18
Details	2	97	cfa-miR-21	PBRM1	polybromo 1
Details	3	97	cfa-miR-21	ARHGAP24	Rho GTPase activating protein 24
Details	4	96	cfa-miR-21	TGFB1	transforming growth factor beta induced
Details	5	96	cfa-miR-21	ZNF367	zinc finger protein 367
Details	6	96	cfa-miR-21	TTR	transthyretin
Details	7	95	cfa-miR-21	SEC63	SEC63 homolog, protein translocation regulator
Details	8	95	cfa-miR-21	SPART	spartin
Details	9	94	cfa-miR-21	SPRY1	sprouty RTK signaling antagonist 1
Details	10	94	cfa-miR-21	PLEKHA1	pleckstrin homology domain containing A1
Details	11	94	cfa-miR-21	MAGOH	mago homolog, exon junction complex subunit
Details	12	94	cfa-miR-21	CCDC32	coiled-coil domain containing 32
Details	13	94	cfa-miR-21	YOD1	YOD1 deubiquitinase
Details	14	94	cfa-miR-21	PELI1	pellino E3 ubiquitin protein ligase 1
Details	15	94	cfa-miR-21	RALGPS2	Ral GEF with PH domain and SH3 binding motif 2
Details	16	94	cfa-miR-21	IL12A	interleukin 12A
Details	17	93	cfa-miR-21	GC	GC, vitamin D binding protein
Details	18	93	cfa-miR-21	BCL7A	BCL7A, BAF complex component
Details	19	93	cfa-miR-21	KLF3	Kruppel like factor 3
Details	20	92	cfa-miR-21	ADGRG2	adhesion G protein-coupled receptor G2
Details	21	92	cfa-miR-21	KRIT1	KRIT1, ankyrin repeat containing
Details	22	92	cfa-miR-21	KDM7A	lysine demethylase 7A
Details	23	91	cfa-miR-21	UIMC1	ubiquitin interaction motif containing 1
Details	24	91	cfa-miR-21	ZNF287	zinc finger protein 287
Details	25	91	cfa-miR-21	NTF3	neurotrophin 3
Details	26	91	cfa-miR-21	ZNF804B	zinc finger protein 804B
Details	27	91	cfa-miR-21	RMND5A	required for meiotic nuclear division 5 homolog A
Details	28	90	cfa-miR-21	SOX5	SRY-box 5

6 Сурет – miRDB сайтындағы miR-21-дің болжамды нысана гендері.

miRDB бағдарламасында miR-21-дің 326 болжамды нысана гендер жиынтығының тізімі шыққан болатын, оның ішінде 10 түрлі ген экспрессиясына қатысы бар гендерді анықтадық (4-кесте).

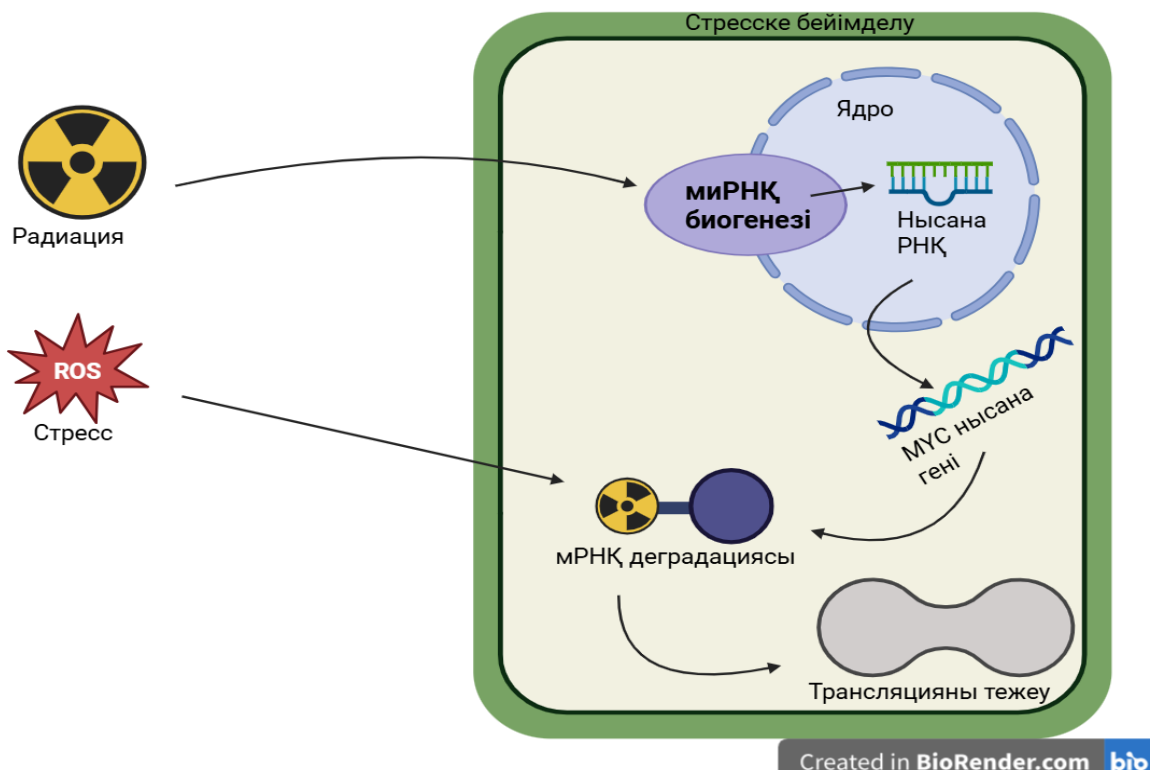
4 Кесте – Гендер тізімі және сипатамасы

Ген атауы	Ген сипаттамасы (қазақша)	Дифференциалды экспрессиямен байланысы
<i>FGF18</i>	Фибробласт өсу факторы 18 – жасуша пролиферациясы мен регенерациясын реттейді	Обыр мен буын ауруларында жоғары экспрессияланған
<i>ARHGAP2</i> 4	Rho GTPase белсендігін тежейтін ақуыз – жасуша қозғалысы мен құрылымын реттейді	Ісік жасушаларында экспрессиясы өзгерген
<i>TNFRSF21</i>	Апоптоз рецепторы – жасушаның өліміне қатысатын сигнал жолдарының бір бөлігі	Ісік пен қабыну кезінде экспрессиясы өзгереді
<i>ZNF367</i>	Цинк саусақты ақуыз – ДНҚ-мен байланысып ген экспрессиясын реттейді	Эпителиалды-мезенхималды трансформация кезінде белсенді
<i>MAGI1</i>	Жасушалар арасындағы тығыз байланысты ұстап тұратын ақуыз	Қалыпты және обырлы тіндерде экспрессия айырмашылығы бар
<i>CDC20</i>	Жасушалық циклді реттейтін ақуыз	Көптеген обыр түрлерінде жоғары экспрессияланады
<i>UBE2T</i>	Убиквитин байланыстырушы фермент – ақуыздардың ыдырауына жауап береді	Обыр жасушаларында DEGs құрамында жиі
<i>BCL2A1</i>	Апоптозға қарсы әсер ететін ақуыз	Иммундық және обыр процестерінде экспрессиясы өзгереді
<i>DNMT3A</i>	ДНҚ метилтрансфераза – эпигенетикалық реттеуге қатысады	Ісік тіндерінде және даму кезінде экспрессия өзгереді
<i>RHNO1</i>	ДНҚ зақымдалуына жауап беретін ақуыз	Радиация және стресс жағдайларында жоғары экспрессияланады

Дипломдық жұмыс барысында *MYC* гені мен *miR-21* *miRNA*-ні зерттеу үшін салыстырмалы биоинформатикалық платформа – *miRDB* қолданылды. Бұл бағдарлама *miRNA* мен олардың ықтимал нысана гендерін болжау үшін жиі қолданылады. *miRDB* платформасы машиналық оқытуға негізделген алгоритм (*MirTarget*) арқылы *miRNA* мен *mRNA* байланысын болжайды. Бұл жүйе эксперименталды мәліметтерге негізделген деректер жиынтығын қолданады, тек консервацияланған емес, сондай-ақ жаңа, әлеуетті өзара әрекеттесулерді де болжай алады, бағалау ұпайы (*Target Score*) арқылы әр болжамның сенімділік дәрежесін көрсетеді.

3.3 BioRender, бағдарламасы арқылы эксперименттік стратегия әзірлеу.

Біз бұл эксперименттік стратегияны әзірлеу үшін, BioRender сайтын қолданамыз (7-сурет).



7 Сурет – Радиациялық стресс кезінде геннің рөлі.

Өсімдіктердің радиациялық стресс әсерінен туындайтын экологиялық өзгерістерге бейімделуінде микроРНК-ның реттеушілік қызметі ерекше мәнге ие. Жоғары дәлдікті қамтамасыз ететін биоинформатикалық құралдар (мысалы, TargetScan, psRNA Target және басқа да платформалар) арқылы микроРНК-ның нақты нысана гендері анықталады. Алынған деректер негізінде гендердің экспрессиясын реттеудегі микроРНК-ның функциялары, олардың арасындағы өзара байланыстар мен сигналдық жолдарының ерекшеліктері жан-жақты талданады. Бұл талдау микроРНК мен оның мишенелерінің байланысын жүйелі түрде зерттеуге, сондай-ақ стресс жағдайында экспрессиялық өзгерістердің динамикасын анықтауға мүмкіндік береді.

Зерттеу нәтижесінде алынған мәліметтерді статистикалық талдау мен функционалдық кластерлеу әдістері арқылы микроРНК-ның молекулалық механизмге қосқан үлесі егжей-тегжейлі зерттеледі. Ұсынылатын гипотезалық механизмнің негізінде микроРНК-ның радиациялық стресс жағдайында жасушалық сигнализация жолдарының реттелуінде, стресске төзімділікті арттыруда және нысана гендердің экспрессиялық деңгейін төмендетуде маңызды қызмет атқаратығы көзіне түседі.

Ары қарай, BioRender платформасының мүмкіндіктері пайдаланылып, талдау нәтижелерін әдемі және түсінікті инфографика, диаграммалар мен схемалар түрінде визуализациялау көзделеді. Визуалды модель микроРНК мен нысана гендерінің өзара әрекетін, сондай-ақ стресске бейімделу кезінде орын алатын молекулалық өзгерістерді нақты суреттеп, зерттеу нәтижелерін интерпретациялауды жеңілдетеді. Бұл тәсіл зерттеу материалының ғылыми құндылығын арттыруға және алдағы тәжірибелік зерттеулерге негіз болуға мүмкіндік береді.

Осылайша, микроРНК-нысана ген жұптарының *in silico* талдауымен ұсынылатын болжамды молекулалық механизм өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайына бейімделуін молекулалық деңгейде түсінуге септігін тигізеді және экожүйелердің тұрақтылығын сақтаудағы биологиялық реттеушілік процестерді тереңірек зерттеуге жол ашады.

ҚОРЫТЫНДЫ

Бұл зерттеу Қазақстанның атом өндірісімен байланысты радиациялық ластанған аймақтарда өсетін өсімдіктердің молекулалық бейімделу механизмдерін түсінуге бағытталған. Биоинформатикалық деректер базасын құру арқылы микроРНК молекулалары мен гендердің дифференциалды экспрессиясы анықталады, бұл радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердің генетикалық жауаптарын зерттеуге мүмкіндік береді. Мұндай деректер базасы өсімдіктердің қоршаған орта стрессіне төзімділігін арттыру және экологиялық мониторинг үшін маңызды ресурс болады.

miRDB бағдарламасы радиациялық стресс кезінде микроРНК молекулаларының нысана-гендерін болжау үшін тиімді құрал ретінде пайдаланылады. Бұл зерттеу *МУС* генінің өзара әрекеттесуін анықтау арқылы өсімдіктердің радиацияға бейімделу процестеріндегі реттеуші механизмдерді түсінуге ықпал етеді. Болжау нәтижелері өсімдіктердің стресс реакцияларындағы маңызды молекулалық жолдарды анықтауға және болашақ эксперименттер үшін гипотезалар қалыптастыруға негіз болады.

In silico әдістермен талданған микроРНК-нысана ген жұптары радиациялық стресс жағдайында өсімдіктердің бейімделуіндегі молекулалық механизмдерді ашады. BioRender платформасындағы визуализация зерттеу нәтижелерін түсінікті және көрнекі түрде ұсынуға мүмкіндік береді, бұл ғылыми қоғамдастық пен шешім қабылдаушылар үшін маңызды. Бұл механизмдер өсімдіктердің радиацияға төзімділігін арттыру және ластанған аймақтарды қалпына келтіру стратегияларын әзірлеу үшін негіз бола алады.

ҚЫСҚАРУЛАР ТІЗІМІ

RNA (ribonucleic acid) – рибонуклеин қышқылы

miRNA (microRNA) – микро-рибонуклеин қышқылы

mRNA (matrix RNA) – ақпараттық рибонуклеин қышқылы

pri-miRNA – РНҚ-полимераза II арқылы транскрипцияланған алғашқы транскрипт

pre-miRNA - pri-miRNA-дің алғашқы өңдеуден өткен түрі

ПАЙДАЛАНЫЛҖАН ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

1. Bauer, Susanne, et al. "Radiation Exposure Due to Local Fallout from Soviet Atmospheric Nuclear Weapons Testing in Kazakhstan: Solid Cancer Mortality in the Semipalatinsk Historical Cohort, 1960-1999." *Radiation Research*, vol. 164, no. 4, 2005, pp. 409–19. *JSTOR*,
2. Holloway, David. "Research Note: Soviet Thermonuclear Development." *International Security*, vol. 4, no. 3, 1979, pp. 192–97. *JSTOR*,
3. Geras'kin SA. Ecological effects of exposure to enhanced levels of ionizing radiation. *J Environ Radioact*. 2016 Oct;162-163:347-357. doi: 10.1016/j.jenvrad.2016.06.012. Epub 2016 Jun 22. PMID: 27343462.
4. Grosche B, Zhunussova T, Apsalikov K, Kesminiene A. Studies of Health Effects from Nuclear Testing near the Semipalatinsk Nuclear Test Site, Kazakhstan. *Cent Asian J Glob Health*. 2015 May 8;4(1):127. doi: 10.5195/cajgh.2015.127. PMID: 29138710; PMCID: PMC5661192.
5. Environmental Management and Rehabilitation of the Nabarlek Uranium Mine, UIC mines paper # 5 Mary Kathleen Uranium Ltd, Review Report: Rehabilitation of the Mary Kathleen Mine, 1986. Code of Practice and Safety Guide: Radiation Protection and Radioactive Waste Management in Mining and Mineral Processing (2005)
6. Díaz LKC, Berná A, Boltes K. Bioelectroremediation of a Real Industrial Wastewater: The Role of Electroactive Biofilm and Planktonic Cells through Enzymatic Activities. *Toxics*. 2024 Aug 20;12(8):614. doi: 10.3390/toxics12080614. PMID: 39195716; PMCID: PMC11359648.
7. Alhaj Hamoud, Y., Shaghaleh, H., Saleem, M.H. *et al.* Eco-friendly role of *serratia marcescens* and *pseudomonas fluorescens* in enhancing rice growth and mitigating cadmium toxicity via uptake modulation and antioxidant regulation. *BMC Plant Biol* **25**, 718 (2025). <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06693-6>
8. Mukherjee S, Dasgupta S, Mishra PK, Chaudhury K. Air pollution-induced epigenetic changes: disease development and a possible link with hypersensitivity pneumonitis. *Environ Sci Pollut Res Int*. 2021 Oct;28(40):55981-56002. doi: 10.1007/s11356-021-16056-x. Epub 2021 Sep 8. PMID: 34498177; PMCID: PMC8425320.
9. Reshi ZA, Ahmad W, Lukatkin AS, Javed SB. From Nature to Lab: A Review of Secondary Metabolite Biosynthetic Pathways, Environmental Influences, and In Vitro Approaches. *Metabolites*. 2023 Jul 28;13(8):895. doi: 10.3390/metabo13080895. PMID: 37623839; PMCID: PMC10456650.
10. Salgado FF, Vieira LR, Silva VNB, Leão AP, Grynberg P, do Carmo Costa MM, Togawa RC, de Sousa CAF, Júnior MTS. Expression analysis of miRNAs and their putative target genes confirm a preponderant role of transcription factors in the early response of oil palm plants to salinity stress. *BMC Plant Biol*. 2021 Nov 8;21(1):518. doi: 10.1186/s12870-021-03296-9. PMID: 34749653; PMCID: PMC8573918.

11. Chen X, Xia J, Xia Z, Zhang H, Zeng C, Lu C, Zhang W, Wang W. Potential functions of microRNAs in starch metabolism and development revealed by miRNA transcriptome profiling of cassava cultivars and their wild progenitor. *BMC Plant Biol.* 2015 Feb 4;15:33. doi: 10.1186/s12870-014-0355-7. PMID: 25648603; PMCID: PMC4331152.
12. Gaál Z. Role of microRNAs in Immune Regulation with Translational and Clinical Applications. *Int J Mol Sci.* 2024 Feb 5;25(3):1942. doi: 10.3390/ijms25031942. PMID: 38339220; PMCID: PMC10856342.
13. Koroban NV, Kudryavtseva AV, Krasnov GS, Sadritdinova AF, Fedorova MS, Snezhkina AV, Bolsheva NL, Muravenko OV, Dmitriev AA, Melnikova NV. [The role of microRNA in abiotic stress response in plants]. *Mol Biol (Mosk).* 2016 May-Jun;50(3):387-94. Russian. doi: 10.7868/S0026898416020105. PMID: 27414777.
14. Zhakypbek Y, Belkozhaev AM, Kerimkulova A, Kossalbayev BD, Murat T, Tursbekov S, Tursbekova G, Tursunova A, Tastambek KT, Allakhverdiev SI. MicroRNAs in Plant Genetic Regulation of Drought Tolerance and Their Function in Enhancing Stress Adaptation. *Plants (Basel).* 2025 Jan 30;14(3):410. doi: 10.3390/plants14030410. PMID: 39942972; PMCID: PMC11820447.
15. Li L. The Role of MicroRNAs in Vitiligo: Regulators and Therapeutic Targets. *Ann Dermatol.* 2020 Dec;32(6):441-451. doi: 10.5021/ad.2020.32.6.441. Epub 2020 Nov 11. PMID: 33911786; PMCID: PMC7875238.
16. Liamina D, Sibirnyj W, Khokhlova A, Saenko V, Rastorgueva E, Fomin A, Saenko Y. Radiation-Induced Changes of microRNA Expression Profiles in Radiosensitive and Radioresistant Leukemia Cell Lines with Different Levels of Chromosome Abnormalities. *Cancers (Basel).* 2017 Oct 13;9(10):136. doi: 10.3390/cancers9100136. PMID: 29027959; PMCID: PMC5664075.
17. Zhao Z, Ao W, Luo W, Sun Y, Tokala VY, Liu J, Zhi S, Sun Y. Identification and characterization of Csa-miR159s and their expression patterns under different abiotic stresses in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Front Plant Sci.* 2025 Apr 24;16:1518406. doi: 10.3389/fpls.2025.1518406. PMID: 40343119; PMCID: PMC12058866.
18. Ebrahimi Khaksefidi R, Mirlohi S, Khalaji F, Fakhari Z, Shiran B, Fallahi H, Rafiei F, Budak H, Ebrahimie E. Differential expression of seven conserved microRNAs in response to abiotic stress and their regulatory network in *Helianthus annuus*. *Front Plant Sci.* 2015 Sep 17;6:741. doi: 10.3389/fpls.2015.00741. PMID: 26442054; PMCID: PMC4585256.
19. Ragan C, Zuker M, Ragan MA. Quantitative prediction of miRNA-mRNA interaction based on equilibrium concentrations. *PLoS Comput Biol.* 2011 Feb;7(2):e1001090. doi: 10.1371/journal.pcbi.1001090. Epub 2011 Feb 24. PMID: 21390282; PMCID: PMC3044769.
20. Chen L, Zhang YH, Wang S, Zhang Y, Huang T, Cai YD. Prediction and analysis of essential genes using the enrichments of gene ontology and KEGG pathways. *PLoS One.* 2017 Sep 5;12(9):e0184129. doi: 10.1371/journal.pone.0184129. PMID: 28873455; PMCID: PMC5584762.

21. Roberts, T.C. (2015). The microRNA Machinery. In: Santulli, G. (eds) microRNA: Basic Science. Advances in Experimental Medicine and Biology, vol 887. Springer, Cham.
22. Tang TH, Chang CT, Wang HJ, Erickson JD, Reichard RA, Martin AG, Shannon EK, Martin AL, Huang YW, Aronstam RS. Oxidative stress disruption of receptor-mediated calcium signaling mechanisms. *J Biomed Sci.* 2013 Jul 12;20(1):48. doi: 10.1186/1423-0127-20-48. PMID: 23844974; PMCID: PMC3716919.
23. Liu L, Yahaya BS, Li J, Wu F. Enigmatic role of auxin response factors in plant growth and stress tolerance. *Front Plant Sci.* 2024 Jun 10;15:1398818. doi: 10.3389/fpls.2024.1398818. PMID: 38903418; PMCID: PMC11188990.
24. Singh P, Arif Y, Miszczuk E, Bajguz A, Hayat S. Specific Roles of Lipoxygenases in Development and Responses to Stress in Plants. *Plants (Basel).* 2022 Apr 4;11(7):979. doi: 10.3390/plants11070979. PMID: 35406959; PMCID: PMC9002551.
25. Shi C, Yang D, Ma X, Chen Y, Hou P, Pan L, Li M, Wang P. Quantitative and Multiplexing Analysis of MicroRNAs by Direct Full-Length Sequencing in Nanopores. *J Am Chem Soc.* 2025 May 7;147(18):15614-15624. doi: 10.1021/jacs.5c02808. Epub 2025 Apr 28. PMID: 40293972; PMCID: PMC12063164.
26. Zheng Z, Su J, Bao X, Wang H, Bian C, Zhao Q, Jiang X. Mechanisms and applications of radiation-induced oxidative stress in regulating cancer immunotherapy. *Front Immunol.* 2023 Aug 4;14:1247268. doi: 10.3389/fimmu.2023.1247268. PMID: 37600785; PMCID: PMC10436604.
27. Anuarbekov, A., Kléma, J. Utilizing RNA-seq data in monotone iterative generalized linear model to elevate prior knowledge quality of the circRNA-miRNA-mRNA regulatory axis. *BMC Bioinformatics* **26**, 139 (2025).
28. Shi C, Yang D, Ma X, Chen Y, Hou P, Pan L, Li M, Wang P. Quantitative and Multiplexing Analysis of MicroRNAs by Direct Full-Length Sequencing in Nanopores. *J Am Chem Soc.* 2025 May 7;147(18):15614-15624. doi: 10.1021/jacs.5c02808. Epub 2025 Apr 28. PMID: 40293972; PMCID: PMC12063164.
29. Ryabova A, Kozlova O, Kadirov A, Ananeva A, Gusev O, Shagimardanova E. DetR DB: A Database of Ionizing Radiation Resistance Determinants. *Genes (Basel).* 2020 Dec 9;11(12):1477. doi: 10.3390/genes11121477. PMID: 33317063; PMCID: PMC7764150.
30. Yu D, Lu J, Shao W, Ma X, Xie T, Ito H, Wang T, Xu M, Wang H, Meng Y. MepmiRDB: a medicinal plant microRNA database. *Database (Oxford).* 2019 Jan 1;2019:baz070. doi: 10.1093/database/baz070. PMID: 31231773; PMCID: PMC6589547.
31. Fu, Y., Ling, Z., Arabnia, H. *et al.* Current trend and development in bioinformatics research. *BMC Bioinformatics* **21** (Suppl 9), 538 (2020).
32. Villamar, J., Kelbling, M., More, H.L. *et al.* Metadata practices for simulation workflows. *Sci Data* **12**, 942 (2025).

33. Zhang T, Jiang M, Chen L, Niu B, Cai Y. Prediction of gene phenotypes based on GO and KEGG pathway enrichment scores. *Biomed Res Int*. 2013;2013:870795. doi: 10.1155/2013/870795. Epub 2013 Nov 7. PMID: 24312912; PMCID: PMC3838811.
34. Motschall E, Falck-Ytter Y. Searching the MEDLINE literature database through PubMed: a short guide. *Onkologie*. 2005 Oct;28(10):517-22. doi: 10.1159/000087186. Epub 2005 Aug 19. PMID: 16186693.
35. Ossom Williamson P, Minter CIJ. Exploring PubMed as a reliable resource for scholarly communications services. *J Med Libr Assoc*. 2019 Jan;107(1):16-29. doi: 10.5195/jmla.2019.433. Epub 2019 Jan 1. PMID: 30598645; PMCID: PMC6300231.
36. Duffy MJ, O'Grady S, Tang M, Crown J. MYC as a target for cancer treatment. *Cancer Treat Rev*. 2021 Mar;94:102154. doi: 10.1016/j.ctrv.2021.102154. Epub 2021 Jan 19. PMID: 33524794.
37. Chen Y, Wang X. miRDB: an online database for prediction of functional microRNA targets. *Nucleic Acids Res*. 2020 Jan 8;48(D1):D127-D131. doi: 10.1093/nar/gkz757. PMID: 31504780; PMCID: PMC6943051.
38. <https://www.biorender.com/>



SATBAYEV
UNIVERSITY

Satbayev University,

Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасының

4 курс студенті Сайлауов Альбек Талғатұлының « Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау»

дипломдық жобасына

СЫН ШІКІР

Жұмыстың тақырыбы ғылыми тұрғыдан қызықты және молекулалық экология мен биоинформатика бағытында орын алған. Жұмыстың кейбір бөліктерінде теориялық бөлім мен әдістеме сипаттамасы арасында логикалық байланыстың әлсіздігі байқалады. Әдеби шолудың құрылымдық үйлесімі мен дереккөздермен жұмыста тереңдік жеткіліксіз – кейбір тұстарда автор тек ақпаратты сипаттап қойғанымен, сыни талдау немесе салыстырмалы көзқарас жеткіліксіз. Сонымен қатар, әдістерді сипаттауда нақты қолданылған алгоритмдердің немесе параметрлердің көрсетілмеуі жұмыстың қайталану мүмкіндігін төмендетеді.

Нәтижелер бөлімі жалпы алғанда мағыналы, бірақ кейбір визуализациялар тым жалпы сипатта берілген және ғылыми аудитория үшін жеткілікті түрде түсіндірілмеген. Радиациялық стресс пен таңдалған микроРНК молекулалары арасындағы байланыс биологиялық тұрғыдан көбірек нақты дәлелдермен негізделсе, жұмыстың ғылыми маңыздылығы артқан болар еді.

Соған қарамастан, студент өз бетінше жұмыс істеу қабілетін көрсеткен, биоинформатикалық құралдарды меңгеруге талпынған. Бұл дипломдық жұмыс бастапқы деңгейдегі зерттеу ретінде құнды, әрі болашақта жетілдіруге болатын әлеуетке ие.

Қорытынды: Жалпы алғанда, жұмыс білім беру бағдарламасының талаптарына сай келеді. Автордың ғылыми бағытқа қызығушылығы мен өзіндік талпынысы байқалады. Бірқатар әдістемелік және аналитикалық әлсіз тұстарына қарамастан, жұмысты қорғауға ұсынуға болады, бағалау кезінде «жақсы» деген баға, яғни 90 балл орынды деп есептеймін.

Пікір қалдырушы,

әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті,
биология және биотехнология факультеті, биофизика,
биомедицина және нейроғылым кафедрасының

PhD, аға оқытушысы



Есенбекова Арайлым Есенбекқызы



SATBAYEV
UNIVERSITY

Satbayev University,

Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасының

4 курс студенті Сайлауов Альбек Талғатұлының «Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау» дипломдық жобасына

ШҚІР

Сайлауов Альбек Талғатұлының 6B05101 – «Химиялық және биохимиялық инженерия» білім беру бағдарламасы бойынша бакалавр дәрежесін алу үшін орындаған «Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНК молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау» атты дипломдық жұмысы радиациялық экология мен молекулалық биотехнологияның тоғысындағы өзекті және ғылыми тұрғыдан маңызды тақырыпқа арналған.

Жұмыстың мақсаты – радиациялық стресс жағдайындағы өсімдіктерде микроРНК молекулаларының реттеуші рөлін анықтап, олардың нысана-гендермен өзара әрекеттесуін биоинформатикалық платформалар көмегімен болжау. Зерттеу барысында автор радиациялық әсерге ұшыраған аймақтарда өсетін өсімдіктердің стресс-жауап геномдық механизмдерін қарастырып, нақты микроРНК–мРНК жұптарын анықтап, олардың функционалдық маңызын талдай білген.

Альбек ғылыми әдебиеттермен жүйелі жұмыс істей алды, заманауи деректер базаларын (miRBase, NCBI, psRNATarget, PlantRegMap) еркін пайдаланып, өз бетінше талдау жүргізу қабілетін көрсетті. Жұмыс нәтижелері визуалды түрде сапалы ұсынылған, сонымен қатар, радиациялық биомониторингте қолдануға болатын биомаркерлерді анықтауға бағытталған нақты ұсыныстар берілген.

Қорытынды: Дипломдық жұмыс құрылымы мен мазмұны жағынан толық әрі жүйелі. Зерттеу мақсаттары мен міндеттері орындалған. Жұмыс ғылыми жаңалыққа ие және қолданбалы маңызы бар. Орындалған жұмысты жақсы деп бағалап, Сайлауов Альбек Талғатұлына бакалавр академиялық дәрежесін беруге ұсынамын.

Ғылыми жетекшісі: Satbayev University,
Химиялық және биохимиялық инженерия
кафедрасының қауымдастырылған профессоры, PhD.

Белкожаев А.М

Отчет подобию

Метаданные

Название организации

Satbayev University

Название

Қазақстандағы кейбір атомдық өндіріс аймақтарындағы өсімдіктердің радиациялық стресс жағдайындағы микроРНҚ молекулаларының рөлін биоинформатикалық талдау

ASTOD

Научный руководитель / Эксперт

Сайлауов Альбек ТалғатулыАяз Белкожаев

Подразделение

ИГНГД

Объем найденных подобий

КП-ия определяют, какой процент текста по отношению к общему объему текста был найден в различных источниках.. Обратите внимание!Высокие значения коэффициентов не означают плагиат. Отчет должен быть проанализирован экспертом.



КП1

25

Длина фразы для коэффициента подобия 2



КП2

6207

Количество слов



K1

53726

Количество символов

Тревога

В этом разделе вы найдете информацию, касающуюся текстовых искажений. Эти искажения в тексте могут говорить о ВОЗМОЖНЫХ манипуляциях в тексте. Искажения в тексте могут носить преднамеренный характер, но чаще, характер технических ошибок при конвертации документа и его сохранении, поэтому мы рекомендуем вам подходить к анализу этого модуля со всей долей ответственности. В случае возникновения вопросов, просим обращаться в нашу службу поддержки.

Замена букв		1
Интервалы		0
Микропробелы		5
Белые знаки		0
Парафразы (SmartMarks)		8

Подобия по списку источников

Ниже представлен список источников. В этом списке представлены источники из различных баз данных. Цвет текста означает в каком источнике он был найден. Эти источники и значения Коэффициента Подобия не отражают прямого плагиата. Необходимо открыть каждый источник и проанализировать содержание и правильность оформления источника.

10 самых длинных фраз

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	НАЗВАНИЕ И АДРЕС ИСТОЧНИКА URL (НАЗВАНИЕ БАЗЫ)	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
1	https://official.satbayev.university/download/document/39787/2024_%D0%91%D0%90%D0%9A_%D0%A5%D1%83%D1%81%D0%BD%D0%B0%D0%B4%D0%B8%D0%BD%20%D0%A0%20%D0%96%D1%8B%D0%BB%D2%9B%D1%8B%D1%88%D1%8B%20%D0%9F%D0%B0%D1%80%D0%B0%D1%81%D0%B0%D1%82.pdf	19 0.31 %
2	http://www.mirbase.org/cgi-bin/sentences.pl?acc=Ml0000299	13 0.21 %

3	http://www.mirbase.org/cgi-bin/sentences.pl?acc=MI0000299	8 0.13 %
4	http://zmf.umm.uni-heidelberg.de/apps/zmf/argonaute/batch_sel.php	8 0.13 %
5	http://zmf.umm.uni-heidelberg.de/apps/zmf/argonaute/batch_sel.php	8 0.13 %
6	https://official.satbayev.university/download/document/39787/2024_%D0%91%D0%90%D0%9A_%D0%A5%D1%83%D1%81%D0%BD%D0%B0%D0%B4%D0%B8%D0%BD%20%D0%A0.%20%D0%96%D1%8B%D0%BB%D2%9B%D1%8B%D1%88%D1%8B%20%D0%9F%D0%B0%D1%80%D0%B0%D1%81%D0%B0%D1%82.pdf	6 0.10 %

из базы данных RefBooks (0.00 %)

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	НАЗВАНИЕ	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
------------------	----------	---

из домашней базы данных (0.00 %)

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	НАЗВАНИЕ	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
------------------	----------	---

из программы обмена базами данных (0.00 %)

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	НАЗВАНИЕ	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
------------------	----------	---

из интернета (1.00 %)

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	ИСТОЧНИК URL	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
1	https://official.satbayev.university/download/document/39787/2024_%D0%91%D0%90%D0%9A_%D0%A5%D1%83%D1%81%D0%BD%D0%B0%D0%B4%D0%B8%D0%BD%20%D0%A0.%20%D0%96%D1%8B%D0%BB%D2%9B%D1%8B%D1%88%D1%8B%20%D0%9F%D0%B0%D1%80%D0%B0%D1%81%D0%B0%D1%82.pdf	25 (2) 0.40 %
2	http://www.mirbase.org/cgi-bin/sentences.pl?acc=MI0000299	21 (2) 0.34 %
3	http://zmf.umm.uni-heidelberg.de/apps/zmf/argonaute/batch_sel.php	16 (2) 0.26 %

Список принятых фрагментов (нет принятых фрагментов)

ПОРЯДКОВЫЙ НОМЕР	СОДЕРЖАНИЕ	КОЛИЧЕСТВО ИДЕНТИЧНЫХ СЛОВ (ФРАГМЕНТОВ)
------------------	------------	---