

## КЛАСТЕРИЗАЦІЯ СТРУКТУРИ ДНК ДЛЯ ФОРМУВАННЯ ГОМОМОРФНИХ ГРУП

Євгенєв А.М., Красінська С.В., Грінєнко Т.О.

Харківський національний університет радіоелектроніки, Харків, Україна

Використання перетворень на основі математичної системи ДНК надає можливість формування комбінованої інформаційної системи у геноміці, біоінформатиці та пов'язаних дисциплінах, оскільки вона допомагає в розумінні функціональних доменів, регуляційних мотивів у генах та інших аспектах генетичної інформації.

**Метою доповіді є** дослідження кластеризації структур ДНК, яка полягає в групуванні схожих послідовностей або патернів на основі певних критеріїв схожості. Використовуючи різноманітні алгоритми і методи можна ідентифікувати групи, що мають спільні характеристики.

Термін "гомоморфні групи" може вказувати на групи, що містять гомоморфні послідовності ДНК. Гомоморфія в математиці та біології вказує на подібність структур або функцій, яка виникає в результаті подібного розвитку або еволюційних процесів.

Отже, кластеризація структури ДНК для формування гомоморфних груп полягає в тому, щоб групувати послідовності ДНК на основі їх схожості, що може бути визначена за допомогою різних критеріїв, таких як послідовність нуклеотидів, структурні особливості або функціональні властивості [1].

При застосуванні теорії груп до кластеризації структур ДНК основна ідея полягає в тому, щоб розглядати різні послідовності ДНК як елементи групи, а операції над ними (наприклад, мутації, інверсії, вставки тощо) як операції в цій групі.

Комбінування ДНК систем та математичних перетворень в контексті теорії груп дозволяє виділити наступні кластери та групові перетворення:

– групи симетрії: розглядати різні структури ДНК з точки зору їхніх симетрій. Наприклад, паліндромні послідовності в ДНК можуть мати властивості симетрії, які можна описати за допомогою груп;

– дії груп на множині: розглядати як різні операції (мутації, інверсії тощо) діють на послідовності ДНК, та як ці дії формують групу;

– гомоморфізми груп: ідентифікувати структурні або функціональні відповідності між різними послідовностями ДНК, які можна описати за допомогою гомоморфізмів між групами;

– кластеризація на основі групової структури: використовувати властивості груп для кластеризації послідовностей ДНК, враховуючи гомоморфні відносини.

### Список літератури

1. Petoukhov, S.V. Genetic coding and united-hypercomplex systems in the models of algebraic biology. *BioSystems*. 2017. Vol. 158. P. 31-46. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2017.05.002>.