

BOSH ILMIY-METODIK MARKAZ

SAMDU HUZURIDAGI PEDAGOG
KADRLARNI QAYTA TAYYORLASH VA
ULARNING MALAKASINI OSHIRISH
MINTAQAVIY MARKAZI

“BIOINFORMATIKA” MODULINING

O'QUV-USLUBIY MAJMUASI



Samarqand-2023

Modulning ishchi dasturi Oliy va o‘rta maxsus ta’lim vazirligining 2020 yil 7 dekabrda 648-sonli buyrug‘i bilan tasdiqlangan o‘quv dasturi va o‘quv rejasiga muvofiq ishlab chiqilgan hamda SamDU Ilmiy kengashining 2020 yil «28» dekabrda 4 -sonli qarori bilan tasdiqlangan.

Tuzuvchi:

SamDU Genetika va
biotexnologiya kafedrasida dotsenti,
b.f.n. G.Dushanova

Taqrizchi:

SamDU Genetika va
biotexnologiya kafedrasida professori
b.f.d. Z.F.Ismailov

MUNDARIJA

I. ISHCHI DASTUR	3
II. MODULNI O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA‘LIM METODLARI.....	9
III. NAZARIY MASHG‘ULOTLAR MATERIALLAR	13
IV. AMALIY MASHG‘ULOTLAR MATERIALLARI.....	35
V. KEYSLAR BANKI	43
VI. GLOSSARIY.....	45
VII. ADABIYOTLAR RO‘YXATI	50

KIRISH

Mazkur majmua rivojlangan xorijiy davlatlarning oliy ta'lim sohasida erishgan yutuqlari hamda orttirgan tajribalari asosida "Biologiya" yo'nalishi bo'yicha oliy ta'lim muassasalari pedagog kadrlarini qayta tayyorlash va malakasini oshirish kursi uchun tayyorlangan namunaviy o'quv reja hamda dastur mazmunidan kelib chiqqan holda tuzilgan bo'lib, u zamonaviy talablar asosida qayta tayyorlash va malaka oshirish jarayonlarining mazmunini takomillashtirish hamda oliy ta'lim muassasalari pedagog kadrlarining kasbiy kompetentligini muntazam oshirib borishni maqsad qiladi.

Jamiyat taraqqiyoti nafaqat mamlakat iqtisodiy salohiyatining yuksakligi bilan, balki bu salohiyat har bir insonning kamol topishi va uyg'un rivojlanishiga qanchalik yo'naltirilganligi, innovatsiyalarni tadbqiq etilganligi bilan ham o'lchanadi. Demak, ta'lim tizimi samaradorligini oshirish, pedagoglarni zamonaviy bilim hamda amaliy ko'nikma va malakalar bilan qurollantirish, chet el ilg'or tajribalarini o'rganish va ta'lim amaliyotiga tadbqiq etish bugungi kunning dolzarb vazifasidir. "Bioinformatika" moduli aynan mana shu yo'nalishdagi masalalarni hal etishga qaratilgan.

Ushbu dasturda turli organizmlar genomlarining, xususan, odam, hayvon, mikroorganizmlar hamda o'simliklar genamlari strukturasi bilan sekvenirlanishi (DNK ketma-ketliklarining aniqlanishi) natijasida yuzaga kelgan yangi, zamonaviy bioinformatika fani, uning ahamiyati, dolzarbligini, masad va vazifalari haqida tushunchalar bayon etilgan.

Fanning maqsadi va vazifalari**Bioinformatikaning maqsadi va vazifalari:**

- pedagog kadrlarni qayta tayyorlash va malaka oshirish kursi tinglovchilarida molekulyar biologiya, bioximiya, genetika, virusologiya va shuningdek biopolimerlar tuzilishini bashorat qilish imkonini beruvchi genomika va proteomika ma'lumotlari kompyuter tahlillarining algoritmlarini va dasturlarini ishlab chiqish bo'yicha ko'p sonli tadqiqotlar natijalarini hisoblash metodologiyasi yordamida tahlil qilishga yo'naltirilgan fan – bioinformatika haqida tasavvurni shakllantirishdan iborat. SHuningdek tinglovchilarga dunyo olimlari tomonidan tirik organizmlar genomlarining sekvenirlanishi natijasida genlarning struktura va funksiyalarini o'rganish bo'yicha olib borilayotgan bioinformatik ilmiy tadqiqotlar, bioinformatika metodlaridan

foydalanib yaratilayotgan yangi biotexnologik usullar va ularning qonuniyatlari hamda prinsiplari to'g'risida bilim berish ko'zda tutiladi. Fan qishloq va xalq xo'jaligi amaliyotlarda genetika muammolarini echishda qo'llaniladigan bioinformatika usullari va yutuqlarini yoritib beradi;

Modulning o'quv rejadagi boshqa modullar bilan bog'liqligi va uzviyligi

“Bioinformatika” fani bioximiya, molekulyar biologiya, genetikadagi asosiy bilim va tasavvurlarga tayanib, molekulyar-biologik tadqiqotlarda amaliy matematika, statistika va informatika usullaridan foydalanadi. Fan yuzasidan tayyorgarlik - biologik muhim axborotni olish maqsadida biologik makromolekulalar tuzilishi bo'yicha eksperimental ma'lumotlarni tahlil qilish uchun kompyuter texnologiyalaridan nazariy va amaliy bilim va ko'nikmalar olish imkoniyatini beradi. Fan biologik ob'ektlar bilan bog'liq bo'lgan matematik algoritmlarni amalga oshiradi, fizik-kimyoviy biologiya, genomika va proteomikaning eksperimental va hisoblash ma'lumotlarini qo'llaydi. SHu bois tinglovchilar uni to'liq o'zlashtirishlari uchun tirik mavjudotlarni o'rganuvchi umumbiologik fanlar: botanika, zoologiya, biokimyo, fiziologiya, biofizika, irsiyat qonuniyatlarini, genetika, molekulyar genetika, mikrobiologiya shuningdek, organizmlarni atrof muhit bilan o'zaro munosabatlarni o'rganuvchi ekologiya, tirik organizmni ichki va tashqi tuzilishini o'rganuvchi anatomiya va morfologiya fanlari bilan birgalikda tabiiy fanlar: kimyo, fizika, matematika va zamonaviy kompyuter texnikasi zamonaviy uslublar yordamida organizmlarda sodir bo'ladigan murakkab jarayonlarni umumlashtirish uchun etarli bilim va ko'nikmalarga ega bo'lishi talab etiladi.

Modulning oliy ta'limdagi o'rni

Respublikamizning iqtisodiyoti fundamental fanlarning rivojlanishiga va uning yutuqlariga ham bog'liq. Hozirgi zamon biologiyasining keskin ravishda rivojlanuvchi sohasi bu genomika fanidir. Genomika sohasini esa bioinformatika fanisiz tasavvur qilib bo'lmaydi. Bioinformatika fani molekulyar biologiya, genetika, sog'liqni saqlash, farmakologiya, bioximiya hamda xujayra biologiyasi kabi qishloq va xalq xo'jaligi sohasidagi muammolarni echishda muhim ahamiyat kasb etadi. SHu sababli ham ushbu modulni o'zlashtirish orqali tinglovchilar zamonaviy bioinformatika fanini amalda qo'llash va genetika sohasidagi mavjud muammolarni baholashga doir kasbiy kompetentlikka ega bo'ladilar.

Modul bo'yicha soatlar taqsimoti

№	Modul mavzulari	Tinglovchining o'quv yuklamasi, soat				
		Hammasi	Auditoriya o'quv yuklamasi			Ko'chma mashg'ulot
			Jami	jumladan		
				Nazariy	Amaliy mashg'ul	
1.	Bioinformatikaning fan sifatida shakllanish tarixi. Uning predmeti, vazifalari va ob'ektlari. Zamonaviy biologik tadqiqotlarda bioinformatika-ning ahamiyati.	4	4	2		2
2.	Bioinformatika rivojlanish bosqichlari va yutuqlari. Gen ontologiyasi.	2	2	2		
3.	Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari. Yangi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.	4	4	2		2
4	Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish..	2	2		2	
5	Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi	2	2		2	

	(UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish.					
6	NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanib, genlarni annotatsiya qilishni o'rganish.	2	2		2	
	Jami:	16	16	6	6	4

NAZARIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1 - mavzu: Bioinformatikaning fan sifatida shakllanish tarixi. Uning predmeti, vazifalari va ob'ektlari. Zamonaviy biologik tadqiqotlarda bioinformatikaning ahamiyati.

Bioinformatika kursiga kirish. Bioinformatika tushunchasi va uning tarixi. Fan sifatida rivojlanishi, maqsadi va vazifalari. Bioinformatika fanidagi yutuqlar.

2 - mavzu: Bioinformatika rivojlanish bosqichlari va yutuqlari. Gen ontologiyasi.

Bioinformatika rivojlanish bosqichlari va yutuqlari. Gen ontologiyasi. Genomni tahrirlash tizimlarining predmeti, maqsad va vazifasi. Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari.

3- mavzu: Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari. YAngi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.

Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari. YAngi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.

AMALIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1-amaliy mashg'ulot:

Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari. Yangi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.

Genom muhandisligida TALEN va CRISPR/Cas qo'llanilishi. Nukleotid ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasi (EMBL, DDBJ, NCBI, UniGene, STACK, EMBL-SVA) resurslari bilan tanishish.

1- amaliy mashg'ulot:

Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish.

Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi UniProtKB/Swiss- Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish.

2- amaliy mashg'ulot:

NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanib, genlarni annotatsiya qilishni o'rganish.

NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanib, genlarni annotatsiya qilishni o'rganish.

O'QITISH SHAKLLARI

Mazkur modul bo'yicha quyidagi o'qitish shakllaridan foydalaniladi:

- ma'ruzalar, amaliy mashg'ulotlar (ma'lumotlar va texnologiyalarni anglab olish, aqliy qiziqishni rivojlantirish, nazariy bilimlarni mustahkamlash);
- davra suhbatlari (ko'rilayotgan loyiha echimlari bo'yicha taklif berish qobiliyatini oshirish, eshitish, idrok qilish va mantiqiy xulosalar chiqarish);
- bahs va munozaralar (loyihalar echimi bo'yicha dalillar va asosli argumentlarni taqdim qilish, eshitish va muammolar echimini topish qobiliyatini rivojlantirish).

II. O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA’LIM METODLARI

«Xulosalash» (Rezyume, Veer) metodi

Metodning maqsadi: Bu metod murakkab, ko‘ptarmoqli, mumkin qadar, muammoli xarakteridagi mavzularni o‘rganishga qaratilgan. Metodning mohiyati shundan iboratki, bunda mavzuning turli tarmoqlari bo‘yicha bir xil axborot beriladi va ayni paytda, ularning har biri alohida aspektlarda muhokama etiladi. Masalan, muammo ijobiy va salbiy tomonlari, afzallik, fazilat va kamchiliklari, foyda va zararlari bo‘yicha o‘rganiladi. Bu interfaol metod tanqidiy, tahliliy, aniq mantiqiy fikrlashni muvaffaqiyatli rivojlantirishga hamda o‘quvchilarning mustaqil g‘oyalari, fikrlarini yozma va og‘zaki shaklda tizimli bayon etish, himoya qilishga imkoniyat yaratadi. “Xulosalash” metodidan ma’ruza mashg‘ulotlarida individual va juftliklardagi ish shaklida, amaliy va seminar mashg‘ulotlarida kichik guruhlardagi ish shaklida mavzu yuzasidan bilimlarni mustahkamlash, tahlili qilish va taqqoslash maqsadida foydalanish mumkin.

Методни амалга ошириш тартиби:



тренер-ўқитувчи иштирокчиларни 5-6 кишидан иборат кичик гуруҳларга ажратади;



тренинг мақсади, шартлари ва тартиби билан иштирокчиларни таништиргач, ҳар бир гуруҳга умумий муаммони таҳлил қилиниши зарур бўлган қисмлари туширилган тарқатма материалларни



ҳар бир гуруҳ ўзига берилган муаммони атрофлича таҳлил қилиб, ўз мулоҳазаларини тавсия этилаётган схема бўйича тарқатмага ёзма баён қилади;



навбатдаги босқичда барча гуруҳлар ўз тақдимотларини ўтказадилар. Шундан сўнг, тренер томонидан таҳлиллар умумлаштирилади, зарурий ахборотлар билан тўлдирилади ва мавзу яқунланади.

Namuna:

Nanozarralarning tirik organizmlarda qo‘llanilishi					
Odam organizmida		Hayvon organizmida		O‘simlik organizmida	
afzalligi	kamchiligi	afzalligi	kamchiligi	afzalligi	kamchiligi
Xulosa:					

“Assisment” metodi

Metodning maqsadi: mazkur metod ta’lim oluvchilarning bilim darajasini baholash, nazorat qilish, o‘zlashtirish ko‘rsatkichi va amaliy ko‘nikmalarini tekshirishga yo‘naltirilgan. Mazkur texnika orqali ta’lim oluvchilarning bilish faoliyati turli yo‘nalishlar (test, amaliy ko‘nikmalar, muammoli vaziyatlar mashqi, qiyosiy tahlil, simptomlarni aniqlash) bo‘yicha tashhis qilinadi va baholanadi.

Metodni amalga oshirish tartibi:

“Assisment” lardan ma’ruza mashg‘ulotlarida tinglovchilarning mavjud bilim darajasini o‘rganishda, yangi ma’lumotlarni bayon qilishda, seminar, amaliy mashg‘ulotlarda esa mavzu yoki ma’lumotlarni o‘zlashtirish darajasini baholash, shuningdek, o‘z-o‘zini baholash maqsadida individual shaklda foydalanish tavsiya etiladi. SHuningdek, o‘qituvchining ijodiy yondashuvi hamda o‘quv maqsadlaridan kelib chiqib, assesmentga qo‘shimcha topshiriqlarni kiritish mumkin.

Namuna. Har bir katakdagi to‘g‘ri javob 5 ball yoki 1-5 balgacha baholanishi mumkin.



Test

1. Amplifikatsiya nima?

- A. RNK molekulasini polimeraza fermenti yordamida sintezi
- B. Genni (DNK molekulasi yoki uning fragmenti) izchillik bilan ko‘p marotabalab nushalanishi
- C. DNK molekulasining vodorod bog‘lar yordamida bog‘lanishi
- D. DNK dan RNK sintezi



Qiyosiy tahlil

- Amplikon jarayonini tahlil qiling?



Тушунча таҳлили

- ДНК қисқармасини изоҳланг...



Амалий кўникма

- ПЗР қўйиш учун керакли тажрибаларни кетма-кетлиги бўйича бажаринг?

“Tushunchalar tahlili” metodi

Metodning maqsadi: mazkur metod tinglovchilar yoki qatnashchilarni mavzu buyicha tayanch tushunchalarni o‘zlashtirish darajasini aniqlash, o‘z bilimlarini mustaqil ravishda tekshirish, baholash, shuningdek, yangi mavzu buyicha dastlabki bilimlar darajasini tashxis qilish maqsadida qo‘llaniladi.

Metodni amalga oshirish tartibi:

- ishtirokchilar mashg‘ulot qoidalari bilan tanishtiriladi;
- tinglovchilarga mavzuga yoki bobga tegishli bo‘lgan so‘zlar, tushunchalar nomi tushirilgan tarqatmalar beriladi (individual yoki guruhli tartibda);
- tinglovchilar mazkur tushunchalar qanday ma‘no anglatishi, qachon, qanday holatlarda qo‘llanilishi haqida yozma ma‘lumot beradilar;
- belgilangan vaqt yakuniga etgach o‘qituvchi berilgan tushunchalarning to‘g‘ri va to‘liq izohini o‘qib eshittiradi yoki slayd orqali namoyish etadi;
- har bir ishtirokchi berilgan tugri javoblar bilan o‘zining shaxsiy munosabatini taqqoslaydi, farqlarini aniqlaydi va o‘z bilim darajasini tekshirib, baholaydi.

Namuna: “Moduldagi tayanch tushunchalar tahlili”

Tushunchalar	Sizningcha bu tushuncha qanday ma‘noni anglatadi?	Qo‘shimcha ma‘lumot
Biosensor	Biologik elib chiqishga ega bo‘lgan va optik yoki elektrik o‘zgartirishga olib keluvchi detektordan tashkil topgan qurilma.	
Surfactant	Amfifil modda bo‘lib, yuzadan suyuqlik tortilishini kamaytiradi.	
Phospholipid	Manfiy zaryadlangan fosfat guruhini o‘zida saqlovchi lipid.	
Hydrogel	Suvdan iborat polimer zanjir.	

Kevlar	Aromatik poliamidlardan tashkil topgan judayam mustahkam tolalarning bir turi	
Kinesin	Modda solingan mikrotrubkalar bo‘ylab harakatlanuvchi oqsillar sinfi.	
Lab-on-a-chip	Judayam kam hajmdagi suyuqlik namunalarini (bir necha pikolitr hajmli) tekshiruvchi asbob.	

Izoh: Ikkinchi ustunchaga qatnashchilar tomonidan fikr bildiriladi. Mazkur tushunchalar haqida qo‘shimcha ma’lumot glossariyda keltirilgan.

Namuna: Bioinformatika tushunchasi va uning tarixi. Fan sifatida rivojlanishi



III. NAZARIY MASHG‘ULOT MATERIALLAR

1-мавзу: Биоинформатиканинг фан сифатида шаклланиш тарихи. Унинг предмети, вазифалари ва объектлари. Замонавий биологик тадқиқотларда биоинформатиканинг аҳамияти.

Режа:

- 1.1. *Биоинформатиканинг фан сифатида шаклланиш тарихи.*
- 1.2. *Унинг предмети, вазифалари ва объектлари.*
- 1.3. *Замонавий биологик тадқиқотларда биоинформатиканинг аҳамияти.*

Tayanch iboralar: *bioinformatika, sekvenirlash, genomika, proteomika, DNK va oqsil ketma-ketliklari.*

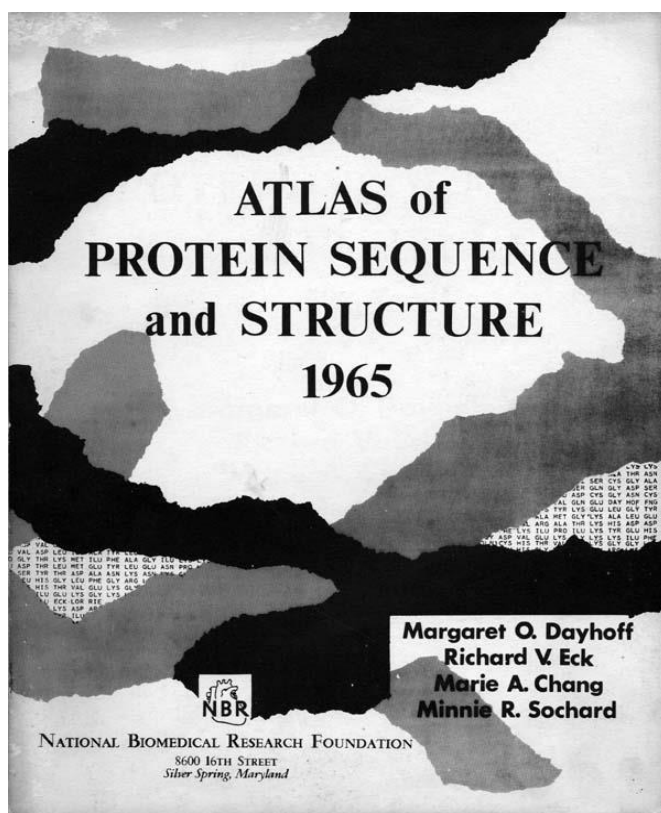
1.1. Bioinformatikaning fan sifatida shakllanish tarixi. Uning predmeti, vazifalari va ob'ektlari.

Informatika fanining XX asrning ikkinchi yarmida paydo bo‘lgan davrdan boshlab fizika-matematika, texnika, gumanitar va boshqa fanlarga ham tadbiiq qilinishi hamda ular bilan hamkorlikda ishlashi tobora kengayib bormoqda. Hozirgi kunda informatika fani usullarini chetlab o‘tadigan biron-bir fan sohasini topish mushkul. Tabiiy fanlar ham bundan mustasno emas.

O‘tgan asrning 60-yillar oxiri 70-yillar boshlarida biologiyada EHM (elektron hisoblash mashinalari) faol qo‘llanila boshlandi: shu bilan birgalikda ularning xotiralari va operatsion tezliklari oshdi va o‘lchamlari kichraytirildi. SHu bilan birgalikda biologiya sohasida informatsion tahlillarni talab etuvchi katta miqdordagi eksperimental ma’lumotlar to‘planib qoldi. Bunga misol qilib bir qancha davlat olimlari hamkorligida 2003 yildayoq odam genomining sevenirlanishini keltirish mumkin.

SHunday qilib XXI asr boshlariga kelib bioinformatika sohasi jadal sur’atda rivojlana boshladi. Bu esa o‘z navbatida biologik tadqiqotlar

bo'yicha olingan ma'lumotlarning shu qadar ko'payib ketganligi va bunda har bir omilning eslab qolinishi va tahlil qilinishida inson imkoniyatlari chegaralanib qolganligi hamda tobora ko'payib borayotgan axborot xajmini sahlash zaruriyati tug'ilganligi bilan bog'lanadi. Ilk ketma-ketliklari aniqlangan bir necha yuz oqsillar haqida ma'lumotlar kitob-atlas shaklida nashr qilingangan edi (1-rasm). 70 yillar boshlariga kelib aniqlangan ketma-ketliklar miqdori shu qadar ko'paydiki, ularning hajmi tufayli bu ma'lumotlarni kitob shaklida nashr qilishning umuman iloji yo'q edi. Inson miyasi bunday axborotlarni tahlil qila olmasligi va ketma- ketliklarni taqqoslash uchun maxsus dasturlar kerak bo'la boshladi.



1-rasm. Oqsil ketma-ketliklari va ularning tuzilishi bo'yicha atlas-kitob

90-yillarda genomika fani paydo bo'la boshladi. Hozirgi kunga kelib bir qancha organizmlar, jumladan odam, sichqon, tovuq, qurbaqa, bir qancha baliq turlari, chugalchanglar, yuzlab viruslar va bakteriyalar hamda yuzlab o'simlik turlarining genom ketma-ketliklari aniqlandi.¹ Bakteriya genomining o'qilishi – bu 2-3 tadqiqotchidan tashkil topgan guruhning vaqt

¹ Леск А.М. Введение в биоинформатику /Introduction to Bioinformatics / пер. с англ. под ред. А.А.Миронова, В. К. Швядаса. - М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. - 318

hisobida taxminan 1 yildan kam muddatga to'g'ri keladigan vazifasidir. Odam genomi qariyb 3 mlrd.ga teng xarflardan iborat bo'lib bu esa 15000 kitob tomlariga to'g'ri keladi.¹ Uni "o'qib chiqish" esa biologlar uchun Mendeleevning ximiklar uchun yaratilgan davriylik qonunini ochish bilan tenglashtiriladi.

SHu boisdan ham bunday hajmdagi biologik ma'lumotlarni tahlil qilishda kompyuter texnologiyasidan foydalanila boshlandi. Gen ketma- ketliklarini tenglashtirish bo'yicha birinchi algoritm 1970 yilda yaratildi. Kompyuterlar axborotlarni virtual ma'lumotlar bazasida saqlash va ular ustida yuqori tezlikda operatsiyalar o'tkazish imkonini berdi. Bioinformatika ham boshqa zamonaviy fanlar singari bir qancha fanlar, ya'ni molekulyar biologiya, genetika, matematika va kompyuter texnologiyalari fanlari birlashuvi asosida vujudga keldi. Uning asosiy vazifasi bu biologik molekulalar, eng avvalo nuklein kislotalar va oqsillar struktura va funksiyalari bo'yicha ma'lumotlarni tahlil qilish va tizimlashtirish uchun hisoblash algoritmlarini ishlab chiqishdir.

DNK nukeotid ketma-ketliklarini sekvenirlashning jadal usuli ishlab chiqilgandan so'ng ma'lumotlar bazasida to'planayotgan genetik axborotlar hajmi yuqori tezlik bilan orta boshladi. Informatika, lingvistika va informatsiya nazariyasi yutuqlari genetik matnlarni tahlil qilish imkoniyatlarini ochib berdi. Bioinformatikaning boshqa fan sohalari bilan o'zaro bog'liq holdagi rivojlanishi organizm va xujayrada yuz berayotgan biologik jarayonlarni tushunishning yangi darajasi shakllantirishga imkon beradi.

Agarda birinchi shaxsiy kompyuter 1981 yilda va internet (World Wide Web) – 1991 yilda, ya'ni yaqindagina yaratilganligi hisobga olinadigan bo'lsa, bioinformatika jadallik bilan rivojlanayotganiga guvoh bo'lish

¹ Леск А.М. Введение в биоинформатику /Introduction to Bioinformatics / пер. с англ. под ред. А.А.Миронова, В. К. Швядаса. - М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. - 318

mumkin.¹ Bioinformatikaning asosiy prinsiplaridan biri bu dunyo olimlari tomonidan olib borilayotgan tadqiqot natijalarini birlashtiruvchi yagona dunyoviy axborot makonlari prinsipidir.

Bioinformatikaning yaralish tarixi 13 asrlarga borib taqaladi. Matematika tarixiga Fibonachchi (Fibonacci) nomi bilan kirib kelgan yosh italyan Pizalik Leonardo (Leonardo of Pisa) biologik jarayonning birinchi matematik modelini tuzgan holda quyonlarnig ko‘payishi to‘g‘risidagi masalani tavsiflab bergan. XX asrning 20 yillariga kelib esa yana bir italyan olimi Vito Volterra (Vito Volterra) “yirtqich-o‘lja” ko‘rinishidagi ikki biologik turning o‘zaro harakati modelini yaratdi. 40 yillar oxirida biologiyaga fizik va matematiklar kirib kela boshladi. Biologiyaning zamonaviy tarixi 1953 yildan, amerika olimlari Jeyms Uotson (James Watson) hamda Frensis Krik (Francis Crick) tomonidan DNK ning qo‘sh spiralligi kashf qilingan davrdan boshlandi.

Bugungi kunga qadar bioinformatikaga turlicha ta’riflar beriladi, biroq asosan bioinformatika deganda turli biologik axborotlarni tahlil qilishda kompyuterdan foydalanish tushuniladi.² SHuningdek «bioinformatika» termini maydoni ham juda kengaydi va biologik ob’ektlar bilan bog‘liq barcha matematik algoritmlardan hamda biologik tadqiqotlarda qo‘llaniladigan axborot-kommunikatsiya texnologiyalaridan foydalanadi. Bioinformatikada informatikdagi singari amaliy matematik, statistika va boshqa aniq fanlar usullari qo‘llaniladi. Bioinformatika shuningdek biokimyo, biofizika, ekologiya, genetika va qator tabiiy fanlar sohalarida foydalaniladi.

Bioinformatika o‘z ichiga quyidagilarni oladi:

1) qiyosiy genomikada kompyuter tahlilining matematik usullari (genom bioinformatikasi);

¹ Setubal J., Meydanis J. Vvedenie v vychislitelnyuyu molekulyarnuyu biologiyu / Introduction to Computational Molecular Biology / per. s angl. A. A. CHumichkina; pod red. A. A. Mironova. - M. ; Ijevsk : Regulyar. i xaot. dinamika: NITS "Regulyarnaya i xaoticheskaya dinamika", In-t kompyuter. issled., 2007. - 420 s.

² David W. Mount, Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001

2) oqsil strukturalarini bashorat qilish uchun algoritm va dasturlarni ishlab chiqish (strukturaviy bioinformatika);

3) muvofiq hisoblash uslubiyatlari strategiyasi tadqiqoti hamda informatsion murakkablikning biologik tizimlar tomonidan umumiy boshqarilishi.

Amaliy ma'noda bioinformatika – bu biologlar manfaatlari uchun xizmat qiladigan amaliy fandır. Ma'lumotlarni birlamchi tahlil qilish texnik bioinformatika sohasiga tegishlidir. Olingan ma'lumotlarni qaerdadir saqlash va ulardan foydalanish imkoniyatlarini ta'minlash lozim. Bioinformatiklarning eng murakkab va shuning bilan birga eng qiziqarli bo'lgan mashg'ulotlari bu genom haqidagi ma'lumotlar asosida aniq tasdiqlangan natijalar olish, ya'ni masalan; A oqsili qandaydir funksiya bajaradi, B geni qaysidir jarayonda qatnashadi va h.o.lar. bu esa bioinformatika fanining amaliy ahamiyatidan dalolat beradi.

Bioinformatika biologiya sohasining quyidagi yo'nalishlarida qo'llaniladi:

- genomika, transkriptomika va proteomika;
- rivojlanish biologiyasida kompyuter modellashtirish;
- gen tarmoqlarining kompyuter tahlili;
- populyasion genetikada modellashtirish.

Bioinformatika dori preparatlarini loyihalashtirish muddatini 5-6 yildan bir necha oylarga qisqartirish imkoniyatini yaratib farmakologiya sohasiga ham osongina kirib bordi. SHuningdek bu fan ko'plab boshqa tibbiyotga va biologiyaga oid fanlar bilan integratsiyalandi.

Bugungi kunda bioinformatikaning quyidagi bo'limlari mavjud:

- umumiy bioinformatika;
- klinik bioinformatika;
- strukturaviy genomika;
- funksional genomika;
- farmakogenomika;

- klinik proteomika;
- funksional proteomika;
- strukturaviy proteomika.

Bioinformatika usullari yordamida katta hajmdagi biologik ma'lumotlarni shunchaki tahlil qilish emas, balki har doim ham oddiy tajribalarda aniqlab bo'lmaydigan qonuniyatlarni isbotlash, genlar va ular kodlaydigan oqsillar funksiyalarini bashorat qilish, hujayradagi genlarning o'zaro ta'siri modelini qurish, dori preparatlarini yaratish mumkin.

Phi-X 174 faginging 1977 yilda sekvenirlanganidan buyon ko'plab organizmlar DNK ketma-ketliklari aniqlandi va ma'lumotlar bazasiga joylashtirildi.¹ Bu ma'lumotlar oqsil ketma-ketliklarini va regulyator uchastkalarini aniqlash uchun foydalaniladi. Ma'lumotlar miqdorining ko'payishi bilan endi ketma-ketliklarni qo'lda (vruchnuyu) tahlil qilish mumkin bo'lmay qoldi. Va hozirgi kunda milliardlab juft nukleotidlardan tashkil topgan minglab organizmlar genomlari bo'yicha qidiruvlar olib borish uchun kompyuter dasturlaridan foydalaniladi.

Yirik genomlar uchun DNK fragmentlarini yig'ish etarli darajada qiyin vazifalardan hisoblanadi. Bu usul hozirda qariyb barcha genomlar uchun qo'llaniladi va genomlarni yig'ish algoritmlari bioinformatika sohasida bugungi kunning dolzarb muammolaridan biri sanaladi. Genomda genlarni va regulyator elementlarni avtomatik tarzda qidirish genetik ketma-ketliklarga kompyuter tahlilini qo'llashda yana bir misol bo'la oladi.

Genomika kontekstida anotatsiya – bu DNK ketma-ketligida genlarni va boshqa ob'ektlarni markirovkalash (nishonlash) jarayonidir. Genomlar annotatsii birinchi dasturiy tizimi Ouen Uayt (Owen White) tomonidan 1955 yildayoq yaratilgan edi.

¹ David W. Mount, *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001

Evolyusion biologiya turlarning kelib chiqish va paydo bo'lishini, ularning davrlar bo'yicha rivojlanishini o'rganadi. Informatika evolyusiyani o'rganuvchi biologlarga bir necha jihatlarida yordam beradi:

1) barcha DNKdagi o'zgarishlarni o'rgangan holda ko'p sonli organizmlar evolyusiyalarini tadqiq qilishda;

2) yanada kompleks evolyusion hodisalarni o'rganish imkonini beruvchi genomlarni bir-biriga taqqoslashda;

3) populyasiyalar kompyuter modellarini qurishda;

4) ko'p miqdordagi turlar haqida ma'lumotni o'z ichiga oluvchi nashrlarni kuzatib borishda.

Ekotizimning biologik xilma-xilliklari go'yoki bu bir tomchi suv yoki bir hovuch tuproq, yoki Er sayyorasining barcha biosferasi kabi barcha tirik turlardan iborat bo'lgan ma'lum bir muhitning to'la genetik yig'indisi sifatida aniqlanishi mumkin. Ixtisoslashtirilgan dasturiy ta'minot mahsulotlari qidirish, vizualizatsiya qilish, axborotni tahlil qilish va eng muhimi, natijalarni boshqa tadqiqotchilar bilan bo'lishda foydalaniladi.

Hozirgi zamon ilmiy biologik adabiyotida bioinformatika bilan birgalikda "hisoblash biologiyasi" iborasi ham uchrab turadi. Hisoblash biologiyasi – bu fan sohasi emas, balki biologik jarayonlarni o'rganish uchun kompyuterlardan foydalanishga uslubiy yondashuv hisoblanadi. Garchi "hisoblash biologiyasi" ko'proq algoritmlar va aniq hisoblash usullarini ishlab chiqishlar bilan shug'ullansada hozircha "bioinformatika" va "hisoblash biologiyasi" iboralaridan tez-tez ma'nodosh (sinonim) so'zlar sifatida foydalanilmoqda. Hisoblash biologiyasida foydalaniladigan barcha usullar ya'ni, masalan, garchi biologik vazifalar bilan bog'liq bo'lsada matematik modellashtirish – bu bioinformatika hisoblanmaydi.

Bundan tashqari matematik biologiya ham mavjud bo'lib, u ham bioinformatika singari biologik muammolarni echishda ishlatiladi, biroq unda qo'llaniladigan usullar natijasi son bilan ifodalanmaydi va ularni amalga oshirishda dasturiy va jihoz ta'minoti talab etilmaydi.

Oqsillar fazoviy tuzilmalarini bashorat qilishda ishlatiladigan algoritmlar va dasturlar ishlab chiqish bilan shug'ullanuvchi srukturaviy bioinformatika boshqalaridan ajralib turadi.¹ SHunday qilib bioinformatika ham anatomiya, botanika, virusologiya, mikrobiologiya, sitologiya, paleontologiya, fiziologiya va boshq. kabi biologiya bo'limlari qatoriga qo'shilmoqda.

2-мавзу. Биоинформатика ривожланиш босқичлари ва ютуқлари. Ген онтологияси.

Режа:

- 2.1. Биоинформатика ривожланиш босқичлари.**
- 2.2. Биоинформатикани ютуқлари.**
- 2.3. Ген онтологияси.**

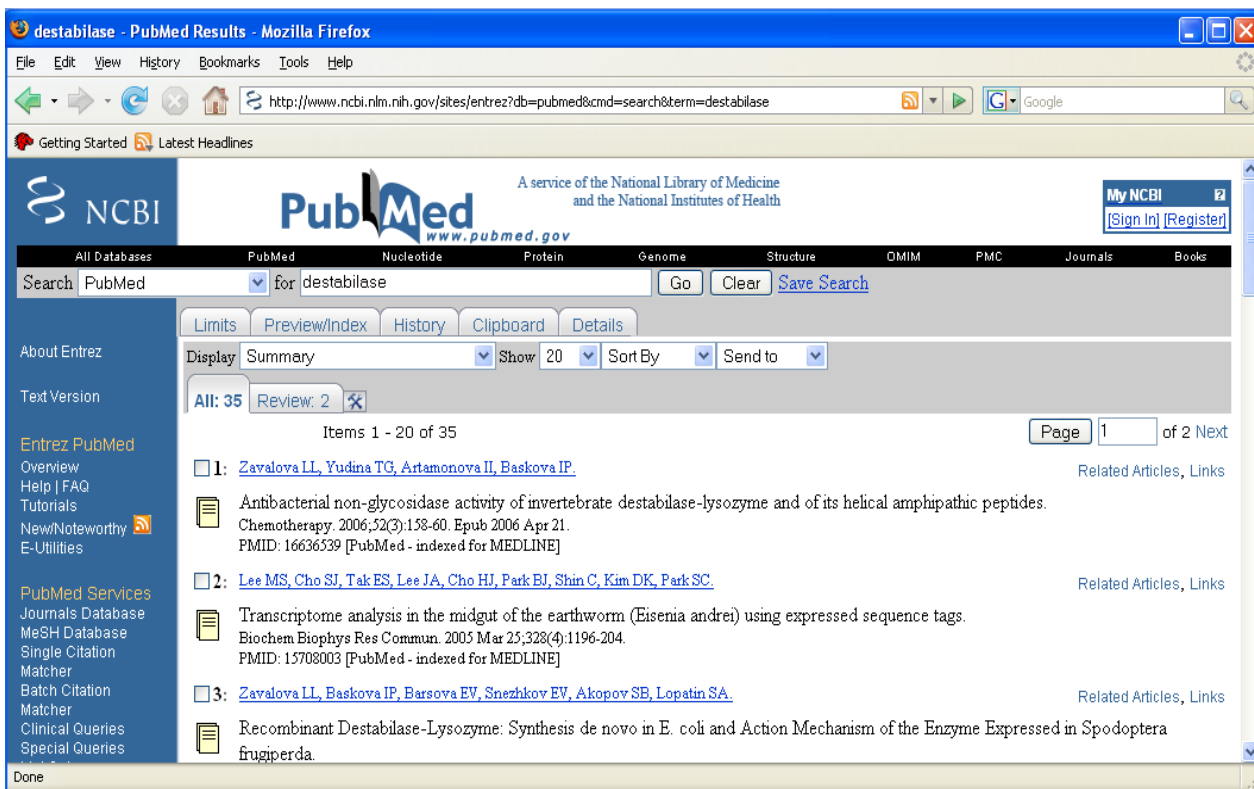
Tayanch iboralar: *bioinformatika, ontologiya, genomika, proteomika, DNK va oqsil ketma-ketliklari.*

Bioinformatika biologiyaning ilmiy tajribalari asosida olingan natijalarni tahlil qiladi. Olingan ma'lumotlarni tadqiqotchi ma'lumotlar bazasida mavjud bo'lgan barcha to'plamlar bilan solishtiradi. Bordini, u o'zi aniqlagan ketma-ketlikni ma'lumotlar bazasidan topa olmasa bunda u bu ma'lumotni shu joyga kiritib qo'yadi va bu bilan bazani yanada boyitadi. Ma'lumotlar bazasi funksiyalariga saqlash, tizimlashtirish, axborotlarni yangilab turish unga kirish huquqi bilan ta'minlashlar kiradi. Bu operatsiyalar esa katta qudratlardagi kompyuterlarni talab qiladi.²

¹ Xiong Z.J. // Essential Bioinformatics, Cambridge University Press 2006, 362 p.

² Claverie D.J.-M., Notredame C. // Bioinformatics for Dummies, For Dummies 2006, 456 pages.

SHuningdek biologik mavzular majmuidagi ilmiy nashriyotlar bazalari ham mavjud. Biologiya bo'yicha istalgan ilmiy jurnalning barcha sonlarida chiqadigan har bir maqola ma'lumotlar bazasiga joylashtiriladi izlanuvchi uni internet tarmog'i orqali oson topib olishi uchun qisqa ta'rif berib qo'yiladi (2-rasm). Eng katta tibbiy-biologik nashrlar on-line kutubxonasi PubMed so'nggi 50 yil mobaynida 16 mln. dan ortiqroq maqolalarni o'z ichiga oladi.



2-rasm. Tibbiy-biologik nashrlar on-line kutubxonasi (PubMed)

Integral ma'lumotlar bazasi va ensiklopediyalar konkret gen, oqsil, organim va h.o. haqidagi barcha ma'lumotlarni o'zida jamlash kabi muhim funksiyalarni amalga oshiradi. Ular katta miqdordagi boshqa ma'lumotlar bazalari axborotlarini umumlashtiradi va uni hamisha yangilab turadi.

Har qanday yangidan o'qilgan genom harflarning turli xil kombinatsiyalarida takrorlanuvchi ulkan ketma-ketliklar ko'rinishida namoyon bo'ladi. Bioinformatika bunday xilma-xillikdagi matndan genlarni ajratib olish imkoniyatini beradi. Genomdan genni ajratib olish kabi bunday operatsiya genomni belgilash deb ataladi.

Barcha genlar funksiyalarini tajribalar asosida aniqlash etarli darajada murakkablikni yuzaga keltiradi. Bu holatda bioinformatika funksiyalari allaqachon aniqlangan genlar bilan solishtirib ko‘rishga tayangan holda ularni bashorat qilishda ko‘maklashadi. Oqsil molekulasida biologik vazifalarning har xil turlariga javob beruvchi uchastkalar mavjud. Bioinformatika usullari yordamida ushbu uchastkalarni aniqlash konkret bir oqsilning barcha spektr funksiyasini ochib beradi.

Oqsil strukturalarini tajribalar asosida, ya’ni masalan oqsil molekulalaridan tashkil topgan mikroskopik kristalni rentgen nurlari bilan nurlantirish orqali aniqlash mumkin. Bu esa etarli darajada uzoq va qimmatli jarayon hisoblanadi. Ayrim oqsillar kristall tuzilmalarga ega bo‘lmaganligi sababli ularni tahlil qilishning umuman iloji yo‘q. Bioinformatika kompyuter modellashtirish yordamida hech bo‘lmaganda oqsil strukturasi uzoqroq o‘xshash ketma-ketligi ma’lum bo‘lgan holatlarda oqsilning fazoviy modelini yasashda yordam beradi.

Bioinformatika metodlari asosida olingan molekulaning fazoviy strukturasi bilgan holda uning qanday ishlashini va uning ishlashiga qanday ta’sir eta olishni bashorat qilish mumkin.

Dori preparatlarini fazoda har xil ximiyoviy bog‘lanishlar bilan oqsil-nishonlarning o‘zaro ta’sirini modellashtirish asosida tayyorlash mumkin. Bunda katta miqdori bog‘lanishlarni saralash va eng maqbullarini tanlab olish kerak bo‘ladi.

Biologiya, kimyo, fizika, matematika hamda informatika fanlarini birlashtirish biologik tizimni har tomonlama tavsiflash imkonini beradi. Kompyuter resurslaridan foydalanish tahlil jarayonini bir necha marotaba tezlashtiradi hamda olinadigan natijalarning aniqligini va tezligini oshiradi.¹

Bioinformatika texnologiyalaridan foydalanib qilingan biologiya sohasidagi yangi kashfiyotlar tez suratda tibbiyot, farmakologiya,

¹ Kuznetsov P.E., Gribov L.A. Vvedenie v molekulyarnoe modelirovanie. Uchebnoe posobie. - Saratov: Izd-vo SGU. – 2003.

kosmetologiya, biotexnologiya, qishloq xo‘jaligi, ekologiya va boshqa sohalarda jalb qilinadi.

Bioinformatika mustaqil ravishda amaliy ahamiyatga ega bo‘lgan natijalar beradi va shuningdek biologiyaning turli sohalarida ishlash uchun sharoit bilan ta‘minlaydi.

Bioinformatika bo‘yicha ishning katta qismi biologik axborotni saqlash va uni tahlil qilish uchun ma‘lumotlar bazasidan foydalanish texnologiyalari atrofiga jamlangan. Bunday ma‘lumotlar bazasi ommabop yoki shaxsiy bo‘lishi mumkin. Ularga ochiq standartlar orqali ommaviy kirish huquqini olish esa muhim ahamiyat kasb etadi. Garchi ma‘lumotlar bazasidan foydalanishga nisbatan bu usullar anchagina keng tarqalgan bo‘lsada biologik axborotlarni tahlil qilish uchun ontologiya va mantiqiy usullardan foydalanish rivojlanib bormoqda.

Biologiyaning zamonaviy yo‘nalishlari biotexnologiya, genlar injinerligi, genomika, bioinformatika kabi yo‘nalishlarining rivojlanishi fanda yangi “gen ontologiya” terminining yuzaga kelishiga sabab bo‘ldi. Gen ontologiyasi predmetlariga mikroorganizmlar, o‘simliklar, hayvonlar va inson genlari ularning mahsulotlari ma‘lumotlar bazasi va ularning annotatsiyalari kiradi.¹

Gen ontologiya loyihasi molekulyar va xujayra biologiyasida bir necha domenlarni ichiga oladi va genlar, gen mahsulotlari va ketma-ketliklar bo‘yicha ma‘lumotlarini tushunishda jamoatchilik foydalanishi uchun keng imkoniyatlar ochib beradi. Ko‘pgina model organizmlarning ma‘lumotlar bazalari va genom annotatsiyasi guruhlarini yaratishda gen ontologiyasidan foydalaniladi va ularning annotatsiyasida gen ontologiya manbalari o‘rni beqiyosdir.

Konsortsium gen ontologiya - bu “*gen ontologiyasi*” loyihasida faol ishtirok etayotgan bir qator biologik ma‘lumotlar bazalari va tadqiqot guruhlaridir. Bu turli xil model organizmlar uchun bir qancha ma‘lumotlar

¹ Plessis L, Skunca N, Dessimoz C (November 2011). «The what, where, how and why of gene ontology — a

ba'zalari, jami oqsillar ma'lumotlar ba'zasi, "*gen ontologiyasi*" dasturiy ta'minot ishlab chiquvchilar va muharrirlar guruhini o'z ichiga oladi.

Gen ontologiyasi bioinformatika dasturlar bo'yicha loyiha bo'lib, barcha organizmlarning genlari va gen maxsulotlari standartlashtirilgan genetik ma'lumotlar ba'zalarini yig'ishga bag'ishlangan. Loyixaning maqsadi genlar va ularning maxsulotlari sifatlaridan birini aniq belgilangan ro'yxatini ma'lumotlar bazasiga joylash va yangilash; genlar va gen maxsulotlar uchun qo'shimcha annotatsiyalarni rasmiylashtirish; ortib borayotgan ma'lumotlar bazasi loyihasidan foydalanish uchun ma'lumotlar tarqatish. Gen ontologiyasi "*Ochiq biotibbiyot ontologiyasi*" deb nomlangan klassifikasiyasi keng qamrovli qismi xisoblanadi.

Gen ontologiya deganda murakkab biologik hodisalarni yuzaga kelishi tasvirlangan noma'lum bir biologik ob'ektlarni tushinish kerak. Ontologiya dunyodagi ob'ektlar va ular orasidagi munosabatlar to'g'risidagi ma'lumotlar yordamida maxsus bilim yo'nalishlarini rasmiylashtirishda qo'llaniladi.¹ Biologiya va boshqa tegishli fanlar uchun universal namunaviy terminologiya etishmasligi yuzaga keldi. Terminlar bu qiyin muloqot qilish kabi tushunchalarni ifodalaydi, lekin ancha bir biridan farq qilishi mumkin, turli tadqiqot soxalarida va xatto turli yo'nalish olimlari o'rtasida ishlatiladi. SHu munosabat bilan, "Gen ontologiya" loyihasining vazifasi barcha organizmlarning genlarini va ularning mahsulotlarini vazifalari, funksiyalari, strukturasi va amaldagi ontologik atamalarni yaratishdan iborat.

Gen ontologiya boshqariladigan so'zlar terminarlardan tuzilgan. Terminlar ontologiya nizomiga muvofiq uch yo'nalish molekulyar funktsiya, biologik jarayonlar va xujayra komponentlariga bo'linadi. Xar bir ontologiya biror gen yoki gen maxsulotlarini funksional jixatdan hamda terminlar o'rtasidagi aloqalarni tasvirlaydi. Tartibga soluvchi aloqalar

¹ Smith B, Ashburner M, Rosse C, Bard J, Bug W, Ceusters W, Goldberg LJ, Eilbeck K, Ireland A, Mungall CJ, Leontis N, Rocca-Serra P, Ruttenberg A, Sansone SA, Scheuermann RH, Shah N, Whetzel PL, Lewis S (November 2007). «The OBO Foundry: coordinated evolution of ontologies to support biomedical data integration». *Nat. Biotechnol.* 25 (11): 1251–5. DOI:10.1038/nbt1346. PMID 17989687.

ikki quyi sinflari bor: ijobiy tartibga soluvchi va salbiy tartibga soluvchi.

Gen ontologiyada tez-tez yangi o'zgartirishlar bo'lib, atamalar yoki eskirgan malumotlar olib tashlanadi. Agar terminlar ontologiyadan o'chirilgan bo'lsa belgilangan terminlar o'z kuchida qoladi lekin eskirgan yorliqlar va termin barcha aloqalari olib tashlanadi. Aloqalarni o'zgartirish annotatsiyalarga tasir qilmaydi chunki ularning gen ontologiyada joylashgan o'rniga emas balki annotatsiyalar o'ziga xos maxsus terminlarga yo'naltirilgan. Gen ontologiya loyihasi genlar funksiyalarini kataloglashtirish uchun katta manba bo'ladi. SHunday bo'lsada undan hali hamma joyda foydalanilmaydi va xanuzgacha murakkabligicha qolmoqda.

Gen ontologiyasi 1998 yilda tadqiqotchilar konsortsium asosida uch model organizmlar *Drosophila melanogaster* (meva pashshasi), *Mus musculus* (sichqon) va *Saccharomyces cerevisiae* (non achitqisi) genomlari o'rganilib (4- rasm), ularni o'qilishi va genetik ma'lumotlar ba'zasi yaratilishi asosida tashkil etilgan.¹ So'ngra boshqa model organizmlar uchun ko'p ma'lumotlar ba'zasini shu tariqa ko'rish va ma'lumotlaridan foydalanish, qo'shimcha annatatsiyalar ba'zasini yaratishni kengaytirish, kabi jarayonlarda gen ontologiyasidan foydalanildi.

O'simlik, xayvon va mikroorganizmlar eng asosiy genetik ma'lumotlar ba'zalari bu loyixaga xissa qo'shmoqda. 2008 yil yanvar xolatiga ko'ra, gen ontologiya dasturi turli xil biologik organizmlarda qo'llaniladigan 24.500 dan ortiq terminlarini o'z ichiga oladi. U ma'lumotlar gen ontologiyasini rivojlantirish va undan foydalanish bo'yicha adabiyotlarda muxim tayanch xisoblanadi, va u bioinformatika soxasida tegishli standart vositasi bo'lib kelgan.

2011 yil sentyabr xolatiga ko'ra, gen ontologiyasi 360 ming dan ziyod tirik organizmlar uchun 33 mingdan ortiq terminlar va 12 million

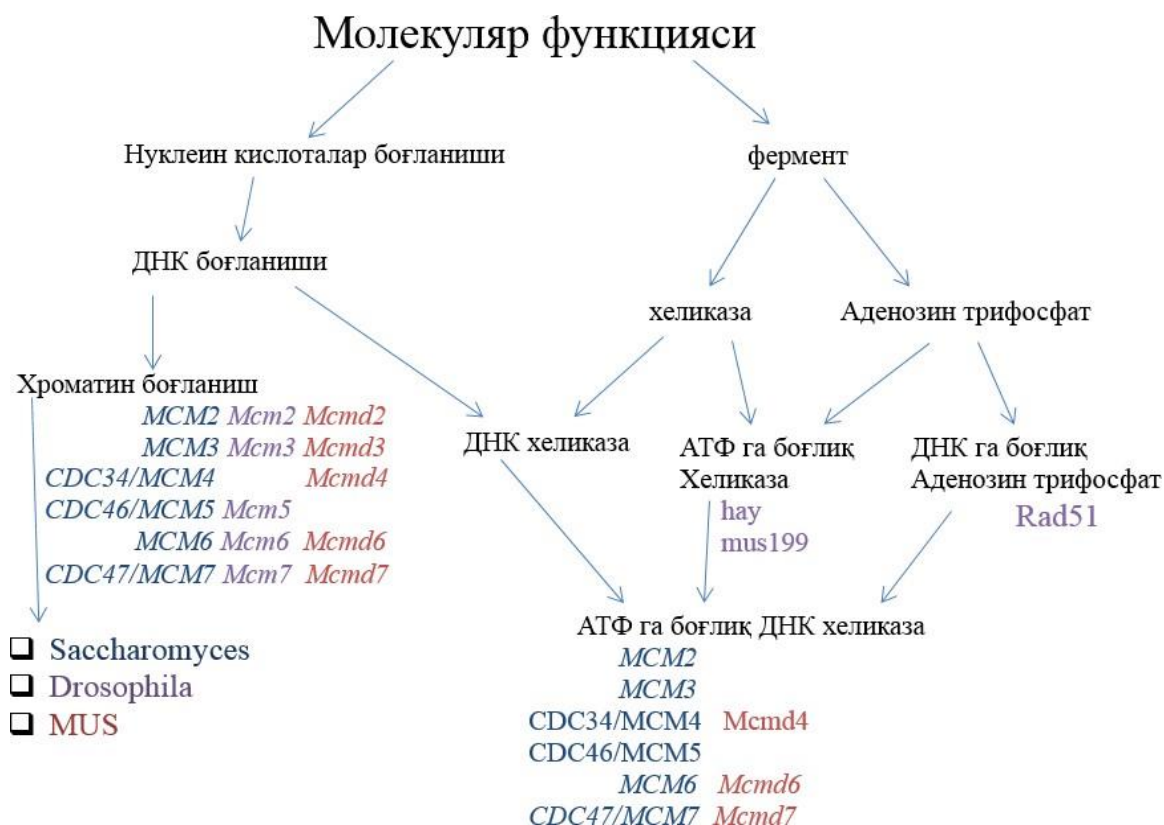
¹ Ashburner M, Ball CA, Blake JA, Botstein D, Butler H, Cherry JM, Davis AP, Dolinski K, Dwight SS, Eppig JT, Harris MA, Hill DP, Issel-Tarver L, Kasarskis A, Lewis S, Matese JC, Richardson JE, Ringwald M, Rubin GM, Sherlock G (May 2000). «Gene ontology: tool for the unification of biology. The Gene Ontology Consortium». Nat. Genet. 25 (1): 25–9. DOI:10.1038/75556.PMID 10802651.

atrofida gen mahsulotlar annotatsiyasi mavjud.¹ So‘nggi bir necha yil davomida, gen ontologiya konsortsium gen ontologiya sifati va spetsifik annotatsiya miqdorini oshirish uchun bir qator o‘zgarishlar amalga oshirildi. 2013 yilga kelib, annotatsiyalar soni 96 milliondan oshdi. Annotatsiya sifati avtomatlashtirilgan sifat nazorati yo‘li bilan takomillashtirildi.

Gen ontologiya konsortsium so‘nggi paytlarda biologik jarayonlarning bevosita kichik sinfi sifatida, yangi biologik bosqichini joriy etdi. Bu sinf biologik jarayonlar sodir bo‘lishi mumkin bo‘lgan paytida alohida davri yoki bosqichini ifodalaydi. Ular shuningdek, boshqa biologik jarayonlar bilan tartibga solinadi. Biologik jarayonlar murakkab hodisalar bo‘lib, organizmlar xayoti uchun zarur molekulyar funksiyalarni amalga oshirilishi demakdir.² Misol uchun turli biologik jarayonlar xujayra bo‘linish sikli metafaza va profaza hamda xayz ko‘rish payti, jinsiy xujayralarni qo‘shilishi va rivojlanish bosqichi.

¹ Ashburner M, Ball CA, Blake JA, Botstein D, Butler H, Cherry JM, Davis AP, Dolinski K, Dwight SS, Eppig JT, Harris MA, Hill DP, Issel-Tarver L, Kasarskis A, Lewis S, Matese JC, Richardson JE, Ringwald M, Rubin GM, Sherlock G (May 2000). «Gene ontology: tool for the unification of biology. The Gene Ontology Consortium». *Nat. Genet.* 25 (1): 25–9. DOI:10.1038/75556.PMID 10802651.

² The Gene Ontology Consortium (January 2012). «The Gene Ontology: enhancements for 2011.». *Nucleic Acids Res.* 40 (Database issue): D559–64. DOI:10.1093/nar/gkr1028. PMID 22102568.



4-rasm. Uchta turli model oganizmlar namunalari yordamida gen ontologiyasini tuzilishi va funksiyasini ifodalash ya'ni bir ontologiya ichida genlarni bog'lanishi misol qilib keltirilgan. Ontologiyalar biologik kalit so'zlardan tuzilgan.

Gen ontologiya biologik jarayonida "bosqichlarni" ifodalash

Gen ontologiyasi biologiyaning boshqa yo'nalishlari ya'ni, biotexnologiya, genlar injinerligi, genomika, bioinformatika, biokimyo, fiziologiya, proteomika kabi yo'nalishlarda olib borilgan tadqiqotlarning mahsuli asosida yo'nalish sifatida yuzaga keldi.¹ YUqorida ko'rsatilgan fanlar gen ontologiyasi ma'lumotlar ba'zasidan foydalanib kelmoqda. Biomeditsinada turli genetik kasalliklarni davolash, ularga tashxis qo'yish ishlarida gen ontologiyasi majmuiga kiruvchi inson genomi ma'lumotlar ba'zasidan keng foydalanilmoqda. Bulardan tashqari qishloq ho'jaligi maxsulotlarini genomlarini tadqiq qilib, yangi o'simlik navlari, hayvon zotlari yaratilishida, ularni maxsuldorligini oshirishda qo'llanilmoqda.

¹ The Gene Ontology Consortium (January 2013). «Gene Ontology annotations and resources.». Nucleic Acids Res. 41 (Database issue): D530–5. DOI:10.1093/nar/gks1050. PMID

**3-мавзу; Геномни таҳрирлаш технологияларига асос солиниши.
Геномни таҳрирлаш тизимларининг асосий йўналишлари. Янги авлод
технологиялари: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.**

Режа:

3.1. Геномни таҳрирлаш технологияларига асос солиниши.

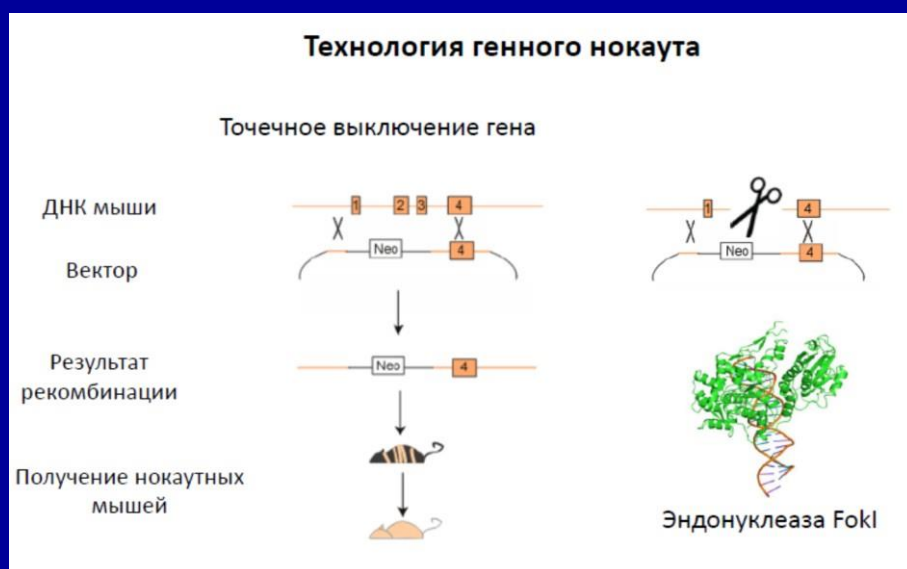
3.2. Геномни таҳрирлаш тизимларининг асосий йўналишлари.

3.3. Янги авлод технологиялари: Zinc Finger, TALEN, CRISPR.

Таянч иборалар: *genom, ontologiya, genomika, proteomika, yangi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR*

Bir qancha xorijiy davlatlarda 20-21 asrlarda bioinformatika jadal suratda rivojlanayotgan dunyo biotibbiyot fanlari sohasiga aylanib bordi. Bioinformatson texnologiyalar iste'molchilari tadqiqotchilar, fundamental ishlanmalar mualliflari bilan bir qatorda tibbiyot, farmakologiya, biotexnologiya hamda o'quv muassasalari hisoblanadi. Fanning bu sohasi AQSHda va shuningdek boshqa rivojlangan davlatlarda muhim yo'nalish sifatida qaraladi.

2.3. Геномни таҳрирлаш технологияларига асос солиниши.



Ikki zanjirli oraliqlarni maqsadli ravishda joriy etishning birinchi urinishlarida tabiiy kam uchraydigan endonukleazalar (meganukleazalar deb ataladi), masalan, bakterial mobil genetik elementlardan olingan I-SceI ishlatilgan [Plessis et al 1992, Rouet et al 1994].

Meganukleazlarni keng tanib olish joylari (masalan, I-SceI uchun 18 ta nukleotid), hatto bitta oraliqni sutemizuvchilar genomiga kiritishga imkon beradi, bu maqsadli modifikatsiya qilishning ajralmas shartidir.

Biroq, bunday saytlar genomning bir joyida joylashgan, boshqacha qilib aytganda genetik modifikatsiya qaerda bo'lishini tadqiqotchi emas, ferment aniqladi. Ushbu cheklovni bartaraf etish uchun olimlar maqsadli mutageniz yordamida meganukleazalarning DNK bilan bog'laydigan o'ziga xosligini o'zgartirishga harakat qilishdi [Smith J et al 2006]. Biroq, bu tajribalar DNKni bog'laydigan va nukleazli mintaqalari yonma-yon, bitta oqsil domenida joylashgan ushbu fermentlarning tuzilishi bilan to'sqinlik qildi.

SHuning uchun, meganukleazlar ko'plab maqsadli ketma-ketliklar uchun ishlab chiqilganiga qaramay, yondashuv asosan yuqori darajadagi ixtisoslashtirilgan laboratoriyalar tomonidan qo'llaniladigan texnologiya bo'lib qoldi.

1996 yilda Chandrasegaran va uning hamkasblari Fok-I parchalanish domeniga bog'langan birinchi sink barmoqli gibrid restriksiya ferment- larini taqdim etdilar [Kim et al 1996].

Keyinchalik, xuddi shu guruh birinchi marta boshqariladigan genomik muhandislik uchun sink barmoqli nukleazlardan (ZFN) foydalangan [Bibikova et al 2001, 2002]. O'shandan beri ZFN lar nafaqat turli xil dasturlar uchun juda qulay genomik muhandislik vositalariga aylandi, balki yo'naltirilgan genomni tahrirlash bo'yicha klinik ishlarga ham kirishdi [Tebas et al 2014]. Biroq, (ZFN) dizayni murakkab va ko'p vaqt talab qiladigan bo'lib qolmoqda.

A. coli genamlari aniq funksiyasi bo'lmagan takrorlanadigan ketma-ketliklarning uyushgan tuzilmalarini o'z ichiga oladi, keyinchalik ular boshqa ko'plab bakteriyalarda ham topilgan [Mojica et al 2000], bu konservativ (va shu sababli muhim) funksiyani ko'rsatdi. Ushbu g'alati genetik elementlarning bakteriyalar genomidagi ajoyib funksiyasini aniqlash va isbotlash uchun turli laboratoriyalardan ko'plab olimlarga yigirma yil kerak bo'ldi [Barrangou et al 2007] - bakteriyalar moslashuvchan immunitet tizimiga ega, bu ularga ikkinchi marta yuqtirishga urinayotgan viruslarni (bakteriofaglarni) tanib, yo'q qilishga yordam beradi. Buning uchun ular virus genomining qisqa ketma-ketliklarini o'zlarining genomiga kiritishadi (CRISPR mintaqasida) va ularni kalit va qulf prinsipi yordamida fag genomini taniydigan qisqa komplementar RNKlarni sintez qilish uchun shablon sifatida ishlatishadi.

Ushbu muhim kashfiyotdan so'ng CRISPR/Cas ning mexanizmi va muhim elementlari tavsiflandi [Garneau et al 2010; Deltcheva et al. 2011], shuningdek tizim turli bakteriyalar o'rtasida o'tkazilishi mumkinligi ko'rsatildi [Sapranauskas et al. 2011].

CRISPR-Cas9 [Jinek et al 2012], ning RNK-yo'naltirilgan DNK ning endonukleaza faolligi tasdiqlangandan ko'p o'tmay, uning potentsiali butunlay yangi turdagi muhandislik nukleazalari sifatida turli guruhlar tomonidan namoyish etildi [Mali et al. 2013].

GENOM TAHRIRLASHNING POTENSIAL ISHLATILISH SOHALARI:

Gen nokauti (o'qish doirasining ochiq joy almashishi)	Butun
genlarni yoki genning ayrim qismlarini (masalan, ekzonlar) olib tashlash	
YUqori aniqlikdagi genlarni tiklash ("gen jarrohligi")	
Mutatsiyalarni tuzatish (masalan, bitta nukleotid polimorfizmi -	
SNP) Ayrim nukleotidlarni tahrirlash Xromosoma translokatsiyalarini kiritish	

GENOM TAHRIRI UCHUN TALAB QILINADIGAN ELEMENTLAR:

- yaratilgan ferment (nukleaz, nikaza, deaminaza)
- sink barmoqli nukleaz
- TAL effektoriga asoslangan fermentlar
- CRISPR/Cas asosidagi fermentlar

GENOM TAHRIRIDA ISHTIROK ETADIGAN HUJAYRA ICHI YO‘LLARI:

Bir zanjirli uzilishni ta'mirlash Oxirlarning gomolog bo'lmagan qo'shilish gomologik rekombinatsiya

Ikki qatorli uzilishlarni ta'mirlash gomolog rekombinatsiya

Sitozinni deaminlash

individual nukleotidlarni kesish / almashtirish bilan ta'mirlash So'nggi bir necha yillar ichida genomlarni tahrirlash uchun

- Zinc Finger (Rux barmoqlari)
- TALEN (Transcription Activator Like Effector Nucleases)
- CRISPR/Cas9 (inglizcha CRISPR - Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats,
o'zbek tilida - muntazam guruxlarda joylashgan qisqa palindromik takrorlar)

kabi yangi texnologiyalar vujudga keldi.

Evropa, Osiyo, AQSH hamda Avstraliya davlatlarida bioinformatika markazlari soni yildan-yilga ko'payib bormoqda. Bioinformatika bo'yicha davlat, akademik hamda ta'lim markazlari bilan bir qatorda so'nggi yillarda sohada olingan tadqiqot natijalardan tijorat maqsadida foydalanishga yo'naltirilgan sezilarli darajadagi tashkilot va loyihalar yuzaga keldi (3-rasm). Bu eng avvalo genomlarning, shuningdek odam genomining strukturaviy, funksional hamda qiyosiy tahlili bo'yicha faoliyat yurituvchi tashkilotlardir. Bioinformatika sohasi bo'yicha yaratilgan usullarni qo'llash bilan birga amaliy muammolarni echish yo'lida, xususan farmokologiyada texnik hamda dasturiy bazalar jadal suratda

rivojlanib bormoqda. Bunday muammolarni bartaraf etishda dasturiy ta'minot sanoati ham takomillashib bormoqda.



3-rasm. Bioinformatika servis markazlari va resurslari

Mamlakatimizda genomika va bioinformatika fanlarining rivojlanishiga qaratilayotgan alohida e'tibor tufayli dunyo fanida o'z o'rniga ega nufuzli ilmiy maktab va muhit shakllantirildi, zamonaviy laboratoriyalar tashkil etilib, keng miqyosda xalqaro ilmiy aloqalar yo'lga qo'yildi.¹ Xususan O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazida sohada anchagina muvaffaqiyatli dasturlar amalga oshirildi. Markazda etakchi horijiy ilmiy markaz tajribalariga ega, bioinformatika texnologiyalar bo'yicha bilim va ko'nikmalarni puxta egallagan ilmiy xodimlarning faoliyat olib borishi va shular hisobga olingan holda markazda bioinformatika laboratoriyasining tashkil etilganligi bunga yaqqol misol bo'la oladi. Markaz ilmiy jamoasi hanuzgacha noaniq bo'lgan g'o'za genomidagi rekombinatsion bloklar (ya'ni, avlodan-avlodga ko'chib o'tadigan gen allellari to'plami) o'lchamlarini

¹ Marketa Zvelebil, Jeremy O. Baum // Understanding Bioinformatics, Garland Science 2007. 798 pages

topib, zamonaviy tezkor “assotsiativ kartalashtirish” usulini kashf etdi. Natijada g‘o‘za genomidagi genlardan foydalanishning yangi imkoniyatlari ochilib, g‘o‘zada zamonaviy markerlarga asoslangan seleksiya usullari ishlab chiqildi.

Gen-nokaut yoki RNK interferensiyasi molekulyar genetika va bioinformatika usullari mahsuli bo‘lib, organizmning belgilangan genlari faolligini to‘xtatish imkonini beradi. SHu tufayli genlari “o‘chirilgan” (nokaut qilingan) organizm vujudga keladi. Bu nukleotid ketma-ketligi ma’lum bo‘lgan genlarning funksiyasini aniqlashga yordam beradi. Nokaut qilingan va normal organizm namunalari orasidagi farqlar, o‘rganilayotgan gen funksiyasini ko‘rsatib beradi. Qishloq xo‘jaligi ekinlarining biologik ko‘rsatkichlari – hosildorlik, ertapisharlik, zararkunanda va hasharotlarga chidamlilikning namoyon bo‘lishida ishtirok etuvchi genning tarkibi va funksiyasi aniqlangandan so‘ng maqsadga muvofiq ravishda ushbu gen faoliyatini kuchaytirish yoki aksincha uni to‘xtatish mumkin. Markaz olimlari erishgan eng so‘nggi yutuqlardan biri – bu ular tomonidan g‘o‘za uchun yaratilgan dunyodagi ilk gen-nokaut texnologiyasidir.

Nazorat savollari:

1. Bioinformatika nima?
2. Bioinformatika bo‘limlarini aytib bering?
3. Genomlarni annotatsiya qilish deganda nimalar tushuniladi?
4. O‘zbekistonda bioinformatika fanining rivojlanish holati?

Foydalaniladigan adabiyotlar:

1. Lesk A.M. Vvedenie v bioinformatiku /Introduction to Bioinformatics / per. s angl. pod red. A.A.Mironova, V. K. SHvyadasa. - M.: BINOM. Lab. znaniy, 2009. - 318, [2] s. : sv. il, ris.
2. Setubal J., Meydanis J. Vvedenie v vychislitelnyu molekulyarnuyu biologiyu / Introduction to Computational Molecular Biology / per. s angl. A. A. CHumichkina; pod red. A. A. Mironova. - M. ; Ijevsk : Regulyar. i xaot. dinamika: NITS "Regulyarnaya i xaoticheskaya dinamika", In-t kompyuter. issled., 2007. - 420 s.
3. David W. Mount, Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001

4. Xiong Z.J. // Essential Bioinformatics, Cambridge University Press 2006, 362 pages.
5. Marketa Zvelebil, Jeremy O. Baum // Understanding Bioinformatics, Garland Science 2007. 798 pages

IV. AMALIY MASHG‘ULOTLAR MATERIALLARI

1-amaliy mashg‘ulot:

Genom ma’lumotlar bazasi

(Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma’lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma’lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish

Ishdan maqsad: Genom muhandisligida TALEN va CRISPR/Cas qo‘llanilishi. Nukleotid ketma-ketliklar ma’lumotlar bazasi (EMBL, DDBJ, NCBI, UniGene, STACK, EMBL-SVA) resurslari bilan tanishish.

Masalaning qo‘yilishi: Tinglovchi amaliy mashg‘ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

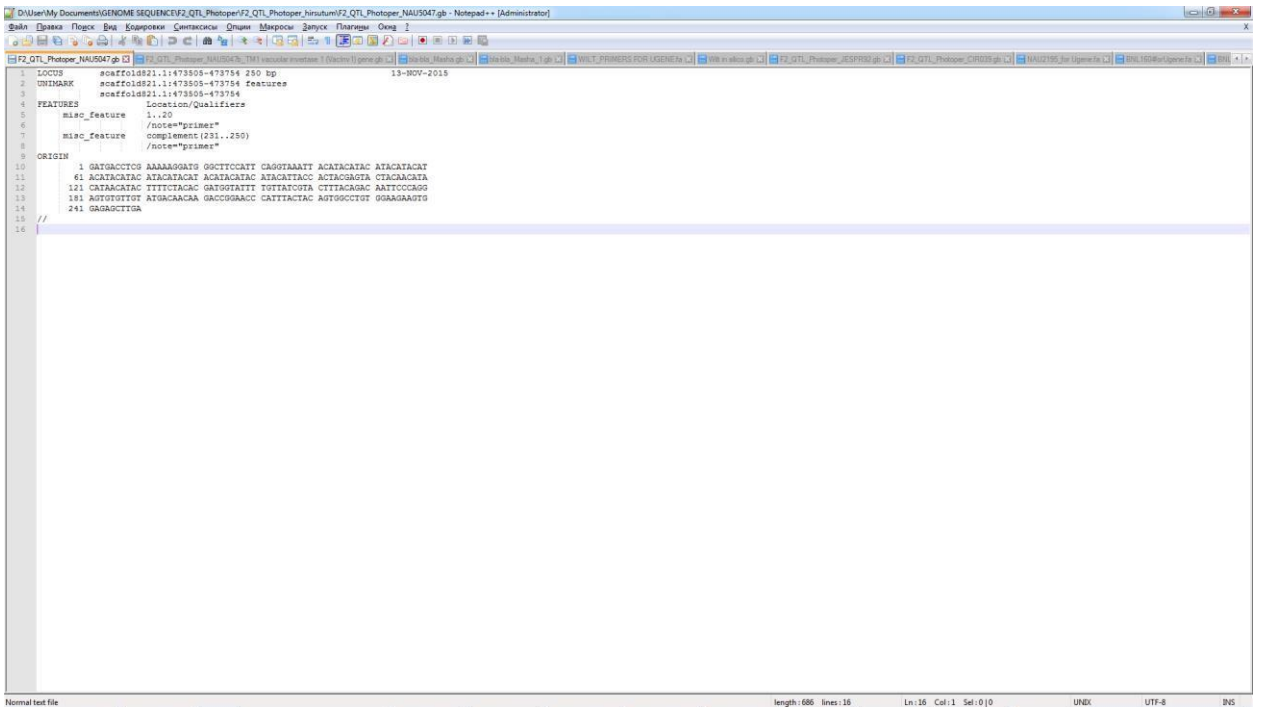
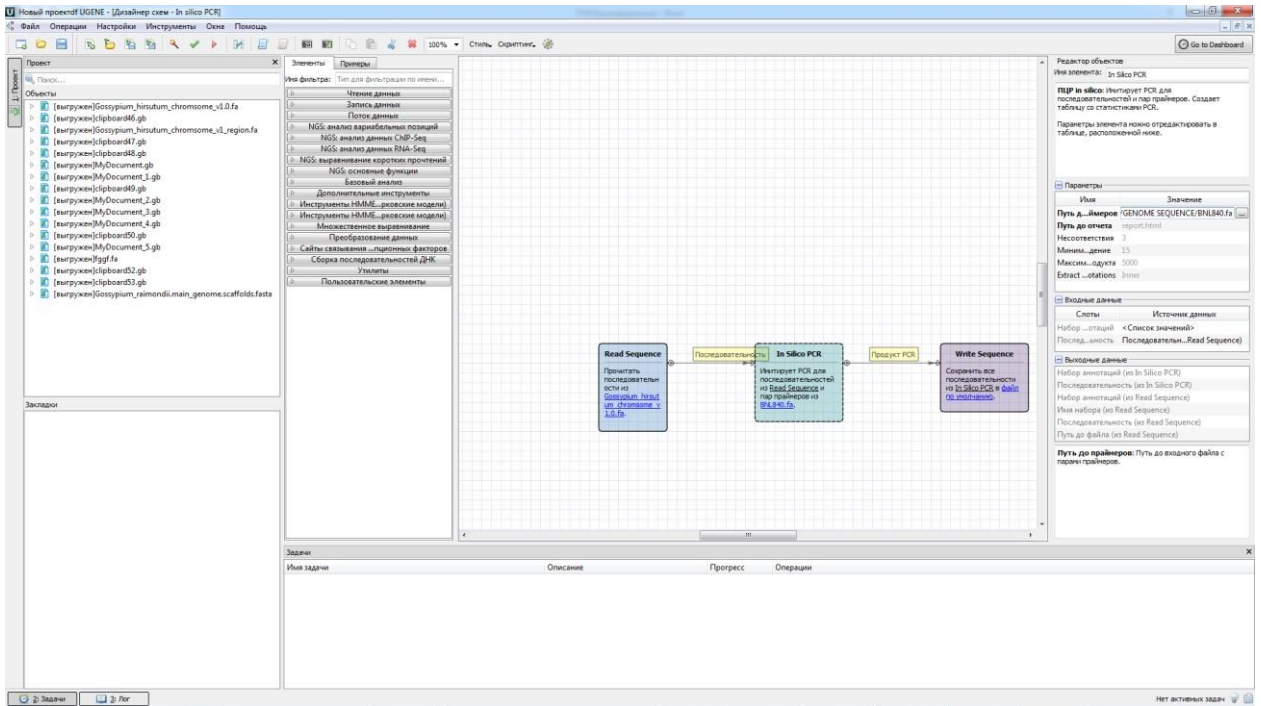
Ishni bajarish uchun namuna.

1-vazifa. Nukleotid ketma-ketliklar ma’lumotlar bazasi (EMBL, DDBJ, NCBI, UniGene, STACK, EMBL-SVA) resurslari bilan tanishish. Genom ma’lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma’lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma’lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish. NCBI ma’lumotlar bazasi BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta’minotidan foydalanib genlarni anotatsiya qilishni o‘rganish.

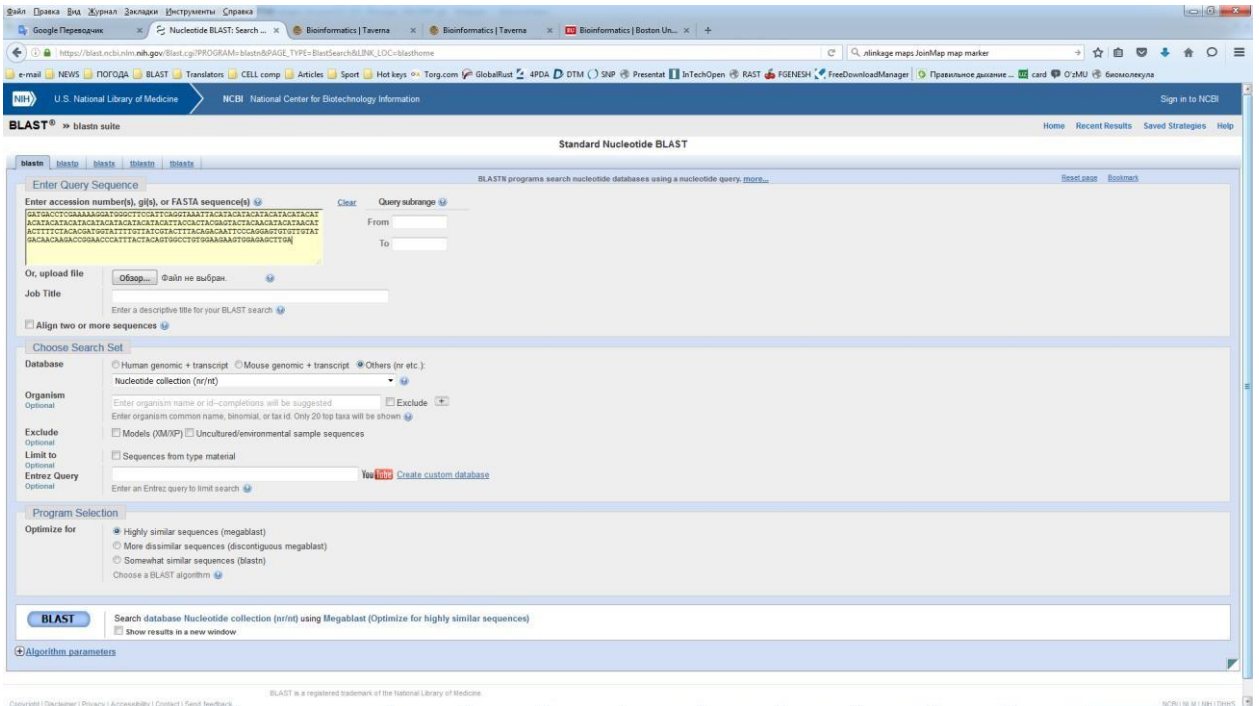
Masalaning qo‘yilishi: Tinglovchi amaliy mashg‘ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

Ishni bajarish uchun namuna.

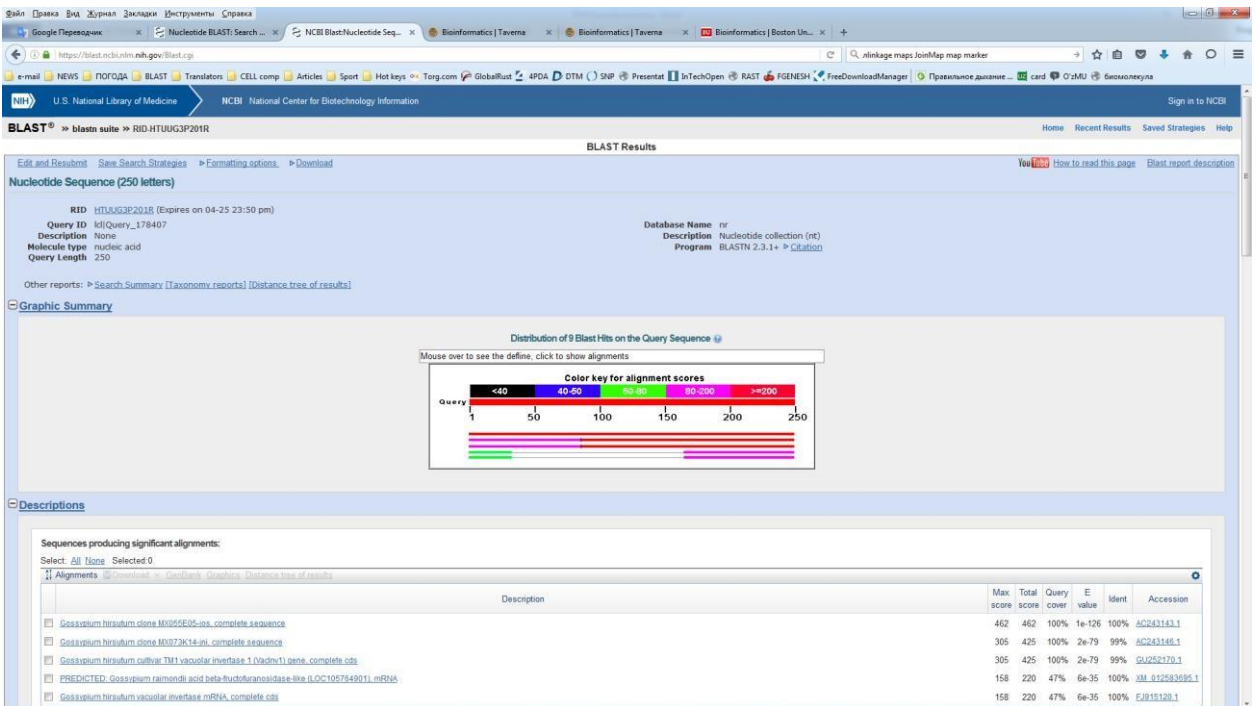
1-vazifa. 1-amaliy mashg‘ulot natijasida aniqlangan QTL markerining G.hirsutum g‘o‘za turi to‘liq genomidan foydalanib In silico PCR algoritmi bilan Ugene 1.21.0 dasturida tegishli DNK ketma-ketligini aniqlang.



2-vazifa. In silico PCR mahsulotidan olingan DNK ketma-ketligini NCBI ma'lumotlar bazasiga yuklang.



3-vazifa. NCBI ma'lumotlar bazasiga yuklangan DNK ketma-ketligini tahlil qilish uchun BLAST tugmasini bosing.



4-vazifa. Qidiruv natijasida topilgan ketma-ketliklarni birma-bir tahlil qiling.

GenBank - **Send** - **Change region shown** - **Customize view**

Gossypium hirsutum cultivar TM1 vacuolar invertase 1 (Vacin1) gene, complete cds

GenBank GU252170.1
FASTA Graphics

Go to

LOCUS GU252170 5265 bp DNA linear PIN 02-NOV-2010

DEFINITION Gossypium hirsutum cultivar TM1 vacuolar invertase 1 (Vacin1) gene, complete cds.

ACCESSION GU252170

VERSION GU252170.1 GI:310722810

KEYWORDS gene

SOURCE Gossypium hirsutum (upland cotton)

ORGANISM Gossypium hirsutum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvales; Malvaceae; Malvoideae; Gossypium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 5265)
AUTHORS Talliercio, E., Scheffler, J. and Scheffler, B.
TITLE Characterization of two cotton (Gossypium hirsutum L) invertase genes
JOURNAL Mol. Biol. Rep. 37 (8), 3915-3920 (2010)
PUBMED 20300865

REFERENCE 2 (bases 1 to 5265)
AUTHORS Talliercio, E.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (01-DEC-2009) USDA/ARS, 3127 Ligon St, Raleigh, NC 27695, USA

FEATURES
source location/Qualifiers
1..5265
/organism="Gossypium hirsutum"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="TM1"
/db_xref="taxon:3635"
1869..5265
/gene="Vacin1"
/locus="GhVacin1"
join(1869..2342,2520..2528,3237..4096,4192..4353,4436..4659,4741..4828,4962..5265)

Related information
Protein
PubMed
Taxonomy

Recent activity
Gossypium hirsutum cultivar TM1 vacuolar invertase 1 (Vacin1) gene, complete nucleotide
Gossypium hirsutum clone MX05SE05-j06, complete sequence nucleotide

5-vazifa. Tegishli (mos keluvchi) gen/oqsil yoki lokus ketma-ketliklarini Ugene 1.21.0 dasturida ham tahlil qilib ko‘ring.

Новый проект UGENE - [clipboard90] GU252170

Объекты

- [эсружен]Gossypium_hirsutum_chromosome_v1.0.fa
- [эсружен]clipboard6.gb
- [эсружен]Gossypium_hirsutum_chromosome_v1_region.fa
- [эсружен]clipboard48.gb
- [эсружен]clipboard49.gb
- [эсружен]MyDocument_2.gb
- [эсружен]MyDocument_3.gb
- [эсружен]MyDocument_4.gb
- [эсружен]clipboard90.gb
- [эсружен]MyDocument_5.gb
- [эсружен]pff.fa
- [эсружен]clipboard52.gb
- [эсружен]clipboard53.gb
- [эсружен]Gossypium_raimondii_main_genome.scaffolds.fasta
- clipboard89.gb
- [1] scaffold821.1473505-473754
- [1] scaffold821.1473505-473754 features
- clipboard90.gb
- [1] GU252170
- [1] GU252170 features

Зависимости

- clipboard89 [1] scaffold821.1473505-473754
- clipboard90 [1] GU252170

Задачи

Имя задачи	Описание	Прогресс	Операции
GU252170 features [clipboard90.gb]	Автоматиче...		

Нет активных задач



Nazorat savollari:

1. Ma'lumotlar bazasi haqida nimalarni bilasiz?
2. Nukleotid ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasiga misollar keltiring?
3. Oqsil ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasiga misollar keltiring?
4. Genlar/oqsillarni anotatsiya qilishda qanday bioinformatik dasturlardan foydalaniladi?
2. BLAST tahlili haqida tushunchangiz bormi?

Foydalanilgan adabiyotlar:

1. Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215:403-410. PubMed
2. Gish, W. & States, D.J. (1993) "Identification of protein coding regions by database similarity search." Nature Genet. 3:266-272. PubMed
3. Madden, T.L., Tatusov, R.L. & Zhang, J. (1996) "Applications of network BLAST server" Meth. Enzymol. 266:131-141. PubMed
4. Altschul, S.F., Madden, T.L., Schäffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. & Lipman, D.J. (1997) "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs." Nucleic Acids Res. 25:3389-3402. PubMed
5. Zhang Z., Schwartz S., Wagner L., & Miller W. (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences" J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14. PubMed
6. Zhang, J. & Madden, T.L. (1997) "PowerBLAST: A new network BLAST application for interactive or automated sequence analysis and annotation." Genome Res. 7:649-656. PubMed
7. Morgulis A., Coulouris G., Raytselis Y., Madden T.L., Agarwala R., & Schäffer A.A. (2008) "Database indexing for production MegaBLAST searches." Bioinformatics 15:1757-1764. PubMed

8. Camacho C., Coulouris G., Avagyan V., Ma N., Papadopoulos J., Bealer K., & Madden T.L. (2008) "BLAST+: architecture and applications." BMC Bioinformatics 10:421. PubMed

9. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. // Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. Vol. 28 no. 8 2012, pages 1166–1167 doi:10.1093/bioinformatics/bts091

2-amaliy mashg'ulot.

Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish.

Ishdan maqsad: Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) resurslari bilan tanishish.

Masalaning qo'yilishi: Tinglovchi amaliy mashg'ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

Ishni bajarish uchun namuna.

1-vazifa. Genom ma'lumotlar bazasi (Genomes Server, Proteome Analysis, Ensembl) resurslari bilan tanishish.

Masalaning qo'yilishi: Tinglovchi amaliy mashg'ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

Ishni bajarish uchun namuna.

2-vazifa. Oqsil ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasi hamda aminokislota ketma-ketliklari ma'lumotlar bazasini (UniProtKB/Swiss-Prot, GOA, ENZYME) o'rganish.

Nazorat savollari:

1. Ma'lumotlar bazasi haqida nimalarni bilasiz?
2. Nukleotid ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasiga misollar keltiring?
3. Oqsil ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasiga misollar keltiring?
4. Genlar/oqsillarni anotatsiya qilishda qanday bioinformatik dasturlardan foydalaniladi?
3. BLAST tahlili haqida tushunchangiz bormi?

Foydalanilgan adabiyotlar:

10. Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215:403-410. PubMed
11. Gish, W. & States, D.J. (1993) "Identification of protein coding regions by database similarity search." Nature Genet. 3:266-272. PubMed
12. Madden, T.L., Tatusov, R.L. & Zhang, J. (1996) "Applications of network BLAST server" Meth. Enzymol. 266:131-141. PubMed
13. Altschul, S.F., Madden, T.L., Schäffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. & Lipman, D.J. (1997) "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs." Nucleic Acids Res. 25:3389- 3402. PubMed
14. Zhang Z., Schwartz S., Wagner L., & Miller W. (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences" J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14. PubMed
15. Zhang, J. & Madden, T.L. (1997) "PowerBLAST: A new network BLAST application for interactive or automated sequence analysis and annotation." Genome Res. 7:649-656. PubMed

3-

amaliy mashg'ulot.

NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanib, genlarni annotatsiya qilishni o'rganish.

Ishdan maqsad: NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanib, genlarni annotatsiya qilishni o'rganish.

Masalaning qo'yilishi: Tinglovchi amaliy mashg'ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

Ishni bajarish uchun namuna.

1-vazifa. NCBI ma'lumotlar bazasi, BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minotidan foydalanish.

Masalaning qo'yilishi: Tinglovchi amaliy mashg'ulotda keltirilgan vazifalarni bajarishi, tahlil qilishi va natija olishi lozim.

Ishni bajarish uchun namuna.

2-vazifa. Genlarni annotatsiya qilish bilan tanishish.

Nazorat savollari:

1. NCBI ma'lumotlar bazasi haqida nimalarni bilasiz?
2. BLAST tahlili va Ugene 1.21.0 dasturiy ta'minoti bazasiga misollar keltiring?
3. Oqsil ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasiga misollar keltiring?

4. Genlar/oqsillarni anotatsiya qilishda qanday bioinformatik dasturlardan foydalaniladi?

4. BLAST tahlili haqida tushunchangiz bormi?

Foydalanilgan adabiyotlar:

16. Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215:403-410. PubMed
17. Gish, W. & States, D.J. (1993) "Identification of protein coding regions by database similarity search." Nature Genet. 3:266-272. PubMed
18. Madden, T.L., Tatusov, R.L. & Zhang, J. (1996) "Applications of network BLAST server" Meth. Enzymol. 266:131-141. PubMed
19. Altschul, S.F., Madden, T.L., Schäffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. & Lipman, D.J. (1997) "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs." Nucleic Acids Res. 25:3389- 3402. PubMed
20. Zhang Z., Schwartz S., Wagner L., & Miller W. (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences" J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14. PubMed
21. Zhang, J. & Madden, T.L. (1997) "PowerBLAST: A new network BLAST application for interactive or automated sequence analysis and annotation." Genome Res. 7:649-656. PubMed

3-keys. Tabiiy fanlar, jumladan biologiya fani bioinformatika bilan chambarchas bog‘liq. Bioinformatika biologiya sohasining qaysi yo‘nalishlarida ko‘proq qo‘llaniladi?

Fikringizni asoslab bering.

4-keys. Genlarni kattalashtirish uchun eng avvalo birikkanlik kartalarini tuzish talab etiladi. Qaysi dasturiy ta‘minot asosida birikkanlik kartalarini tuzish mumkin?

Dasturni ishlash prinsipini tushuntiring.

5-keys. Markerlarni identifikatsiya qilish uchun miqdoriy belgilar lokuslari aniqlab olinadi. Miqdoriy belgilar lokuslarini kartalashtirishda foydalaniladigan dasturiy ta‘minotni ayting hamda uning ishlash prinsipini tushuntirib bering.

GLOSSARIY

Termin	O‘zbek tilidagi sharhi	Ingliz tilidagi sharhi
Allel	Gen. Genlar holatining biri. Masalan: A yoki a.	One of several alternative forms of a gene that occur at a given locus on a chromosome. Most often there are two paired copies of a gene on homologous chromosomes. For each of your gene you get one copy (allele) from each parent. They may be nearly identical in DNA sequence or have slight variations (i.e. mutations).
Aminokislota	Organik kislota molekulasida bir yoki bir nechta vodorod atomini aminogruppa NH ₂ ga almashinishidan hosil bo‘ladi. Bunda NH ₂ gruppaga ko‘pincha karboksil gruppaga qo‘shni uglerod (alfa (α) uglerod) atomining vodorodi o‘rniga kiradi va α aminokislota hosil bo‘ladi.	Any of a class of 20 molecules that are combined to form proteins in living things. The sequence of amino acids in a protein and hence protein function are determined by the genetic code
Antikodon	t RNK o‘rta qismidagi 3 ta nukleotid (triplet)dan iborat, i RNK ning kodoniga mos keladi. Kodon va antikodon komplementar bo‘lsa, t RNK olib kelgan aminokislota ribosomaning katta birligida qoldiriladi va sintezlanayotgan zanjiriga ulanadi.	An anticodon is a unit made up of three nucleotides that correspond to the three bases of the codon on the mRNA. Each tRNA contains a specific anticodon triplet sequence that can base-pair to one or more codons for an amino acid. Some anticodons can pair with more than one codon due to a phenomenon known as wobble base pairing.
Biopolimerlar	YUqori molekularli tabiiy brikmalar (oqsillar, nuklein kislotalar, polisaxaridlar) bo‘lib, molekulasi ko‘p marotaba takrorlanadigan kichik molekularli monomer yoki ular qismlaridan iborat.	Polymers produced by living organisms; in other words, they are polymeric biomolecules.
Genealogiya	«Genealogia» - so‘zidan olingan bo‘lib, shajara degan ma’noni bildiradi. Odamning biror belgi-xossasining avlodlarda irsiylanishini tadqiq etadi.	Genealogy is a family history, is the study of families and the tracing of their lineages and history.
Genetik injeneriya	Gen muhandisligi rekombinant DNKlar texnologiyasi. Genetik va biokimyoviy usullar yordamida	Modification of the natural DNA sequence of a gene or genes. Genetic engineering is the basis of the modern biotechnological

	<p>organizm yoki hujayra biologik axborotni o'zgartirish bilan tabiatda uchramaydigan, yangi xususiyatga ega bo'lgan genlar to'plamini va shu asosda yangi shtamm, nav va zotlarni yaratish.</p>	<p>revolution, to which we owe such inventions as insulin-producing bacteria.</p>
<p>Genetik kod</p>	<p>Nuklein kislotalar molekulasida irsiy axborotning nukleotidlar ketma-ketligida berilishidan iborat. Genetik kod 3ta xarf nukleotiddan iborat bo'ladi. Bu triplet deyiladi.</p>	<p>Three bases (e.g. 5'CGC3') in a DNA or RNA sequence specify a codon, which codes for an amino acid (e.g. arginine) in a protein. Genes are frequently tens of thousands of base-pairs long. Usually the codons of an exon are in phase within an uninterrupted open reading frame giving rise to long chains of amino acids after ribosomal translation.</p>
<p>Genlar dreyfi (genetik avtonom jarayonlar)</p>	<p>Tasodifiy omillar ta'sirida kichik populyasiyalarda genlar uchrash tezligining o'zgarishi. Odatda populyasiyalarda irsiy o'zgaruvchanlik kamayishga olib keladi. Qarindosh- urug'lar orasidagi nikohlar ortib ketganida bu holat kuchayadi. Bunda populyasiyada selektiv ahamiyati bo'lmagan genlar saqlanib qolishi va ko'payishi mumkin.</p>	<p>Practice of "stimulating biased inheritance of particular genes to alter entire populations. It has been proposed as a technique for changing wild populations of harmful organisms such as mosquitoes to be less dangerous.</p>
<p>Genom</p>	<p>Genlar yig'indisi. Xromosomalarning gaploid to'plami. Genomning genotipdan farqi shundaki, u ayrim zot yoki navni emas, balki bir turni xarakterlab beradi.</p>	<p>A complete set (n) of chromosomes (hence, of genes) inherited as a unit from one parent plus one sex chromosome from the other parent in heterogametic individuals. The full genome sequences are available for hundreds of bacteria and viruses, human, and model organisms like mouse, frog, worm and fruit flies.</p>
<p>Genotip</p>	<p>Organizmning irsiy asosi. Diploid to'plamdagi barcha genlar yig'indisi.</p>	<p>The part (DNA sequence) of the genetic makeup of a cell, and therefore of an organism or individual, which determines a specific characteristic (phenotype) of that cell/organism/individual. Genotype is one of three factors that determine phenotype, the other two being inherited epigenetic factors, and non-inherited environmental factors.</p>

Gomologik xromosoma	Kattaligi, shakli, genlari bir xil bo'lgan juft xromosomalar.	A couple of homologous chromosomes, or homologs, are a set of one maternal and one paternal chromosomes that pair up with each other inside a cell during meiosis.
Dnk	Dezoksiribonuklein kislota. Faqat odamdagina emas, balki barcha boshqa eukariotlarda, shuningdek, prokariotlarda irsiy axborot saqlovchi sanaladi.	The molecule that encodes genetic information. DNA is a double-stranded molecule held together by weak bonds between base pairs of nucleotides. The four nucleotides in dna contain the bases stranded molecule held together by weak bonds between base pairs of nucleotides. The four nucleotides in DNA contain the bases: adenine (A), guanine (G), cytosine (C), and thymine (T). In nature, base pairs form only between A and T and between G and C; thus the base sequence of each single strand can be deduced from that of its partner.
I rnk	informatsion RNK. U o'zida DNK dan ko'chirib olingan axborotni saqlaydi va oqsil sintezi jarayonida matritsa (qolip, andaza) vazifasini bajaradi. SHuning uchun u i-RNK, matritsa-RNK si deb ham yuritiladi.	RNA that serves as a template for protein synthesis.
Intron	i RNK nig «axborotsiz» qismlar yig'indisi.	The DNA base sequences interrupting the protein-coding sequences of a gene; these sequences are transcribed into RNA but are cut out of the message before it is translated into protein. Compare exons.
Irsiyat	Irsiylanish jarayoni orqali organizmlarning avlodlar almashinishi davomida irsiy ma'lumotlarni avloddan-avlodga o'tkazish jarayoni.	The passing of familial elements from one generation to the next.
Modifikator genlar	Organizmdagi belgi va xususiyatlarning rivojlanishida ishtirok etmay, balki boshqa asosiy genlarning ta'sirini o'zgartiruvchi, ya'ni bevosita emas, bilvosita ta'sir etuvchi genlardir.	Genes that have small quantitative effects on the level of expression of another gene
Nuklein kislota	YUqori molekulyar biopolimer bo'lib, juda ko'p monomerlardan tuzilgan	A large molecule composed of nucleotide subunits.

	organik birikma. Uning monomeri nukleotidlar bo'lib, nuklein kislota polinukleotid hisoblanadi.	
Pirimidin	DNK ning birinchi zanjiridagi purin azotli asosiga komplementar holatda 2 chi zanjirida joylashgan azotli asos.	Nitrogen-containing organic bases made from a single ring structure. Includes cytosine and thymine (DNA) and uracil (RNA) that base-pair with purines to form the rungs in the DNA double helical ladder.
Polimorfizm	Ko'p shakllilik bir tur doirasida bir-biridan keskin farq qiluvchi individlarning mavjudligi.	A Difference in DNA sequence among individuals. Genetic variations occurring in more than 1% of a population would be considered useful polymorphisms for genetic linkage analysis. Compare mutation.
Promotor	Operondan oldinda joylashgan triplet guruhlaridan biri bo'lib, RNK va DNK sintezini katalizlovchi RNK polimeraza bilan birikish xususiyatiga ega.	A site on DNA to which RNA polymerase will bind and initiate transcription.
Purin	Qo'sh zanjirli DNK molekulasining 1-zanjirida adenin va timindan iborat asos. Komplementarlik qoidasiga binoan 1-zanjirdagi purin asosi qarshisida 2-zanjirda pirimidin asosi turadi.	A nitrogen-containing, single-ring, basic compound that occurs in nucleic acids. The purines in DNA and RNA are adenine and guanine.
R rnk	RNKlar ribosomaning har ikkala subbirliklari tarkibida bo'ladi.	A class of RNA found in the ribosomes of cells.
T rnk	Transport ribonuklein kislota. RNK polimeraza fermenti ishtirokida DNK matritsasida sintezlanadi. t RNK quyi molekulyar massaga ega bo'lib, 75-85 nukleotiddan tashkil topgan. U beda bargi tipidagi ko'rinishda bo'ladi. Ribosomalarga aminokislotalarni tashish vazifasini o'taydi.	A class of RNA having structures with triplet nucleotide sequences that are complementary to the triplet nucleotide coding sequences of mRNA. The role of tRNAs in protein synthesis is to bond with amino acids and transfer them to the ribosomes, where proteins are assembled according to the genetic code carried by mRNA.
Uratsil	Pirimidin asoslari; RNK va erkin nukleotidlar tarkibiga kiradi.	A common pyrimidine found in RNA, it base pairs with adenine and is replaced by thymine in DNA. Methylation of uracil produces thymine. It turns into thymine to protect the DNA and to

		improve the efficiency of DNA replication. Uracil can base pair with any of the bases depending on how the molecule arranges itself on the helix, but readily pairs with adenine because the methyl group is repelled into a fixed position.
Sitozin	Nuklein kislotalarning tarkibiy qismi bo'lgan nukleotidlarni hosil qiluvchi 4 ta azotli asosning bittasi. Komplementarlik prinsipiga asosan sitozinli azotli asos qarshisida guanin azotli asos turadi.	Pyrimidine base found in RNA and DNA. Cytosine (C ₄ H ₅ N ₃ O) forms base-pairs with guanine only. It may become methylated where it occurs consecutively to guanine in the DNA sequence (see 5-methylcytosine).
Ekzon	Gen (DNK)ning genetik axborotga ega bo'lgan aminokislotalar ketma-ketligini ifodalovchi (kodlovchi) qismi. Ekzonlar intron bilan gallashib turadi.	The protein-coding DNA sequences of a gene. Compare introns.
Ekspressiya	Namoyon bo'lish - muayyan gen tomonidan aniqlanuvchi belgining fenotipda organizmning yashash sharoitiga qarab namoyon bo'lish darajasi.	Production of observable/detectable characteristics of an organism, usually due to the synthesis of protein.

VIII. ADABIYOTLAR RO'YXATI

1. Lesk A.M. Vvedenie v bioinformatiku /Introduction to Bioinformatics per. s angl. pod red. A. A. Mironova, V. K. SHvyadasa. - M.: BINOM. Lab. znaniy, 2009. - 318, [2] s. : sv. il, ris.
2. Setubal J., Meydanis J. Vvedenie v vychislitelnyuyu molekulyarnuyu biologiyu / Introduction to Computational Molecular Biology / per. s angl. A. A. CHumichkina; pod red. A. A. Mironova. - M. ; Ijevsk : Regulyar. i xaot. dinamika: NITS "Regulyarnaya i xaoticheskaya dinamika", In-t kompyuter. issled., 2007. - 420 s.
3. Capecchi M.R. // Nat. Rev. Genet. 2005. V. 6. № 6. P. 507–512.
4. Bibikova M., Golic M., Golic K.G., Carroll D. // Genetics. 2002. V. 161. № 3. P. 1169–1175.
5. Miles, C; Wayne, M (2008). "Quantitative trait locus (QTL) analysis". Nature Education (1.1).
6. Ricki Lewis (2003), Multifactorial Traits, McGraw-Hill Higher Education.
7. Proud, Virginia & Roberts, Helen (31 December 2005). "Medical Genetics: Multifactorial Inheritance". Children's Hospital of the King's Daughters. Retrieved 6 January 2007.
8. "Multifactorial Inheritance". Pregnancy and Newborn Health Education Centre. The March of Dimes. Archived from the original on 2 November 2006. Retrieved November 12, 2014.
9. Emery's Elements of Medical Genetics
10. Tissot, Robert. "Human Genetics for 1st Year Students: Multifactorial Inheritance". Retrieved 6 January 2007.
11. Zhang Z., Schwartz S., Wagner L., & Miller W. (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences" J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14. PubMed
12. Morgulis A., Coulouris G., Raytselis Y., Madden T.L., Agarwala R., & Schäffer A.A. (2008) "Database indexing for production MegaBLAST searches." Bioinformatics 15:1757-1764. PubMed
13. Camacho C., Coulouris G., Avagyan V., Ma N., Papadopoulos J., Bealer K., & Madden T.L. (2008) "BLAST+: architecture and applications." BMC Bioinformatics 10:421. PubMed
14. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. // Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. Vol. 28 no. 8 2012, pages 1166–1167 doi:10.1093/bioinformatics/bts091

Internet resurslari

1. <http://www.jcbi.ru/> – Ob’edinennyy Sentr vychislitelnoy biologii i bioinformatiki, russkoyazychnyy informatsionnyy sayt s veb-adresami i kratkoy charakteristikoy molekulyarno-biologicheskix baz dannyx
2. <http://beta.uniprot.org/> – SWISS-PROT|UniProt the protein sequence data bank, baza dannyx UniProt
3. <http://www.ebi.ac.uk/uniprot/> – baza dannyx UniProt na servere Evropeyskogo instituta bioinformatiki (European Bioinformatics Institute, EBI)
4. <http://www.expasy.org/sprot/> – bazy dannyx Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt na servere ExPASy (Expert Protein Analysis System) SHveysarskogo Instituta Bioinformatiki SIB
5. <http://www.rcsb.org/> – Protein Data Bank, baza dannyx PDB.
6. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (<http://www.pubmed.com/>) – server Natsionalnogo sentra biotexnologicheskoy informatsii SSHA (NCBI): bazy dannyx GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene i dr.
7. <http://cmm.info.nih.gov/modeling/> – server Sentra modelirovaniya molekul Natsionalnogo Instituta Zdorovya NIH, SSHA
8. <http://www.genebio.com/> – sayt kompanii GeneBio (Geneva Bioinformatics S.A.), rasprostranyayuyey informatsiyu iz proteomnyx baz dannyx: SWISS-PROT, PROSITE, SWISS-2DPAGE i sootvetstvuyuyeyie programmye prilozheniya
9. <http://www.genebee.msu.su/> – regulyarno obnovlyаемaya kopiya (zerkalo) bazy kompanii GeneBio v Rossii, na sayte Instituta fiziko-ximicheskoy biologii im. A.N. Belozerskogo
10. <http://molbiol.ru/> – Klassicheskaya i molekulyarnaya biologiya
11. <http://molbiol.edu.ru/> – Prakticheskaya molekulyarnaya biologiya
12. <http://proteome.ru/> – russkoyazychnyy sayt proekta “Proteom cheloveka”