

O'QUV-USLUBIY MAJMUA



BIOLOGIYA FANINI O'QITISHDA IT (INFORMATION TEKNOLOGIYALAR) MA'LUMOT MATERIALLARIDAN FOYDALANISH

2025

BIOLOGIYA



MALAKA OSHIRISH MARKAZI:

SamDu Huzuridagi
PKQTVUMOMM

O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI
OLIY TA’LIM FAN VA INNOVATSIYALAR VAZIRLIGI

OLIY TA’LIM TIZIMI KADRLARINI QAYTA TAYYORLASH VA
MALAKASINI OSHRISH INISTITUTI

SHAROF RASHIDOV NOMIDAGI SAMARQAND DAVLAT
UNIVERSITETI HUZURIDAGI PEDAGOG KADRLARINI QAYTA
TAYYORLASH VA ULARNING MALAKASINI OSHIRISH
MINTAQAVIY MARKAZI

“Tasdiqlayman”

Mmintaqaviy markaz direktori

_____ **A. I.Babayarov**

“ ” 2025-yil

“BIOLOGIYA FANINI O‘QITISHDA IT
(INFORMATION TEXNOLOGIYALAR) MA’LUMOT
MATERIALLARIDAN FOYDALANISH”

MODULI BO‘YICHA

O‘QUV-USLUBIY MAJMUA

Qayta tayyorlash va malaka
oshirish kursi yo‘nalishi:

“Biologiya”

Tinglovchilar kontingenti:

Oliy ta’lim muassasalarining pedagoglari

Samarqand - 2025

Mazkur ishchi o'quv dasturi Oliy ta'lim, fan va innovatsiyalar vazirligining 2024-yil 27-dekabrdagi 485-sonli buyrug'i bilan tasdiqlangan o'quv reja va dastur asosida tayyorlandi.

Tuzuvchi: **F.A. Ruziyev** - SH.Rashidov nomidagi SamDU Biokimyo inistituti PhD, dotsent.

Taqrizchi: **Djabbarov I.Sh.** - SH.Rashidov nomidagi SamDU Biokimyo inistituti biologiya fanlari doktori, professor

Mazkur o'quv-uslubiy majmua Sharof Rashidov nomidagi Samarqand davlat universiteti Kengashining 2025-yil 30-yanvardagi 7-sonli bayonnomasi bilan ma'qullangan.

MUNDARIJA

I. Ishchi dastur.....	4
II. Modulni o‘qitishda foydalaniladigan Interfaol ta’lim metodlari.....	20
III. Nazariy mashg‘ulot materiallari.....	30
IV. Amaliy mashg‘ulot materiallari.	92
V. Galassariy.....	153
VI. Adabiyotlar ro‘yxati.	156

I. ISHCHI DASTUR

Kirish

Ushbu dastur O'zbekiston Respublikasining 2020-yil 23-sentabrda tasdiqlangan "Ta'lim to'g'risida"gi Qonuni, O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2015 yil 12 iyundagi "Oliy ta'lim muassasalarining rahbar va pedagog kadrlarini qayta tayyorlash va malakasini oshirish tizimini yanada takomillashtirish to'g'risida"gi PF-4732-son, 2019-yil 27-avgustdagi "Oliy ta'lim muassasalari rahbar va pedagog kadrlarining uzluksiz malakasini oshirish tizimini joriy etish to'g'risida"gi PF-5789-son, 2019-yil 8-oktabrdagi "O'zbekiston Respublikasi oliy ta'lim tizimini 2030 yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to'g'risida"gi PF-5847-son, 2022-yil 28- yanvardagi "2022- 2026 yillarga mo'ljallangan Yangi O'zbekistonning taraqqiyot strategiyasi to'g'risida"gi PF-60-son, 2023-yil 25-yanvardagi "Respublika ijro etuvchi hokimiyat organlari faoliyatini samarali yo'lga qo'yishga doir birinchi navbatdagi tashkiliy choratadbirlar to'g'risida"gi PF-14-son Farmonlari, shuningdek, O'zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining 2019-yil 23-sentabrdagi "Oliy ta'lim muassasalari rahbar va pedagog kadrlarining malakasini oshirish tizimini yanada takomillashtirish bo'yicha qo'shimcha chora-tadbirlar to'g'risida"gi 797-son Qarorida belgilangan ustuvor vazifalar mazmunidan kelib chiqqan holda tuzilgan bo'lib, u oliy ta'lim muassasalari pedagog kadrlarining kasb mahorati hamda innovatsion kompetentligini rivojlantirish, sohaga oid ilg'or xorijiy tajribalar, yangi bilim va malakalarni o'zlashtirish, shuningdek amaliyotga joriy etish ko'nikmalarini takomillashtirishni maqsad qiladi.

Dastur doirasida berilayotgan mavzular ta'lim sohasi bo'yicha pedagog kadrlarni qayta tayyorlash va malakasini oshirish mazmuni, sifati va ularning tayyorgarligiga qo'yiladigan umumiy malaka talablari va o'quv rejalari asosida shakllantirilgan bo'lib, uning mazmuni yangi O'zbekistonning taraqqiyot

strategiyasi va jamiyatning ma'naviy asoslarini yoritib berish, oliy ta'limning normativ-huquqiy asoslari bo'yicha ta'lim-tarbiya jarayonlarini tashkil etish, pedagogik faoliyatda raqamli kompetensiyalarni rivojlantirish, ilmiy-innovatsion faoliyat darajasini oshirish, pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish, ta'lim sifatini ta'minlashda baholash metodikalaridan samarali foydalanish, biologiya fanini o'qitishda IT (information texnologiyalar) ma'lumot materiallaridan foydalanish, biologik makromolekulalar va ularning ahamiyatini ochib berish, organizmda energiya almashinuv jarayonlarini tahlil etish va baholash bo'yicha tegishli bilim, ko'nikma, malaka va kompetensiyalarni rivojlantirishga yo'naltirilgan.

Qayta tayyorlash va malaka oshirish kursining o'quv dasturi quyidagi modullar mazmunini o'z ichiga qamrab oladi: Kursning maqsadi va vazifalari Oliy ta'lim muasasalari pedagog kadrlarini qayta tayyorlash va ularning malakasini oshirish kursining maqsadi pedagog kadrlarning innovatsion yondashuvlar asosida o'quv-tarbiyaviy jarayonlarni yuksak ilmiy-metodik darajada loyihalashtirish, sohadagi ilg'or tajribalar, zamonaviy bilim va malakalarni o'zlashtirish va amaliyotga joriy etishlari uchun zarur bo'ladigan kasbiy bilim, ko'nikma va malakalarini takomillashtirish, shuningdek ularning ijodiy faolligini rivojlantirishdan iborat

Kursning vazifalariga quyidagilar kiradi:

“Biologiya”yo'nalishida pedagog kadrlarning kasbiy bilim, ko'nikma, malakalarini takomillashtirish va rivojlantirish;

- pedagoglarning ijodiy-innovatsion faollik darajasini oshirish;

- pedagog kadrlar tomonidan zamonaviy axborot-kommunikatsiya texnologiyalari, zamonaviy ta'lim va innovatsion texnologiyalar sohasidagi ilg'or xorijiy tajribalarning o'zlashtirilishini ta'minlash;

- o'quv jarayonini tashkil etish va uning sifatini ta'minlash borasidagi ilg'or xorijiy tajribalar, zamonaviy yondashuvlarni o'zlashtirish;

- “Biologiya” yo‘nalishida qayta tayyorlash va malaka oshirish jarayonlarini fan va ishlab chiqarishdagi innovatsiyalar bilan o‘zaro integratsiyasini ta’minlash.

Kurs yakunida tinglovchilarning bilim, ko‘nikma va malakalari hamda kompetensiyalariga qo‘yiladigan talablar:

Qayta tayyorlash va malaka oshirish kursining o‘quv modullari bo‘yichatinglovchilar quyidagi yangi bilim, ko‘nikma, malaka hamda kompetensiyalarga ega bo‘lishlari talab etiladi:

Tinglovchi:

- 2022- 2026 yillarga mo‘ljallangan Yangi O‘zbekistonning taraqqiyotstrategiyasining davlat va jamiyat hayotini takomillashtirishdagi o‘rni va ahamiyatini;

- O‘zbekiston Respublikasi Konstitutsiyasining asosiy prinsiplarini;

- Oliy ta’lim sohasiga oid qonun hujjatlari va ularning mazmunini;

- O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining oliy ta’lim tizimiga oid farmonlari, qarorlarini;

- O‘zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining oliy ta’lim tizimiga tegishli qarorlarini;

- Oliy ta’lim, fan va innovatsiya vazirligining ta’lim jarayonlarini rejalashtirish va tashkil etishga oid buyruqlarini;

- Davlat ta’lim standartlari, ta’lim yo‘nalishlari va magistratura mutaxassisliklarining Malaka talablari, o‘quv rejalari, fan dasturlari va ularga qo‘yiladigan talablarni, o‘quv yuklamalarini rejalashtirish va ularning bajarilishini nazorat qilish usullarini;

- ta’lim jarayonini raqamli transformatsiyasini;

- raqamli ta’lim resurslari va dasturiy mahsulotlarini;

- raqamli ta’lim resursini pedagogik loyihalash texnologiyasini;

- mediasavodxonlik va xavfsizlik asoslarini;

- raqamli ta’lim resurslarini loyihalash uchun asosiy talablarni;

- jahonda oliy ta'lim rivojlanish tendensiyalari: umumiy trendlar va strategik yo'nalishlarni;

- zamonaviy ta'limning global trendlarini;

- inson kapitalining iqtisodiy o'sishning asosiy omili sifatida rivojlanishida ta'limning oshdagi ahamiyatini;

- oliy ta'limning zamonaviy integratsiyasi: global va mintaqaviy makonda raqobatchilikdagi ustuvorliklari, universitetlarning xalqaro va milliy reytingini;

- xalqaro reyting turlari va ularning indikatorlarini;

- zamonaviy universitet jamiyatning faol, ko'pqirrali va samarali faoliyat yurituvchi instituti sifatidagi uchta yirik vazifalarini;

- universitetlarning zamonaviy modellarini;

- zamonaviy kelajak universitetlarning beshta asosiy modellarini;

- tadbirkorlik universiteti faoliyatining muhim yo'nalishlarini;

- pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning nazariy asoslarini;

- innovatsion ta'lim muhiti sharoitida pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish yo'llarini;

- kasbiy kompetensiyalarning mazmun va mohiyatini;

- kasbiy kompetensiyalar va ularning o'ziga xos xususiyatlarini;

- pedagogik texnikaning asosiy komponentlarini;

- pedagogik texnikani shakllantirish yo'llarini;

- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonini tashkil etishda innovatsion, akmeologik, aksiologik, kreativ, reflektiv, texnologik, kompetentli, psixologik, andragogik yondashuvlar va xalqaro tajribalar hamda ularning kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirishga ta'sirini;

- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonida pedagogik deontologiyaning roli, ahamiyatini;

- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirishda uchraydigan to‘siqlarni yechishda, to‘g‘ri harakatlar qilishda pedagogning kompetentlik va kreativlik darajasi, pedagogik kvalimetriyasini;

- talabalar kasbiy tayyorgarlik sifatini kompleks baholashning nazariyasini;

- ta’lim sifatiga ta’sir etuvchi omillarni;

- kredit-modul tizimida talabalarning bilimi, ko‘nikmasi, malakasi va kompetensiyalarini nazorat qilish va baholashning o‘ziga xos xususiyatlari, didaktik funksiyalarini;

- baholash turlari, tamoyillari va mezonlarini;

- biologiya fanining rivojlanish tendensiyalarini;

- zamonaviy biologiya fanining yutuklarini;

- hujayra va reproduktiv biologiyaning muammolarini;

- biologiya va biotibbiyotda nanotexnologiyalarni;

- asrimiz kasalliklarini;

- molekular biologiyaning obekti, predmeti, asosiy yo‘nalishlari va istiqbollari;

- nuklein kislotalarning tarkibi, strukturasi, xossalari va funksiyasini;

- xromosomalardagi RNKni;

- prokariotlarga xos bo‘lgan RNK (mRNK, rRNK va tRNK)ni;

- splaysing modellarini;

- polimerazali zanjirli reaksiyaning boskichlarini;

- XXI asrda ovqatlanish muammolarini;

- ovqatlanish nazariyalarini;

- XXI asrda ovqatlanish muammolarini tahlil etish va hal qilish;

- ovqatlanish xatti-harakatlarini;

- simbiont, autolitik hazm va indutsirlangan autolizni;

- energiya sarfiga ta’sir etuvchi omillarni bilishi kerak.

Tinglovchi:

- 2022- 2026 yillarga mo'ljallangan Yangi O'zbekistonning taraqqiyot strategiyasining asosiy yo'nalish va maqsadlarini tahlil etish va baholash;
- O'zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining Oliy ta'lim tizimiga tegishli qarorlari asosida ta'lim-tarbiya jarayonlarini tashkil etish;
- xorijiy tajribalar asosida malaka talablari, o'quv rejalari va fan dasturlarini takomillashtirish;
- multimedia va infografika asosida interaktiv didaktik mayeriallar yaratish va bulut xizmatlarida saqlash;
- masofiviy ta'lim platformalari uchun video kontent yaratish;
- Internetda mualliflik huquqlarini himoya qilish usullaridan foydalanish;
- raqamli ta'lim resurslari sifatini baholash;
- OTMlarni reyting bo'yicha ranjirlash;
- jahon universitetlari reytingini tahlil etish va baholash;
- universitetlarni mustaqil baholash yondashuvlarini aniqlashtirish;
- tadbirkorlik universitetiga o'tish uchun zarur bo'ladigan o'zgarishlarni aniqlash;
- Universitet 1.0 dan Universitet 3.0 modeliga o'tish borasidagi muammolarni aniqlash;
- zamonaviy tadbirkorlik universiteti modeli tamoyillarini o'zlashtirish;
- pedagoglarning kreativ potentsiali tushunchasi va mohiyatini ochib berish;
- pedagoglar kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning innovatsion texnologiyalarini qo'llash;
- o'qituvchi faoliyatida pedagogik texnikaning ahamiyatini yoritib berish;
- tinglovchilar diqqatini o'ziga tortish usullaridan foydalanish;
- kasbiy kompetensiyalarni shakllantirish va rivojlantirish yo'llarini tahlil etish;
- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonida uchraydigan to'siqlar, qiyinchiliklar va ularni bartaraf etish;

- talabalarning o‘quv auditoriyadagi faoliyatini baholash;
- talabalarning kurs ishi, bitiruv malakaviy ishi, o‘quv-malakaviy amaliyot(mehnat faoliyati)ini nazorat qilish;
- baholashning miqdor va sifat tahlilini amalga oshirish;
- biosferani saqlashning dolzarb muammolarini hal etish;
- biologiyadagi innovatsiyalarni amaliyotga jorish etish;
- biologiya va biotibbiyotda nanotexnologiyalarni qo‘llash;
- nukleosomlarning tuzilishini tahlil qilish;
- eukariotlarda tRNK va rRNK larning yetilishini o‘rganish;
- polimerazali zanjirli reaksiyalarning amaliyotdagi ahamiyatini ochib berish;
- odam hayot faoliyatida hazm jarayonlarning ahamiyatini ochib berish;
- ovqatlanish tiplarini ajratish;
- ovqatlanishning salomatlikka ta’sirini tahlil qilish va baholash ko‘nikmalariga ega bo‘lishi lozim.

Tinglovchi:

- “Yangi O‘zbekiston – ma’rifatli jamiyat” konsepsiyasining mazmunmohiyatini yoritib berish;
- Oliy ta’lim, fan va innovatsiya vazirligining ta’lim-tarbiya jarayonini tashkil etishga oid buyruqlari, Davlat ta’lim standartlari, ta’lim yo‘nalishlarining va magistratura mutaxassisliklarining malaka talablari, o‘quv rejalar va fan dasturlarini takomillashtirish;
- o‘quv yuklamalarni rejalashtirish va ularning bajarilishini nazorat qilish;
- meyoriy uslubiy hujjatlarni ishlab chiqish amaliyotini takomillashtirish mexanizmlarini tahlil etish;
- an’anaviy va raqamli ta’limda pedagogik dizaynning xususiyatlarini ochib berish;
- onlayn mashg‘ulotlarni tashkil etishda raqamli texnologiyalardan foydalanish;

- mediasavodxonlik va xavfsizlik asoslarini o‘zlashtirish;
- pedagogik faoliyatda raqamli kompetensiyalarni rivojlantirish;
- raqamli ta’lim resurslaridan foydalanish;
- xalqaro reyting turlari va ularning indikatorlarining ahamiyatini ochib berish;
- OTM reytingiga ta’sir etuvchi omillarni tahlil etish;
- universitetlarning zamonaviy modellarini o‘rganish;
- OTM bitiruvchilari va xodimlari tomonidan texnologiyalar transferiga litsenziyalar oluvchi startaplarni shakllantirish va yaratish;
- professor-o‘qituvchilarning tadqiqotchi sifatidagi nashr faolligini rivojlantirish istiqbollarini tahlil etish;
- innovatsion ta’lim muhiti sharoitida pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish;
- pedagog kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish xususiyatlarini tahlil etish va baholash;
- ijtimoiy va kasbiy tajribaga asoslangan intellektual mashqlarni ishlab chiqish;
- o‘quv jarayoni ishtirokchilarini bir-birlari bilan tanishtirish, samimiy do‘stona munosabat va ijodiy muhitni yuzaga keltirish, tinglovchilarning ijodiy imkoniyati va shaxsiy sifatlarini ochish, tinglovchilarning hamkorlikda ishlashlari uchun qulay sharoitni vujudga keltirish;
- tinglovchilarning kasbiy kompetensiyalarini o‘rganish, tanishish;
- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonida pedagogik deontologiyaning roli, ahamiyatini ochib berish;
- ta’lim sifatiga ta’sir etuvchi omillar (moddiy-texnik baza, professoro‘qituvchilarning salohiyati va o‘quv-metodik ta’minot)ni tahlil etish va baholash;
- talabalarning o‘quv auditoriyadan tashqari faoliyatini baholash;

- talabalarning o‘quv auditoriyadan tashqari faoliyatini baholashda o‘quv topshiriqlari (reproduktiv, produktiv, qisman-izlanishli, kreativ (ijodiy) murakkablik)ni ishlab chiqish metodikasidan samarali foydalanish;

- yangi biologiya fanidagi yo‘nalishlarini amaliyotga tatbiq etish;

- O‘zbekistonda biologiya sohasida innovatsion texnologiyalarning rivojlanishini tahlil etish va baholash;

- kodon va antikodonlarning o‘zaro ta’sirini tahlil etish;

- prokariot va eukariotlarda transkripsiya va oqsil sintezini boshqarish;

- hujayra ichida, tashqarida va membranasida hazm jarayonlarini o‘rganish;

- probiotiklar, prebiotiklar, antibiotiklar va ksenobiotiklarning ovqatlanish va metabolizm jarayonlaridagi o‘rnini ahamiyatini ochib berish malakalariga ega bo‘lishi zarur.

Tinglovchi:

- Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi va jamiyatning ma’naviy asoslarini mazmun-mohiyatini yoritib berish:

- O‘zbekiston Respublikasi Oliy ta’lim, fan va innovatsiya vazirligining buyruqlari asosida ta’lim-tarbiya jarayonlarini tashkil etish;

- Davlat ta’lim standartlari, malaka talablari, o‘quv rejalar va fan dasturlar asosida fanning ishchi dasturini ishlab chiqish amal qilish va ularni ijrosini ta’minlash;

- raqamli ta’lim resurslari va dasturiy mahsulotlarini o‘quv jarayoniga faol tatbiq etilishini tashkil etish;

- raqamli ta’lim resursini pedagogik loyihalash texnologiyasi asoslarini o‘zlashtirish;

- raqamli ta’lim muhitida pedagogik dizaynga oid innovatsiyalarni amaliyotga tatbiq etish;

- universitetlarning xalqaro va milliy reytingini baholash;

- OTMlarda talim, ilmiy va innovatsion faoliyatni rivojlantirish, ilmiy tadqiqot natijalarni tijoratlashirish yo‘llarini tahlil etish va amaliyotga tadbiq etish;

- «Amaliyotchi professorlar» (PoP, Professor of Practice) modelini qo‘llash;

- professor-o‘qituvchilarning tadqiqotchi sifatidagi nashr faolligini rivojlantirish istiqbollarini yoritib berish;

- pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning nazariy asoslarini amaliyotga tadbiq etish;

pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning pedagogikpsixologik trayektoriyalarini ishlab chiqish;

- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonida uchraydigan to‘siqlarning xilma-xilligi va o‘ziga xos xususiyatlari, sabablarini amaliy tomonlarini yoritish, ularni yechish bosqichlarini guruh bilan birgalikda aniqlash;

- talabalar kasbiy tayyorgarlik sifatini kompleks baholash;

- talabalar kasbiy tayyorgarlik sifatini kompleks baholashning elektron monitoring tizimini yuritish;

- talabalarning ta’limiy (o‘quv predmetlari), tarbiyaviy (ma’naviy-ma’rifiy tadbirlar) va rivojlantiruvchi (ilmiy-tadqiqot ishi, start-up loyihalar) maqsadlarini baholash;

- O‘zbekistonda hozirgi zamon botanika, zoologiya, anatomiya, fiziologiya, genetika, genomika, molekulyar biologiya va boshqa umumbiologik fanlarining yutuqlarini qo‘llash va ilmiy maktablar tajribasidan foydalanish;

- biologiya fanini o‘qitishda IT (information texnologiyalar) ma’lumot materiallardan foydalanish;

- zanjirli polimeraza reaksiyaning amaliy ahamiyati yoritib berish;

- amplifikatsiya va amplifikator reaksiya komponentlarini amalda qo‘lash;

- simbiot, autolitik hazm va induksirlangan autoliz asoslarini o'zlashtirish;

- asosiy nutriyentlar (oqsillar, uglevodlar, yog'lar, suv, vitaminlar, minerat tuzlar, antioksidantlar) va ularning funksional ahamiyatini yoritib berish kompetensiyalariga ega bo'lishi lozim.

Modulni tashkil etish va o'tkazish bo'yicha tavsiyalar:

- Modulni o'qitish ma'ruza va amaliy mashg'ulotlar shaklida olib boriladi.

- Modulni o'qitish jarayonida ta'limning zamonaviy metodlari, pedagogik texnologiyalar va axborot-kommunikatsiya texnologiyalari qo'llanilishi nazarda tutilgan:

- ma'ruza darslarida zamonaviy kompyuter texnologiyalari yordamida prezentatsion va elektron-didaktik texnologiyalardan;

- o'tkaziladigan amaliy mashg'ulotlarda texnik vositalardan, ekspresso'rovlar, test so'rovlari, aqliy hujum, guruhli fikrlash, kichik guruhlar bilan ishlash, kollokvium o'tkazish, va boshqa interaktiv ta'lim usullarini qo'llash nazarda tutiladi.

Modulning o'quv rejadagi boshqa modullar bilan bog'liqligi va uzviyligi "Biologiya fanini o'qitishda IT (information texnologiyalar) ma'lumot materiallardan foydalanish" moduli mazmuni o'quv rejadagi "Yangi O'zbekistonning taraqqiyot strategiyasi va jamiyatning ma'naviy asoslari", "Oliy ta'limning normativ-huquqiy asoslari", "Pedagogik faoliyatda raqamli kompetensiyalar" "Ilmiy va innovatsion faoliyatni rivojlantirish", "Pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish" "Ta'lim sifatini ta'minlashda baholash metodikalari", "Biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati" mutaxassislik o'quv modullari bilan uzviy bog'langan holda pedagoglarning ta'lim jarayonida kasbiy pedagogik tayyorgarlik darajasini oshirishga xizmat qiladi.

Modulning oliy ta'limdagi o'rni

Modulni o‘zlashtirish orqali tinglovchilar ta’lim jarayonida genom tadqiq etishga, katta ma’lumotlar va nukleotid va oqsil ketma-ketliklar ma’lumotlar bazasi tizimlaridan foydalanish va amalda qo‘llashga doir kasbiy kompetentlikka ega bo‘ladilar.

Modul bo‘yicha soatlar taqsimoti

№	Modul mavzulari	Tinglovchining o‘quv yuklamasi, soat					
		Hammasi	Auditoriya o‘quv yuklamasi				Mustaqil ta’lim
			Jami	jumladan			
				Nazariy	Amaliy mashg‘ulot	Ko‘chma mashg‘ulot	
1.	Biologiya yo‘nalishida information texnologiyalarning o‘rni. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.	4	4	2	2		
2.	Bioinformatsion ba’zalar va ularning ahamiyati. NCBI va PDB bazalaridagi ma’lumotlar bilan tanishish.	4	4	2	2		
3.	Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. Bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi, BLAST dasturi.	4	4	2	2		
4.	Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. Molekulyar filogenetika.	4	4	2	2		
5.	Ko‘chma mashg‘ulotlar	6	6			6	
6.	Ko‘chma mashg‘ulotlar	6	6			6	
Jami:		28	28	8	8	12	

1-mavzu. Biologiya yo‘nalishida information texnologiyalarning o‘rni. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.

Reja:

- 1. Biologiya yoʻnalishida information texnologiyalarning oʻrni.**
- 2. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari**

Biologiya fan sifatida uchta muammo bilan qiziqadi: hayotning kelib chiqish mexanizmlari, uning o'zgaruvchanligi va evolyutsiyasi. Qolgan hamma narsa ushbu uchta global muammoni qamrab oladi va biz nimani o'rganishimizdan qat'iy nazar, biz yuqorida keltirilgan savollarga javob beramiz. Va bugungi kunda hayotning molekulyar va genetik mexanizmlari, o'zgaruvchanlik va rivojlanish jarayonlari haqidagi juda ko'p bilimlarga qaramay, biz qo'yilgan savollarning birortasiga to'liq javob bera olmaymiz.

2-MAVZU. Bioinformatsion baʼzalar va ularning ahamiyati. NCBI va PDB bazalaridagi maʼlumotlar bilan tanishish.

Reja:

- 1. Bioinformatsion baʼzalar**
- 2. NCBI va PDB bazalaridagi maʼlumotlar bilan tanishish**

Biologiya sohasi tobora maʼlumotlarga boy fanga aylanib borgan sari, katta maʼlumotlar toʻplamlarini saqlash va ular bilan aloqa qilish zarurati tugʻiladi. Aniq misollarga – bu nukleotidlarning ketma-ketligi, oqsillar ketma-ketligi va rentgen kristallografiyasi, makromolekulyar **NMR markazi** tomonidan ishlab chiqarilgan oqsillarning 3D tarkibiy va tuzilish maʼlumotlarini oʻz ichiga oladi. Nukleotidlar ketma-ketligidan tashkil topgan bunday maʼlumotlar bazalari nuklein kislotalari ketma-ketligining bazalari deb nomlanadi.

3-MAVZU. Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi, BLAST dasturi.

Reja:

- 1. Biologik axborotlarni qayta ishlash dasturlari.**

2. BLAST va FASTA dasturlari

Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. O'simliklar, hayvonlar va odam genomining to'liq sekvenirlanishi natijasida olingan ma'lumotlar bioinformatika usullari orqali biotexnologiya, molekulyar biologiya, qishloq xo'jaligi va tibbiyot sohalarida keng miqyosda qo'llash uchun katta imkoniyatlar ochib bermoqda. Biroq genomning alohida elementlarining funktsional o'zaro bog'liklarini va ularning fenotipik belgilarini hamda alohida kasalliklarning patogenezi shakllanishidagi rolini tushunish uchun genomlarning faqatgina nukleotid ketma-ketliklari to'g'risidagi ma'lumotlar yetarli emas.

4-MAVZU. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. molekulyar filogenetika.

Reja:

- 1. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklarini aniqlash.**
- 2. Molekulyar filogenetika.**

Bugungi kunda kompyuterlar biologik tadqiqot ishlarini ajralmas qismi hisoblanadi. Kompyuterlar biologik xajmi o'sib borayotgan va murakkab ma'lumotlarni boshqarish ishlarida qo'o'lanilmoqda. Internet xalqaro tarmoqlarining paydo bo'lishi aloqa soxasida revolyutsiyani sodir etdi va "Xalqaro o'rgimchak to'ri" internet tarmoqlarining rivojlanishiga butun jaxonda asos soldi.

IV. AMALIY MASHG'ULOT UCHUN NAZARIY MATERIAL

1-amaliy mashg'ulot: Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.

Biologiya fan sifatida uchta muammo bilan qiziqadi: hayotning kelib chiqish mexanizmlari, uning o'zgaruvchanligi va evolyutsiyasi. Qolgan hamma narsa ushbu uchta global muammoni qamrab oladi va biz nimani o'rganishimizdan qat'iy nazar, biz yuqorida keltirilgan savollarga javob beramiz. Va bugungi kunda hayotning molekulyar va genetik mexanizmlari, o'zgaruvchanlik va rivojlanish jarayonlari haqidagi juda ko'p bilimlarga qaramay, biz qo'yilgan savollarning birortasiga to'liq javob bera olmaymiz.

2-amaliy mashg'ulot: Bioinformatsion ba'zalar va ularning ahamiyati. NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish.

Biologiya sohasi tobora ma'lumotlarga boy fanga aylanib borgan sari, katta ma'lumotlar to'plamlarini saqlash va ular bilan aloqa qilish zarurati tug'iladi. Aniq misollarga – bu nukleotidlarning ketma-ketligi, oqsillar ketma-ketligi va rentgen kristallografiyasi, makromolekulyar **NMR markazi** tomonidan ishlab chiqarilgan oqsillarning 3D tarkibiy va tuzilish ma'lumotlarini o'z ichiga oladi. Nukleotidlar ketma-ketligidan tashkil topgan bunday ma'lumotlar bazalari nuklein kislotalari ketma-ketligining bazalari deb nomlanadi.

3-amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi, BLAST dasturi. Mavzuning masqadi. UPGMA usulida filogenetik daraxt tuzish.

UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) – guruhdagi juftliklarni o'rtacha taqqoslanmagan hisoblash usuli bo'lib, uni ilk marotaba Sneath va Sokalning (1973) ishlarida ko'rish mumkin. UPGMA usuli asosida filogenetik daraxt qurish uchun bizga berilgan organizmlarning molekulyar ko'rsatkichlari zarur bo'ladi. Quyidagi jadvalda toshbaqa, odam, tunets balig'i, tovuq, tunlam, maymun va itning sitoxrom C oqsilidagi aminokislotalar orasidagi farq ko'rsatilgan.

2- amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. molekulyar

BLASTDA TAHLIL

Ishdan maqsad: 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.

KO'CHMA MASHG'ULOT MAZMUNI

Ko'chma mashg'ulot Samarqand davlat universiteti Biokimyo instituti laboratoriyalari, "SAG AGRO" MCHJ in vitro laboratoriyalarida o'tkaziladi.

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 yechimlari bo'yicha taklif berish qobiliyatini oshirish, eshitish, idrok qilish va mantiqiy xulosalar chiqarish);
- bahs va munozaralar (loyihalar yechimi bo'yicha dalillar va asosli argumentlarni taqdim qilish, eshitish va muammolar yechimini topish qobiliyatini rivojlantirish).

III. MODULNI O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA‘LIM METODLAR

FSMU METODI

Bu metod ta‘lim oluvchilarni erkin fikrlashga, o‘z fikrini himoya qilishga va boshqalarga o‘z fikrini o‘tkazishga, ochiq holda bahslashishga, bahs-munozara madaniyatiga, shu bilan bir qatorda, ta‘lim oluvchilar tomonidan o‘quv jarayonida egallangan bilimlarni tahlil etishga va o‘zlashtirish darajasini aniqlashga, baholashga o‘rgatadi.

Metod mashg‘ulotda o‘rganilayotgan mavzuning muhokamasi jarayonida unga doir masalalar bo‘yicha ta‘lim oluvchilar o‘z fikrlarini bayon qilishlari, shu fikrlarni asoslovchi sabablarni ko‘rsatishlari, ularni tasdiklovchi misollarni keltirishlari va pirovardida umumlashtiruvchi xulosalar chiqarishlarini o‘rgatish va mashq qildirish metodidir.

F – fikringizni bayon eting;

S – fikringizni asoslovchi sabab ko‘rsating;

M – ko‘rsatgan sababingizni tasdiqlovchi misol keltiring;

U – fikringizni umumlashtiring Metallar bilan metallmaslar o‘rtasida chegara qo‘yib bo‘lmaydi» fikrlaringizni FSMU metodi bo‘yicha bayon eting.

F- _____

S- _____

M- _____

U- _____

SWOT-TAHLIL METODI

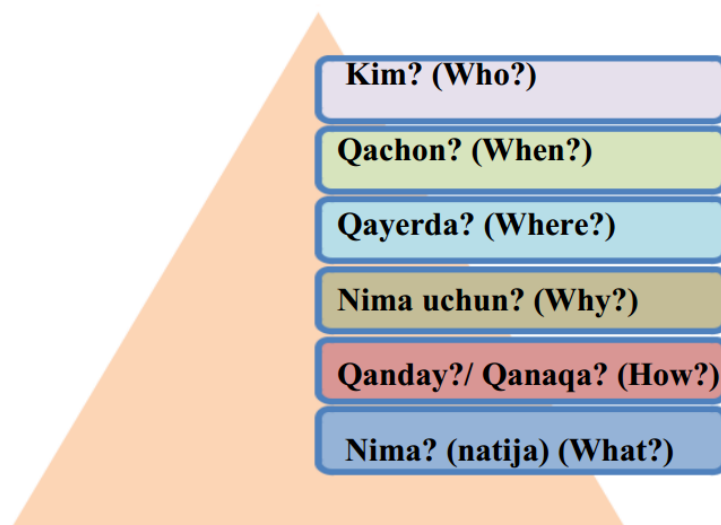
Metodning maqsadi: mavjud nazariy bilimlar va amaliy tajribalarni tahlil qilish, taqqoslash orqali muammoni hal etish yo‘llarni topishga, bilimlarni mustahkamlash, takrorlash, baholashga, mustaqil, tanqidiy fikrlashni, nostandart tafakkurni shakllantirishga xizmat qiladi.

S	kuchli tomonlari	
W	kuchsiz tomonlari	
O	imkoniyatlari (ichki	
T	amalda qo'llashdagi to'siqlar (tashqi	

KEYS-STADI METODI

«Keys-stadi» - inglizcha soʻz boʻlib, («case» – aniq vaziyat, hodisa, «study» – oʻrganmoq, tahlil qilmoq) aniq vaziyatlarni oʻrganish, tahlil qilish asosida oʻqitishni amalga oshirishga qaratilgan metod hisoblanadi. Keysda ochiq axborotlardan yoki aniq voqea-hodisadan vaziyat sifatida tahlil uchun foydalanish mumkin.

Keys harakatlari oʻz ichiga quyidagilar savollar boʻyicha faoliyatni qamrab oladi:



Keys bayoni. Ogayo shtatidagi Uolton-Xillzdagi zavodda yongʻin chiqdi. Binoda juda koʻp miqdordagi metallar: titan, poʻlat va magniy bor edi. Yongʻin yaqin atrofdagi yoqilgʻi quyish shoxobchasiga tarqalishidan qoʻrqib, yongʻinni suv bilan oʻchirishga qaror qilishdi. Natijada kuchli portlash yuz berdi, qizigan oq metal boʻlaklari har tomonga sochilib ketdi. Koʻzni qamashtiradigan olov

50 m balandlikka ko'tarildi, o't o'chiruvchilar yong'inni suv bilan o'chirishda davom etishdi.

Keys savoli. Bazalar bilan hozirgi hayot?

SINKVEYN METODI

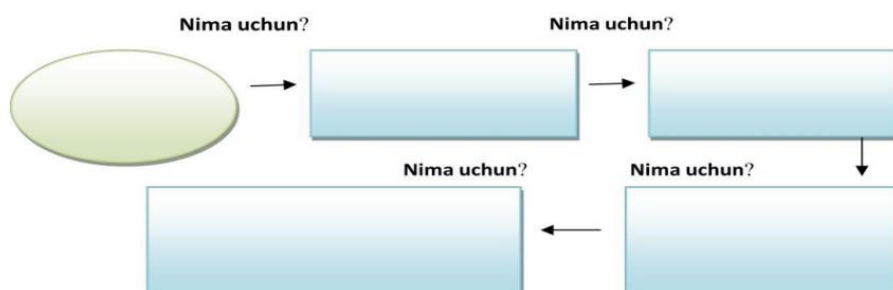
She'rning birinchi satri uning mavzusidir. U faqat bitta so'z bilan va albatta ot bilan ifodalanadi. Ikkinchi satr ikki so'zdan iborat bo'lib, asosiy mavzuni ochib beradi, uni tavsiflaydi. Bu sifatlar bo'lishi kerak. Kesimlardan foydalanishga ruxsat beriladi. Uchinchi qatorda fe'llar yordamida sinveyn mavzusi bo'lgan termin bilan bog'liq harakatlar tasvirlangan. Uchinchi qatorda uchta so'z bo'ladi. To'rtinchi satr endi so'zlar to'plami emas, balki tarkibiy qism mavzuga munosabatini bildiradigan butun iboradir. Bunday holda, u o'quvchi tomonidan mustaqil ravishda tuzilgan jumla yoki mavzu doirasida aniq ibora, maqol, so'z, iqtibos, aforizm bo'lishi mumkin.

Beshinchi qator - bu bitta so'z, bu xulosa: bu birinchi qatordagi so'z sinonimidir.

Oqsillar Katta, organic,Sintezlanadi, denaturaziya bo'ladi, to'planadi, Hujayrada qurilish material, Biopolimerlar

NIMA UCHUN? SXEMASI

«Nima uchun» sxemasi- muammoning dastlabki sabablarini aniqlash bo'yicha fikrlar zanjiri. Tizimli, ijodiy, tahliliy fikrlashni rivojlantiradi va faollashtiradi.



“IDROK XARITASI” METODI

«Idrok xaritasi» adabiyotda turli nomlar bilan uchraydi: «Idrok xaritasi», «Intellekt-xarita» - fikrlarni taqdim qilish va bog‘lash usuli bo‘lib, u ta’lim oluvchilarda tassavvur qilish va fikrlarni tizimlashtirish, o‘tganilayotgan mavzudagi bosh g‘oyalar yoki asosiy tushunchalarni, birlamchi tushunchalarni izohlashga yordam beruvchi ikkilamchi va uchlamchi g‘oyalar yoki tushunchalarni ajratish ko‘nikma va malakalarini shakllantirishga qaratilgan.

Taklif etilayotgan usul yangi bilim va axborotlarni konspektlashtirishning standart chizmasini ishlashga xizmat qiladi va darsning uzundan uzoq konspektini yozish yukidan xalos etadi.

Xaritani tuzish ta’lim oluvchiga:

- asosiy, ikkilamchi, uchlamchi (va h.k.) shoxchalar (chiziqlar) larni ishlatish

- hisobidan iyerarxik tartibda mavzuning asosiy g‘oyalarni strukturalashga;

- ravshan va rangli obrazlar orqali g‘oyani kuchaytirishga;

- ular orasidagi bog‘liqlikni namoyish etishga;

- rang, shrift razmeri, bo‘rttirish va h.k.lar bilan konsepsiyalarni ajratishga;

- maxsus belgilar yordamida g‘oyalarni baholash va izohlashga imkon beradi.

So‘nggi vaqtlarda «Case-study» (keyingi o‘rinlarda “Keys-stadi”) metodi xorijiy mamlakatlar ta’limi amaliyotida muvaffaqiyatli qo‘llanib kelinmoqda va bugungi kunda respublika ta’limida ham tobora ommalashib bormoqda. Shu sababli ayni o‘rinda ushbu metod (texnologiya)mohiyati haqida so‘z yuritiladi.

“Keys-stadi” ta’lim texnologiyasi va uning o‘ziga xosliklari “Keys-stadi” inglizcha case – aniq vaziyat, study – ta’lim so‘zlarining birikuvidan hosil qilingan bo‘lib, aniq vaziyatlarni o‘rganish, tahlil etish va ijtimoiy ahamiyatga ega natijalarga erishishga asoslangan ta’lim metodidir. Mazkur metod muammoli ta’lim metodidan farqli ravishda real vaziyatlarni o‘rganish asosida

aniq qarorlar qabul qilishga asoslanadi. Agar u o`quv jarayonida ma'lum bir maqsadga erishish yo`li sifatida qo`llanilsa, metod harakteriga ega bo`ladi, biror bir jarayonni tadqiq etishda bosqichma-bosqich, ma'lum bir algoritm asosida amalga oshirilsa, texnologik jihatni o`zida aks ettiradi.

Keys metodini amalga oshirish bosqichlari

1. Keys bilan tanishuv (individual)
2. Asosiy muamoni (o`quv muammosini) ajratib olish va o`rganish (individual va kichik guruhlarda)
3. G`oyalar yig`ish va muammoning maqbul yechimini tanlash, modellashtirish (kichik guruhlarda)
4. Keys yechimi uchun taklif etilgan g`oyalarni taqdimoti, tahlil va baholash (o`qituvchi va kichik guruhlar)
5. Keys yechimi va tavsiyalar (o`qituvchi, kichik guruhlar va individual)

Keys metodini amalga oshiruvchi o`qituvchi faoliyatining bosqichlari

1. Tayyorgarlik bosqichi;
2. Asosiy bosqich: keys-stadi metodini amalga oshirish;
3. Tahliliy, baholovchi bosqich.

1-bosqich: Tayyorgarlik bosqichi.

Auditoriyadan tashqarida bajariladigan murakkab ilmiy-tadqiqotchilik, uslubiy va konstruksiyalash faoliyatini o`z ichiga olib, o`qituvchi harakatlarining quyidagi izchilligi bilan bog`lik bo`ladi.

- Keysni yaratadi (agar tayyor keysdan foydalanilmasa);
- Ta`lim texnologiyasini loyhalashtiradi va rejalashtiradi;
- O`quvchilarni tayyorlaydi, ularning keys bilan mustaqil ishlashi uchun o`quv va uslubiy ta`minotini ishlab chiqadi.

2-bosqich: Asosiy bosqich: keys-stadi metodini amalga oshirish.

Asosiy bosqichda o`qituvchi harakatlarining izchilligi qo`yidagi tartibda amalga oshiriladi:

- O`quv mashg`ulotiga kirish;

- O`quv mashg`ulotining asosiy bosqichi;
- O`quv mashg`ulotining yakunlovchi-baholovchi bosqichi.

3-bosqich: Tahliliy baholovchi bosqich

Bu o`qituvchining auditoriyadan tashqari faoliyati bo`lib u quyidagi harakatlar izchilligidan iborat bo`ladi:

- O`tkazilgan mashg`ulot tahlili va baholanishi;
- Keysning ta`limdagi samaradorligini baholash;
- Ta`lim texnologiyasiga o`zgartirishlar kiritish (zarur bo`lganida).

O`quvchilar tomonidan keysni yechish bosqichlari:

Jahon tajribasi ko`rsatishicha, agar o`quvchilarning keysni hal etish texnologiyasi ikki bosqichdan iborat bo`lsa, ta`limiy maqsadlarga erishishda yanada ko`proq samaraga erishish mumkin:

Birinchi bosqich – keysni hal etish bo`yicha individual (auditoriyadan tashqari) ish.

- 1) Keys materiallari bilan tanishadi;
- 2) Taqdim etilgan vaziyatni o`rganadi, izohlaydi va asoslaydi;
- 3) Muammo va muammo osti muammolarni ajratadi, vaziyatni tadqiq va tahlil qilish usullarini tanlaydi;
- 4) Berilgan amaliy vaziyatni tahlil qiladi; ajratilgan muammoni hal etish usullari va vositalarini belgilaydi va asoslaydi;
- 5) Taklif etilgan qarorni amalga oshirish buyicha tadbirlarni ishlab chiqadi.

Ikkinchi bosqich – keys bilan birgalikda jamoa bo`lib (auditoriyada) ishlash.

- 1) Guruh a`zolarining vaziyat, asosiy muammolar va ularni hal etish yo`llari haqidagi turli tasavvurlarni muvofiqlashtirishadi;
- 2) Echimning taklif etilgan variantlarini muhokama qiladilar va baholaydilar, qo`yilgan muammo nuqtai nazaridan ushbu vaziyat uchun eng maqbul variantni tanlashadi;

3) Muammoli vaziyat echimiga olib keladigan tanlangan harakatlar yo`lini amalga oshirishning aniq qadamba-qadam dasturini batafsil ishlab chiqadilar:

4) Taqdimotga tayyorlanadilar va namoyish etiladigan materialni rasmiylashtirishadi.

Har o`qituvchi keys-stadiga asoslangan o`quv topshiriqlarining puxta asoslanishiga erisha olishi lozim. Keys topshiriqlarining amaliy-didaktik xarakterga ega bo`lishi uchun ularni ishlab chiqishda quyidagilarga e`tiborni qaratish talab etiladi:

1. Tahliliy ko`nikmalar (ma'lumotlarni axborotlardan ajrata olish, ularni turkumlashtirish, ma'lumotlarni zarur va nozarurga ajratish, tahlil qilish, taqdim etish; buning uchun shaxs aniq, mantiqiy fikrlay olishi kerak).

2. Amaliy ko`nikmalar (muammoning murakkabligidan kelib chiqib, real vaziyatni tahlil qila olish, eng muhim nazariya, metod va tamoyillarni qo`llay bilish).

3. Ijodiy ko`nikmalar (bunda mantiqiylik asosida vaziyat (muammo)ni yechish muhim emas, balki ijodiy yondashuv asosida muammoning bir necha yechimlarini topish va ularni tahlil qilish talab etiladi).

4. Muloqot ko`nikmalari (unga ko`ra o`quvchi bahs-munozara olib borish, o`z nuqtai nazarini himoya qilish, qaroriga boshqalarni ishontirish, juda qisqa va ishonarlihisobotni tayyorlash ko`nikmalarini o`zlashtira bilishi zarur).

5. Ijtimoiy ko`nikmalar (qarorni muhokama qilish jarayonida o`quvchilar boshqalarning xatti-harakatini tahlil qilish, boshqalarni tinglay bilish, bahsda o`zgalarning fikrlarini qo`llab-quvvatlash, ilgari surilgan fikrga qarama-qarshi fikrni bildirga olish va o`zini boshqara olishi lozim).

6. O`z-o`zini tahlil (bahs-munozara jarayonida o`zini tuta bilishi, boshqalarga namuna bo`lishi muhim).

“Zinama-zina” texnologiyasi

Texnologiyaning tavsifi. Ushbu mashg`ulot o`quvchilarni o`tilgan yoki o`tilishi kerak bo`lgan mavzu bo`yicha yakka va kichik jamoa bo`lib fikrlash

hamda xotirlash, o`zlashtirilgan bilimlarni yodga tushirib, to`plangan fikrlarni umumlashtira olish va ularni yozma, rasm, chizma ko`rinishida ifodalay olishga o`rgatadi. Bu texnologiya o`quvchilar bilan bir guruh ichida yakka holda yoki guruhlariga ajratilgan holda yozma ravishda o`tkaziladi va taqdimot qilinadi.

Texnologiyaning maqsadi. O`quvchilarni erkin, mustaqil va mantiqiy fikrlashga, jamoa bo`lib ishlashga, izlanishga, fikrlarni jamlab ulardan nazariy va amaliy tushuncha hosil qilishga, jamoaga o`z fikri bilan ta'sir eta olishga, uni ma'qullashga, shuningdek, mavzuning tayanch tushunchalariga izoh berishda egallagan bilimlarini qo`llay olishga o`rgatish.

**Texnologiyaning qo`llanishi:** ma'ruza (imkoniyat va sharoit bo`lsa), seminar, amaliy va laboratoriya mashg`ulotlarida yakka tartibda yoki kichik guruhlarda o`tkazish hamda nazorat darslarida qo`llanilishi mumkin.

Mashg`ulotda qo`llaniladigan vositalar: A-3, A-4 formatlarda tayyorlangan (mavzuni ajratilgan kichik mavzuchalar soniga mos) chap tomoniga kichik mavzular yozilgan tarqatma materiallar, flomaster (yoki rangli qalam) lar.

Mashg`ulotni o`tkazish tartibi:

- o`qituvchi o`quvchilarni mavzular soniga qarab 3-5kishidan iborat kichik guruhlariga ajratadi (guruhlar soni 4 yoki 5ta bo`lgani ma'qul);
- o`quvchilar mashg`ulotning maqsadi va uning o`tkazilish tartibi bilan tanishtiriladi. Har bir guruhga qog`ozning chap qismida kichik mavzu yozuvi bo`lgan varaqlar tarqatiladi;
- o`qituvchi guruh a'zolarin tarqatma materialda yozilgan kichik mavzular bilan tanishishlarini va shu mavzu asosida bilganlarini flomaster yordamida qog`ozdagi bo`sh joyiga jamoa bilan birgalikda fikrlashib yozib chiqish vazifasini beradi va vaqt belgilaydi;
- guruh a'zolari birgalikda tarqatma materialda berilgan kichik mavzuni yozma (yoki rasm, yoki chizma) ko`rinishida ifoda etadilar. Bunda guruh

a'zolari kichik mavzu bo'yicha imkon boricha to'laroq ma'lumot berishlari kerak bo'ladi.

- Tarqatma materiallar to'ldirilgach, guruh a'zolaridan bir kishi taqdimot qiladi. Taqdimot vaqtida guruhlar tomonidan tayyorlangan materialar, albatta, sinf doskasiga mantiqan tagma-tag(zina shaklida) ilinadi;

- O'qituvchi guruhlar tomonidan tayyorlangan materiallarga izoh berib, ularni baholaydi va mashg'ulotni yakunlaydi.

“Muzyorar” usuli

Muzyorar – muomaladagi tusiqlarni yengib o'tishga va o'zaro munosabatlardagi «muzni» yorishga qaratilgan mashqdir. Muzyorar, birinchidan, tanishuv jarayonini rivojlantiradi, ikkinchidan, ishtirokchilarni o'zini bimalol his qilishlariga yordam beradi.

Treninga kirish jarayonida har bir ishtirokchi o'zini tanishtiradi. Auditoriyadagilarning sonidan, kurs boshida umumiy kayfiyatidan va boshqa holatlardan kelib chiqib, trener quyidagi tanishuv usullarini tanlashi mumkin:

- Juftliklarda besh daqiqalik suxbat, so'ngra har bir ishtirokchi o'zining suhbatdoshini tanishtiradi va «Temir birikmalari»dan biror moddani tanlaydi. Masalan, qizil qon tuzi va qogozchaga ushbu modda formulasi va nomini yozadi.

- Qizil qon tuzi Fe_3O_4

- Doirada koptokcha bilan o'ynash - bunda qo'lga koptokcha tushgan har bir ishtirokchi o'z ismini hamda o'zi tanlagan birikma haqidagi ma'lumotni aytishi kerak bo'ladi.

- O'xshash va o'xshash bo'lmagan xususiyatlarini top. Agar trening vaqti kam chegaralangan bulsa, tanishuvning kengroq shakllaridan foydalanish mumkin. Masalan, trening ishtirokchilarini 5-6 ta ishtirokchidan iborat kichik guruhlariga bo'lib, har bir guruhga guruh a'zolarini o'zaro bog'laydigan 3 yoki 5 ta umumiy o'xshash xususiyatlarni yoki hammada har xil bulgan 3 ta xususiyatni topish topshirig'i beriladi. Bunda ligandlar bir xil, ichki sfera

zaryadi teng, tashki sferadagi ionlar bir xil, koordinatsion son o`zaro teng, va komplekslarning kristall tuzili shi va kimyoviy bog` tabiatini hisob ga olish mumkin. So`ngra guruhlar barcha guruh ishtirokchilarining ismini aytib, topshiriq natijasini taqdim etadilar.

Bu usul kam vaqtni oladi (har bir o`quvchiga 1-2 daqiqa), biroq undan 30 kishidan ko`p guruhlarda foydalanib bo`lmaydi. Bizda ular haqida axborot kam bo`lgan, ulardagi odamlar bir-birlarini yaxshi bilmaydigan guruhlar uchun yaxshi, biroq u har doim ham guruh a`zolarining yaxshi tanishishlariga kafolat bermaydi.

II. NAZARIY MASHG'ULOT MATERIALLARI

1-mavzu. Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni.

Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.

Reja:

1. Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni.

2. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari

1. Biologiya fan sifatida uchta muammo bilan qiziqadi: hayotning kelib chiqish mexanizmlari, uning o'zgaruvchanligi va evolyutsiyasi. Qolgan hamma narsa ushbu uchta global muammoni qamrab oladi va biz nimani o'rganishimizdan qat'iy nazar, biz yuqorida keltirilgan savollarga javob beramiz. Va bugungi kunda hayotning molekulyar va genetik mexanizmlari, o'zgaruvchanlik va rivojlanish jarayonlari haqidagi juda ko'p bilimlarga qaramay, biz qo'yilgan savollarning birortasiga to'liq javob bera olmaymiz. Aksincha, hayotni qanchalik ko'p o'rgansak, allaqachon o'rnatilgan va shubhasiz deb hisoblangan dogmalarning to'g'riligiga nisbatan ko'proq savol va shubhalar paydo bo'ladi. Hayotning kelib chiqishi haqida yagona kontseptsiyani shakllantirishning iloji bo'lmasa-da, Darvinning evolyutsiya nazariyasida muhim muammolar paydo bo'lgan, tirik tizimlarning o'zgaruvchanligi mexanizmlari va ularning evolyutsiya jarayonida roli haqida yagona nuqtai nazar mavjud emas.

Informatika fanining XX asrning ikkinchi yarmida paydo bo'lgan davrdan boshlab fizika-matematika, texnika, gumanitar va boshqa fanlarga ham tadbqiq 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, operatsion tezliklari oshdi, o'lchamlari kuchraytirildi hamda

biologiya sohasida information tahlillarni talab etuvchi katta miqdordagi eksperimental ma'lumotlar to'planib qoldi. Bunga misol qilib bir qancha davlat olimlari hamkorligida 2003 yildayoq odam genomining sekvenirlanishini bo'yicha olingan ma'lumotlarni keltirish mumkin. Shunday qilib, XXI asr boshlariga kelib bioinformatika sohasi jadal chegaralanib qolganligi hamda tobora ko'payib borayotgan axborot hajmini saqlash zaruriyati tug'ilganligi bilan bog'lanadi. Ilk ketma-ketliklari aniqlangan bir necha yuz oqsillar haqida ma'lumotlar kitob-atlas shaklida nashr qilindi. 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. 90-yillarda genomika fani paydo bo'la boshladi. Hozirgi kunga kelib bir qancha organizmlar, jumladan odam, sichqon, tovuq, qurbaqa, bir qancha baliq turlari, chuvalchanglar, yuzlab viruslar va bakteriyalar hamda yuzlab o'simlik turlarining genom ketma-ketliklari aniqlangan. Bakteriya genomining o'qilishi biologlar uchun Mendeleyevning 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 algoritmi 1970 yilda yaratildi. Kompyuterlar axborotlarni virtual ma'lumotlar bazasida saqlash va ular ustida yuqori tezlikda operatsiyalar o'tkazish imkonini berdi.

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 oqsillarning strukturalari, funksiyalari bo'yicha ma'lumotlarni tahlil qilish va tizimlashtirish uchun hisoblash algoritmlarini ishlab chiqishdir. DNK nukleotid 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 hujayrada yuz berayotgan biologik jarayonlarni tushunishning yangi darajasi shakllantirishga imkon beradi.

XX asrning ikkinchi yarmida hayot haqidagi fanlarning jadal rivojlanishi. biologiya sohasida ko'plab ajoyib kashfiyotlar olib keldi. Bu genetik kodning kashf etilishi va dekodlanishi, oqsil sintezining asosiy bo'g'inlari, tirik hujayradagi ko'plab metabolik jarayonlar va boshqalar. Odamlar, o'simliklar va hayvonlarning genomini ochish bo'yicha jadal ishlar boshlandi. Biz tirik hujayradagi jarayonlar haqida deyarli hamma narsani bilganga o'xshaymiz; qolgan narsa genomlarni dekodlash, ularning differentsiatsiyasi va rivojlanish jarayonlarini tushunish va yangi sun'iy genomlarni yaratishni boshlash, genomlarning nuqsonli bo'limlarini almashtirish, nazoratni o'z qo'limizga olish. gen faolligi va boshqalar. Bu vazifalarning barchasi to'plangan bilimlar asosida ob'ektiv ravishda qo'yiladi. Biroq, hayotning kelib chiqishi, uning xilma-xilligi va evolyutsiyasi haqida to'liq javob olmadik. Aksincha, tirik tizimlar haqidagi bilimimizni chuqurlashtirish va kengaytirish yangi va murakkabroq savollarga olib keladi. Va bu erda hech qanday paradoksal narsa yo'q - bu tabiatshunoslik rivojlanishining mantiqidir.

Tabiat aqlli savollarni yaxshi ko'radi, lekin har doim ularga javob berishga ikkilanadi, ahmoqona savollarga javob bermaydi. Shunday ekan, bugungi kunda tadqiqotchining asosiy kuchi va intellektual mahorati tirik tabiat oldiga savolni to'g'ri shakllantirish va qo'yish va unga sabr-toqat bilan kutish va javob izlash, buyuk postulatni unutmaslikdadir: savol nima, javob.

Tirik organizmlarni ikki asosiy xususiyati: – irsiyat va o'zgaruvchanlik, DNK ni nodir xossalarga asoslanadi. **DNK ni bu xossalari nimalar?** Birinchidan, **DNK molekulasi o'z-o'zidan tiklanish xususiyatiga ega.** O'z-

o'zidan ikkilanish yo'li bilan o'zini-o'zi tiklay oladigan yagona biologik makromolekula – bu DNK molekulasidir. Mana shu xususiyati tufayli DNK – hayotni barcha hujayrali shakllarida irsiy axborotlarni tashishdek o'ta mas'uliyatli vazifani bajaradi. Ikkinchidan, **har xil turlarni DNK molekulalari, gibridizatsiya uchrash imkoniyatiga ega** – har xil turlarining DNK zanjirini bo'lakchalari yagona ikkizanjirli DNK molekulasiga yig'ilishi mumkin.

DNK ni bu xususiyatlari, nanotexnologiya muammolari bilan shug'ullanadigan tadqiqotchi va muhandislarni e'tiborini o'ziga tortmasdan qolmadi. Albatta, DNK ni nafaqat tirik hujayralarda, balki undan tashqarida, ya'ni laboratoriya sharoitida (in vitro) ham namoyon bo'layotgan bunday xususiyatlari barchani hayratga solmasdan qo'ymaydi. Bunday xususiyatni asosida, o'ta tartibli ketma-ketlikda sodir bo'ladigan jarayonlar va hodisalar yotadi. Bu jarayon va hodisalarni mohiyatini tushunmasdan turib, ularni modellash hamda ularni in vitro va ishlab chiqarish sharoitida qaytarish mumkin emas.

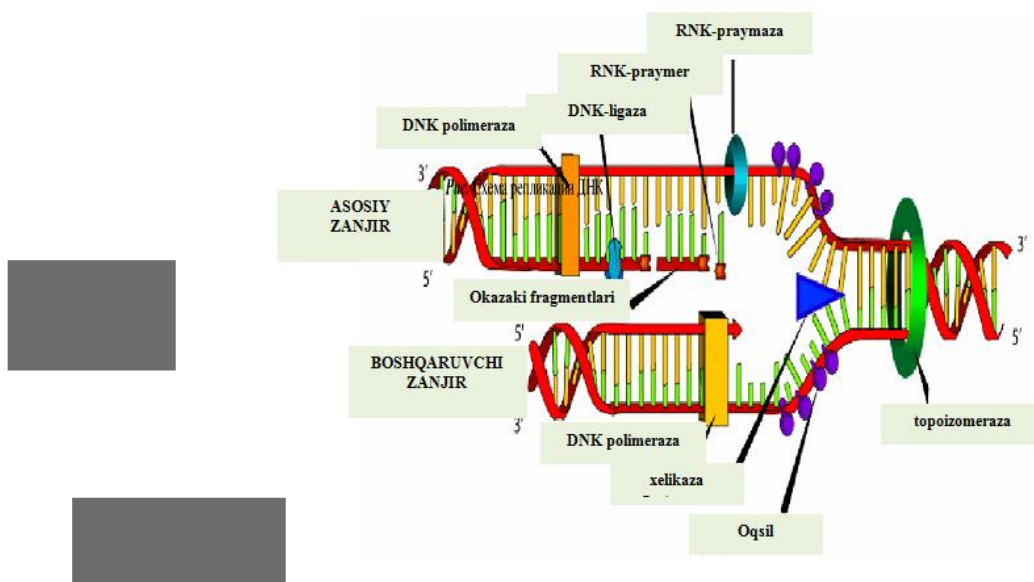
Tiriklikni o'z-o'zidan qayta tiklash muammosini tabiat qanday qilib yechdi? Qanday qilib DNK molekulasi o'zini-o'zi qayta tiklashi mumkin, boshqacha qilib aytganda, qanday qilib ona molekula qiz molekulani paydo qilishi mumkin? Mana shu o'z-o'zidan qayta tiklanish jarayonining asosida, DNK ni o'z-o'zidan ikkilanishi (autoreplikatsiya) yotadi. U quyidagicha amalga oshadi (42-rasm).

Maxsus fermentlar (topoizomeraza va xelikaza) DNK ni dastlabki (ona) molekulasini tarqatadilar va ikki polipeptid zanjirga ajratadilar. Ona DNK ni har bir zanjiri DNK-polimeraza fermenti yordamida, DNK ni yangi zanjirini yig'ish uchun matritsa bo'lib xizmat qiladi.

DNK-polimerazani o'ziga xos xususiyati shuki, u qiz DNK ni sintezini noldan boshlay olmaydi. DNK-polimeraza polinukleotid zanjirini 3¹-uchi bo'sh bo'lganda, ularga nukleotidlar qo'sha (ulay) oladi. Shuning uchun avval

boshqa ferment-RNK-praymaza, RNK-zatravka quradi va undan keyingina, DNK-polimeraza qiz zanjirini uzaytiradi (o‘stiradi). Bunda bitta qiz zanjir (yetakchi) to‘xtovsiz sintez bo‘lib turadi (42-rasm). Boshqa qiz zanjir (quloq) mayda fragmentlardan (Okazaki fragmentlaridan) yig‘iladi. Shundan keyin, DNKni bitta qiz va bitta ona zanjiri ulanib, DNKni qiz molekulasini hosil qiladi.

Nihoyat, tuzilishi ona DNK dan farq qilmaydigan ikki zanjirli qiz molekulalar paydo bo‘ladi. Ularni har biri, dastlabki ona DNK molekulasining bir zanjiridan va bitta yangi sintez bo‘lgan qiz zanjiridan tashkil topgan bo‘ladi (42-rasm). Bir avloddan keyingi avlodga, ona DNK molekulasidan faqat birgina zanjir o‘tadigan, DNK replikatsiyasini mexanizmi yarim konservativ mexanizm deb nom olgan.



1-rasm. DNK ni o‘z-o‘zidan ikkilanishi (autoreplikatsiya)

DNK molekulasining ikkinchi unikal xususiyati – gibridizatsiyalanish qobiliyati – uning strukturasi o‘ziga xosligiga asoslangan (2-bobga qarang). Har xil turlar (organizmlar) DNK molekulasini alohida zanjirlari qo‘shilib, yagona ikkizanjirli DNK molekulasini hosil qilishiga gibridizatsiya deb ataladi.

Agar har ikki zanjirdagi nukleotidlarni hammasi bir-biriga to‘liq komplementar bo‘lsa, qo‘shilish yengil va tez o‘tadi. Agar komplementarlik to‘liq bo‘lmasa, zanjirlarni bir-biriga qo‘shilishi va ikki zanjirli (dupleks)

molekula hosil qilish sekinlashadi. Mana shu qo‘shilishni tezligini baholash asosida, dastlabki zanjirlarni komplementarlik darajasi haqida xulosa qilinadi.

Barcha tirik organizmlarda faqat ikkizanjirli DNK faoliyat ko‘rsatganligi sababli, “qayerda va qanday sharoitda DNK ni bitta zanjiri hosil bo‘lishi mumkin?” – degan savol paydo bo‘ladi. In vitro (probirkada) sharoitidagi eksperimentlarda DNK ni alohida zanjirlari olingan. DNK molekulasini bufer eritmasida eritib 100 °C da qizdirilganda, komplementar asoslar orasidagi vodorod bog‘lari uziladi va DNK molekulasi ikki alohida polinukleotid zanjirga ajraladi (43-rasm). Bu jarayon DNK ni denaturatsiyasi (“erishi”) deb nom olgan.

Ikki har xil tipga mansub bo‘lgan DNK zanjirlarini arlashtirgandan keyin, eritmani sovutib, 65°C da ushlab turilsa, zanjirlar boshqadan bir-birlari bilan qo‘shilib, ikkizanjirli DNK hosil qiladi. Ikkilamchi spiralni qaytarilishi (gibridizatsiyasi yoki bu jarayon “otjig” deb atalgan) sodir bo‘ladi. Bunda gibrid molekulalar (duplekslar) ham har bir dastlabki turga spetsifik bo‘lgan molekulalar hosil bo‘ladi (43-rasm). Bir zanjirli DNK ni otjigining tezligini analiz qilish orqali, dastlabki DNK molekulalarini orasidagi farqni va o‘xshashlikni baholash mumkin. Mana shu usul asosida “DNK-DNK” tipidagi duplekslarni va “DNK-DNK” tipidagi birikmalarni shakllantirish mumkin.

1. DNKni strukturasini aniqlash (nukleotid ketma-ketligini) biologiya, tibbiyot, qishloq xo‘jaligi, arxeologiya, paleontologiya, kriminalistikada kundan-kunga keng ishlatilib kelinmoqda. DNK strukturasini aniqlash maxsus laboratoriya usullari yordamida olib boriladi va tadqiqot obyekti sifatida bir organizmdan ajratib olingan katta miqdordagi DNKni talab qiladi.

Agar tadqiqotchi ixtiyorida atigi bir necha yoki bitta DNK molekulasi bo‘lsa nima qilish kerak? 1983 yilgacha DNK ni strukturasini aniqlash muammosi hal qilinmagan edi. O‘sha (1983) yili amerikalik olim K. Myullis bu muammoni DNKni unikal xususiyatlari: o‘z-o‘zidan ikkilanish va

gibridizatsiyalanish xususiyatlaridan foydalanib, hal qilishga erishdi. K. Myullis – polimeraza zanjirli reaksiyani (PZR–polimeraznaya sepnaya reaksiya) amalga oshirdi va bu reaksiya asosida DNK molekulasini “nusxalanish” usuli yaratildi. Bu usulni ilmiy nomi nuklein kislotalarini amplifikatsiyasi (nusxa sonini ko‘paytirish) usuli deb ataladi. Bu usul tufayli bir necha soat davomida molekulalarni (genlar, DNK bo‘laklari) millionlab nusxalarini olish imkoni tug‘ildi. Nusxalar soni ko‘paygandan keyin, ularni oddiy laboratoriya usullari yordamida o‘rganish osonlashadi.

Amerikalik olim yaratgan PZR usullarini eslab o‘tishga urinib ko‘ramiz. Birinchi masala, bu usulni amalga oshirish uchun qanday birlamchi (dastlabki) komponentlar tayyorlash kerakligini aniqlash. Bunday komponentlarga quyidagilar kiradi:

- 1). DNK – matritsa – DNK molekulasi yoki uning bir qismi (bu virus yoki bakteriyani atigi birgina DNK molekulasi bo‘lish mumkin);
- 2). Praymerlar (20-30 juft nukleotiddan tashkil topgan, unchalik kattalikga ega bo‘lmagan fragmentlar). Bu praymerlar o‘rganiladigan genni oxirida joylashgan nukleotidlar ketma –ketligiga komplementar bo‘lish kerak. Praymerlar ikki maqsadga xizmat qiladi: birinchidan, erkin 3¹-uchli ketma-ketlik taqdim qilib, DNK – polimerazani ishga tushirib yuboradi; ikkinchidan, fermentni DNK ni faqatgina nusxalanishga tanlangan qismi doirasidagina ishlashga majbur qiladi, ferment faoliyatini ikki tomondan chegaralab qo‘yadi;
- 3). DNK ni yangi komplementar zanjirini sintez qilish uchun material hisoblangan nukleotidlar aralashmasi;
- 4). DNK – polimeraza fermenti;
- 5). Bufer eritmalar (Mg^{2+} , saqlagan reaksiya muhit, bu muhit fermentni faolligini ushlab turish uchun kerak).

Yana savol tug‘iladi: qanday qilib yuqorida keltirib o‘tilgan komponentlar aralashmasidan, 4-5 soat orasida birgina DNK molekulasidan trillionlab nusxa olish mumkin? Polimeraza –zanjirli reaksiya bir-biriga

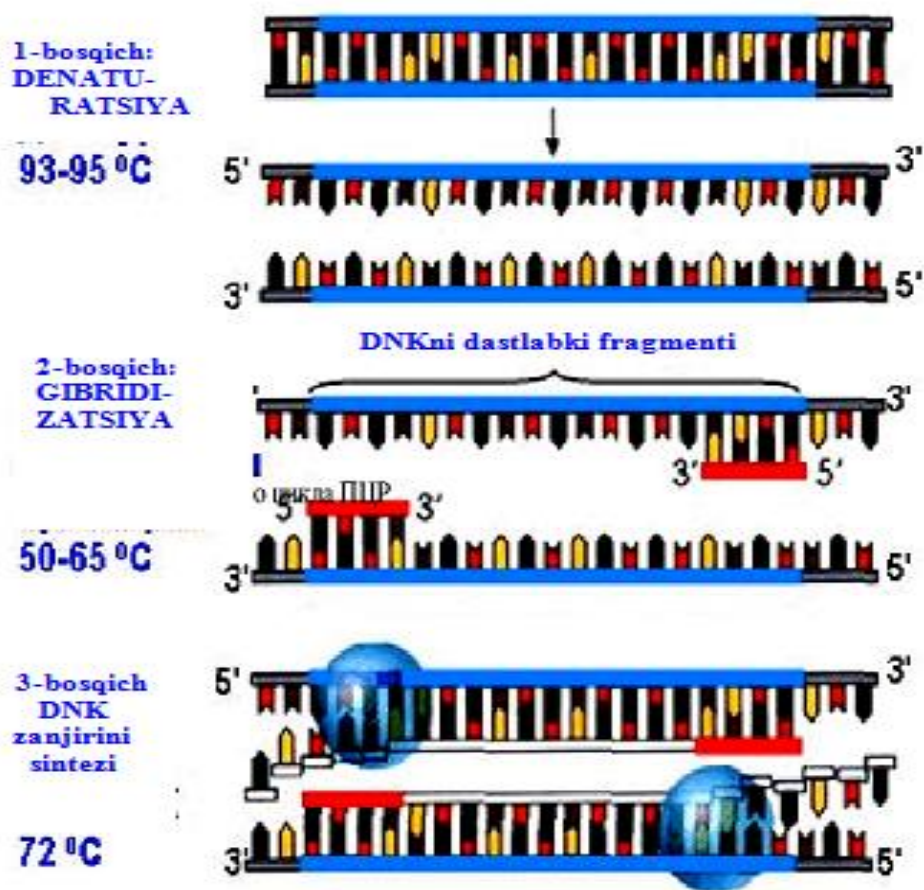
o'xshagan ko'plab sikllar (qaytarishlar) ko'rinishida o'tadi. Har bir sikl 3 bosqichda o'tadi (45-rasm).

1 – bosqich. DNK ni denaturatsiyasi (qo'sh bog'li spiralni, alohida polinukleotidlar zanjirlariga ajralishi). Bu jarayon 93-95 °C da 30-40 sekund davom etadi. Yuqori harorat ta'sirida azotli asoslar orasidagi vodorod bog'lari uziladi va DNK zanjirlari bir-biridan ajraladi.

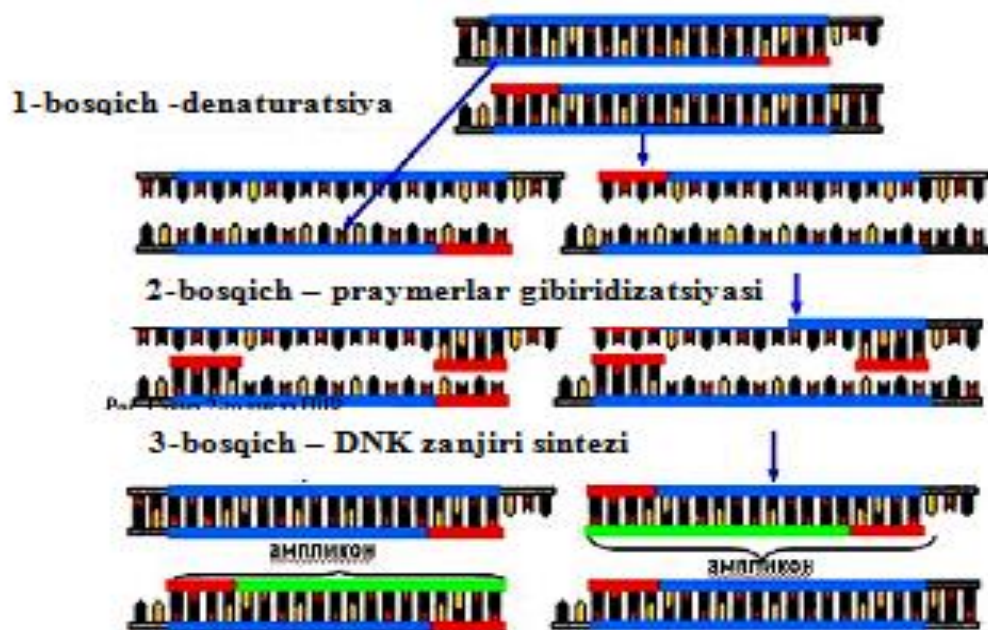
2 – bosqich. Praymerlarni bog'lash (gibridizatsiya). Harorat pasaytiriladi va praymerlar o'rganiladigan genlar chegarasidagi o'ziga komplementar bo'lgan DNK uchastkasi bilan bog'lanadilar. Gibridizatsiya 20 dan 60 sekundgacha davom etadi.

3 – bosqich. DNK zanjirini sintezi. Bu jarayon DNK – polimeraza yordamida amalga oshadi. Bu ferment, zatrovka sifatida praymerni 3¹-uchini ishlatadi. DNK – polimeraza doimo zanjirni 5¹ dan 3¹-uchga qarab tugab (cho'zilib) boradi. DNK ni yangi zanjirini sintezi uchun material bo'lib, eritmaga qo'shiladigan nukleotidlar xizmat qiladilar. Bu jarayon 70 -72 °C da o'tadi va 20-40 sekund davom etadi. PZR ni 1-sikli-oxirida, eritmada 2 ta ikki zanjirli DNK fragmentlari hosil bo'ladi. Ulardan har biri, 1 ta dastlabki zanjir va 1 ta yangi hosil bo'lgan praymer bilan bog'langan zanjirdan iborat bo'ladi. Ikkinchi siklda amplifikatsiyani yuqorida aks ettirilgan 3- bosqichni barchasi qaytariladi.

DNK zanjirini denaturatsiyasi amalga oshadi. Keyin to'rtta zanjirni har biri yana praymerlar bilan o'zaro munosabatga kirishadi va nihoyat qidiriladigan genga mos keladigan ikki tomondan chegaralangan fragment paydo bo'ladi. Bu fragmentlar – **amplikonlar** deb atalgan. PZR ni 2-siklini oxirida 2 ta amplikon paydo bo'ladi (1-rasm).

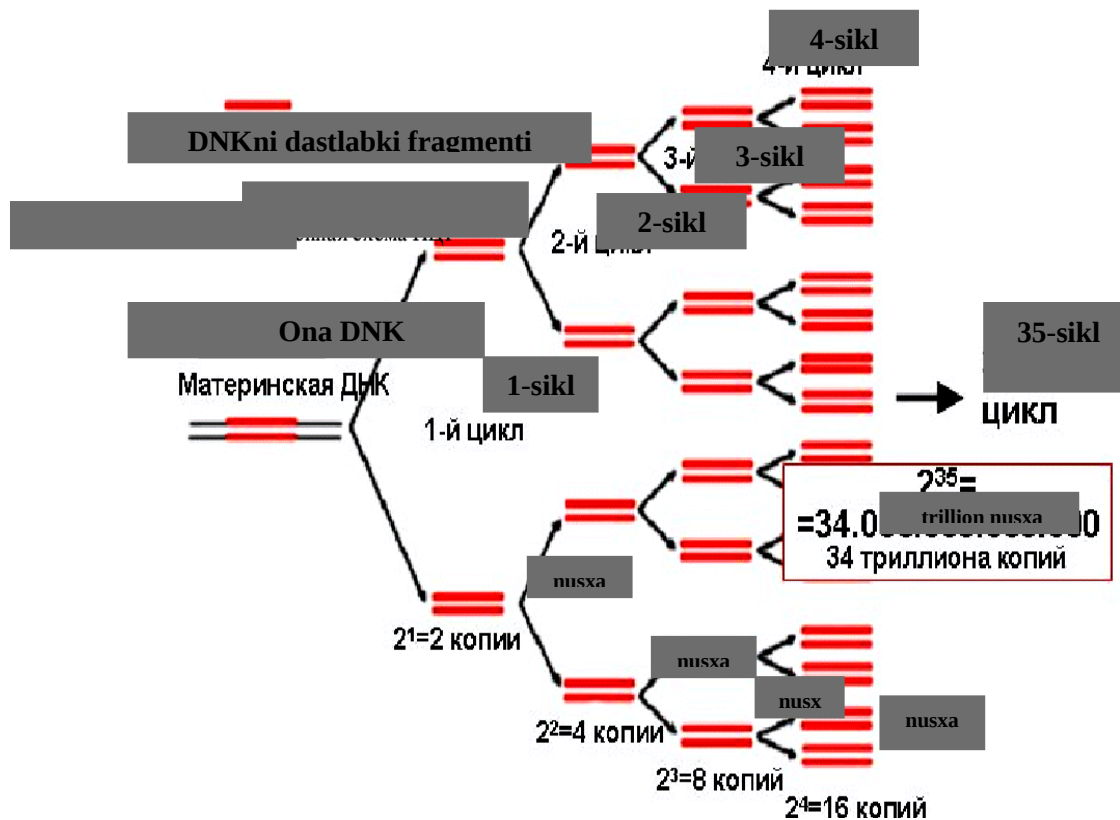


1-rasm. PZR ni birinchi siklini sxemasi



2-rasm. PZR reaksiyasining ikkinchi siklining sxemasi

PZR jarayoni zanjirli xarakteriga ega ekanligi bilan farq qiladi: sintez bo‘lgan ampikonlar, keyinchalik o‘zlari matritsa bo‘lib xizmat qiladi. Ularda nusxalanish jarayoni o‘tadi. Mana shuning uchun ham, har bir yangi siklda DNK nusxasini soni geometrik progressiya bo‘yicha oshib boradi (3-rasm).



3-rasm. PZR ni umumiy sxemasi



4-rasm. PZR o‘tkazishga mo‘ljallangan laboratoriya

DNK amplifikatsiyasi yordamida erishilgan natijalar, bu usulga fundamental xarakterga ega bo'lgan ilmiy tadqiqot ishlarida ham, amaliyotda foydalanishda ham ko'rinarli joyni egallash imkonini berdi. Hozirgi paytda PZR ko'plab virusli va bakterial kasalliklarni diagnostikumida keng ishlatilib kelinmoqda. Shuningdek, PZR kriminalistikada (shaxsni aniqlashda), veterinariyada (kasalliklarga tashxis qo'yishda), genetikada (genlarni faolligini aniqlashda), molekulyar biologiyada (nuklein kislotalar nusxalarini ko'paytirish uchun) keng ishlatilib kelinmoqda.

Shuning uchun ham, agarda dastlabki eritmada, boshida faqat 1 ta ikki zanjirli DNK molekulasi (masalan, qandaydir virusni DNK si) bo'lgan bo'lsa, 30-40 sikldan keyin (bu 4-5 soat vaqt egallaydi) eritmada kerakli darajada ko'p nusxa shakllangan bo'ladi. Bu esa, ularni oddiy laboratoriya usullari yordamida o'rganish imkonini beradi. Hozirgi paytda PZR maxsus laboratoriyalarda alohida dasturlangan termostatda (amplifikator) o'tkaziladi (48-rasm).

Berilgan dastur asosida, termostat avtomatik ravishda amplifikatsiya sikllarini soniga mos ravishda haroratni o'zgartiradi.

Biologiya bo'yicha tor ixtisoslashuv hozirgi vaqtda o'zaro darajadagi tadqiqotlarning biroz zaiflashishiga olib keldi va shu bilan evolyutsion-aholi darajasida eksperimental ma'lumotlarni tushunishda qiyinchiliklar paydo bo'ldi. Bu juda jiddiy kamchilik, chunki ulkan faktik materiallar, ayniqsa molekulyar genetik ma'lumotlar fonida o'rganilayotgan hodisalarning evolyutsion ma'nosi ko'pincha yo'qoladi. Rus fanining klassiklari, birinchi navbatda, I.V.Vernadskiy, N.I.Vavilov, N.K.Koltsov, S.S.Chetverikov va boshqalar kabi biolog olimlar har doim faktik materiallarni umumlashtirish va shu asosda fundamental xulosalar chiqarishga mohirlik bilan ajralib turishgan. Buning yorqin misoli N.I.Vavilovning ishidir. Yuz minglab namunalarni tashkil etgan dunyo o'simliklari genofondidan olingan materiallarni baholab, u turli sistematik toifalardagi o'zgaruvchanlikning homologiyasini ko'rdi va irsiy

o'zgaruvchanlikda homologik qatorlar haqidagi mashhur va juda muhim qonunni ishlab chiqdi. Keyinchalik, xuddi shu faktik materialdan foydalanib, N.I.Vavilov madaniy o'simliklarning kelib chiqish markazlarini aniqladi. To'plangan eksperimental materialni global va shuning uchun evolyutsion nuqtai nazardan ko'rish mahalliy biologlarga ko'plab ajoyib kashfiyotlar va bashoratlarni amalga oshirishga imkon berdi. N.K.Koltsovning shu asrning boshlarida biologik molekulalarning avtoko'payish tamoyili (DNK hali ma'lum emas edi) haqidagi bashorati asr o'rtalarida molekulyar biologiya va genetika asosini tashkil etdi va tabiatshunoslik tarixida inqilobiy voqea bo'ldi.

Bu an'analarni saqlab qolish juda muhim, chunki biologiyaning asosiy rivojlanish yo'nalishi (molekula - hujayra - organizm - populyatsiya) bilan bir qatorda boshqa fanlar bilan kesishgan joylarda ko'plab muammolar paydo bo'ladi. Bu holda olingan ma'lumotlarni sharhlash yanada murakkabroq va umumiy tabiiy ilmiy yondashuvlarni talab qiladi. Bunday fanlararo integratsiya dasturlariga quyidagi misollar keltirilishi mumkin:

1) katta vaqt oralig'ida tirik tizimlarga antropogen (radiatsiya, kimyoviy va boshqalar) ta'sirini baholash. Tabiiyki, bu muammoni o'rganish uchun biologlar, shifokorlar, fiziklar, kimyogarlar va boshqalarning sa'y-harakatlari zarur;

2) Sibir va Uzoq Shimolning kichik xalqlarining tibbiy-biologik va populyatsiya-genetik tadqiqotlari. Shimol xalqlarining kichik aholisi bilan vaziyat juda qiyin, ularni qutqarish uchun eng shoshilinch choralar ko'rish kerak. Ushbu muammo bo'yicha, shuningdek, birinchi, keng qamrovli fanlararo tadqiqotlar allaqachon boshlangan, shu jumladan RAS SB Sitologiya va genetika institutida;

3) inson genomining evolyutsiyasi va o'zgaruvchanligining bir necha jihatlarini o'rganish uchun bir necha ming yillik arxeologik namunalardan qadimgi DNKni o'rganish. Bunday dastur genetiklar tomonidan arxeologlar va paleontologlar bilan hamkorlikda amalga oshiriladi;

4) genomning tuzilishi va funktsiyalarini o'rganish uchun bioaxborot texnologiyalarini yaratish. Biologlar tomonidan matematiklar bilan birgalikda olib borilayotgan bu ish bugungi kunda ustuvor ahamiyat kasb etmoqda. Odamlar, hayvonlar va o'simliklar genomlarini dekodlash ko'p jildli genetik matnlar bo'lib, ularni faqat kompyuter dasturlari yordamida tushunish va genlarga mos keladigan bo'laklar holatiga keltirish mumkin. Ko'p yillar davomida NDU biologiya va matematika asoslarini teng darajada biladigan biomatematik tadqiqotchilarni tayyorlaydi. Bu sohadagi mutaxassislar eng yaxshi xorijiy laboratoriyalarda yuqori baholanadi.

2-MAVZU. Bioinformatics bazalar va ularning ahamiyati. NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish.

Reja:

1. Bioinformatics bazalar

2. NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish

1. Bioinformatics bazalar



Biologiya sohasi tobora ma'lumotlarga boy fanga aylanib borgan sari, katta ma'lumotlar to'plamlarini saqlash va ular bilan aloqa qilish zarurati tug'iladi. Aniq misollarga – bu nukleotidlarning ketma-ketligi, oqsillar ketma-ketligi va rentgen kristallografiyasi, makromolekulyar **NMR markazi** tomonidan ishlab chiqarilgan oqsillarning 3D tarkibiy va tuzilish ma'lumotlarini o'z ichiga oladi. Nukleotidlar ketma-ketligidan tashkil topgan bunday ma'lumotlar bazalari nuklein kislotalari ketma-ketligining bazalari deb nomlanadi.

Nuklein kislotalari ketma-ketligini saqlaydigan va ommaga taqdim etadigan uchta asosiy ma'lumotlar bazasi mavjud: GenBank, NCBI, EMBL, DDBJ. Ular nukleotidlarning ketma-ketlik bazalari deb nomlanadi, chunki ular

barcha nuklein kislotalari ketma-ketligining omboridir. Nukleotid ma'lumotlar bazasi GenBank, RefSeq, TPA va PDB kabi bir nechta bazalar to'plamidir. Genom, gen va transkripsiya ketma-ketligi ma'lumotlari biotibbiy tadqiqotlar va kashfiyot uchun asos bo'lib xizmat qiladi.

GenBank AQShda joylashgan bo'lib, NCBI portali orqali malaka oshiruvchilar foydalanishi mumkin. EMBL -Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi Buyuk Britaniyada va DDJB -Yaponiyaning DNK ma'lumotlar bazasi, Yaponiyada joylashgan. Uchalasi ham nukleotidlar ketma-ketliklarini qabul qilishadi, so'ngra ular orasidagi optimal sinxronizatsiyaga erishish uchun har kuni yangi va yangilangan ma'lumotlarni almashadilar. Ushbu uchta ma'lumotlar bazasi asl ketma-ketlik ma'lumotiga ega bo'lganligi uchun birlamchi ma'lumotlar bazasiga birikadi -INSDC va ular Sequence Read Archive -SRA bilan hamkorlik qiladi, u yuqori o'tkazuvchanlikdagi ketma-ketliklaridan olingan ma'lumotlarni arxivlaydi. GenBankning ketma-ket ma'lumotlar bazasi ochiq foydalanish, barcha ommaga ma'lum bo'lgan nukleotidlarning izohli to'plami va ularning proteinli tarjimalaridan iborat. Ushbu ma'lumotlar bazasi nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi -INSDC bilan hamkorlik qilish doirasida Milliy biotexnologiya ma'lumotlari markazi -NCBI tomonidan ishlab chiqiladi va saqlanadi. Dunyo bo'ylab laboratoriyalarda 100000 dan ortiq alohida organizmlardan ishlab chiqariladigan ketma-ketliklarni jamlaydi. GenBank biologik sohalarda tadqiqotlar olib borish uchun muhim ma'lumotlar bazasiga aylandi va so'nggi 18 yilda har ikki oyda ikki baravar ko'payib, geometrik progressiv o'sdi.

b. EMBL (Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi). Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi-EMBL. Nukleotidlarning ketma-ketligi to'g'risidagi ma'lumotlar bazasi – Yevropa bioinformatika institutida -EBI saqlanadigan birlamchi nukleotidlarning ketma-ket to'plamini saqlaydi.

Ma'lumotlarni genomlarni sekvenirlash markazlaridan, alohida olimlardan va patent idoralaridan oladi.

c. DDBJ-Yaponiya DNK ma'lumotlar banki. U Yaponiyaning Shizuoka prefekturasidagi Milliy Genetika Institutida -NIG joylashgan. Bu Osiyodagi yagona nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar banki hisoblanadi. Garchi DDBJ o'z ma'lumotlarini asosan yapon tadqiqotchilaridan qabul qilsa-da, u har qanday boshqa mamlakatlarning tadqiqotchilaridan ma'lumotlarni qabul qilishi va taqdim etishi mumkin.

Ko'pgina ikkilamchi ma'lumotlar bazalari shunchaki GenBank yoki EMBL kabi birlamchi ma'lumotlar bazalarining biridan yoki ikkinchisidan ajratib olingan kichik to'plamdir. Boshqa ikkilamchi ma'lumotlar bazalari ham mavjud bo'lib, ular hech qanday ketma-ketlikni taqdim etmaydilar, ularda ketma-ketliklarning ma'lumotlar bazalarida to'plangan ma'lumotlar mavjud.

a. Omniome ma'lumotlar bazasi: Omniome ma'lumotlar bazasi TIGR Genomik tadqiqotlar instituti tomonidan qo'llab-quvvatlanadigan keng qamrovli mikrobial manbadir. U nafaqat har bir genom uchun o'rganib chiqilgan ketma-ketligi va izohiga ega, balki organizmlar, taksonlar DNK molekulalarining tuzilishi, tarkibi va DNK ketma-ketligidan bashorat qilingan boshqa protein tarkibi atributlari to'g'risidagi ma'lumotlarga egadir. Ushbu ma'lumotlar bazasiko'p genomli izlanishlar va tahlillar ishlarini osonlashtiradi, masalan, turli xil genomlardagi oqsillar va genlarning joylashish holatini taqqoslash ishlarida qo'llaniladi.

b. FlyBase ma'lumotlar bazasi: Konsorsium *D. Melanogaster* meva pashshasi misolida va uning barcha genomini yuqori to'liqlik va sifatga ko'ra ajratib beradi.

c. ACEDB: Bu nafaqat ketma-ketlikni, balki genetik xaritalar, shuningdek, *C. Elegans* nematoda qurti haqidagi fenotipik ma'lumotlarning ham omboridir.

DDBJ-MA'LUMOTLAR BAZASI -YAPONIYA



DNA Data Bank Japan- Yaponiya DNK ma'lumotlar bazasi

bo'lib, turli genlar va organizmlar bilan bog'liq nukleotid ketma-ketliklar haqida ma'lumotga ega bo'lgan elektron resurslar bazasidir (*2-rasm*). DDBJ markazi INSDC a'zosi sifatida nukleotid natija ma'lumotlarini to'playdi.

DDBJ ma'lumotlar bazasining tashkillashtirilishi:

- ✓ 1980 EMBL ma'lumotlar kutubxonasi tashkil etildi va Yaponiya davlatidan nukleotid
- ✓ ma'lumotlar banki uchun xalqaro hamkorlikni so'radi.
- ✓ 1982 EMBL va GenBank xalqaro hamkorlikni boshladi, ma'lumotlar bankida ishtirok etish uchun Yaponiya davlatiga xamkorik taklif qilishdi.
- ✓ 1983 xalqaro ma'lumotlar banki uchun hissa qo'shish maqsadida nukleotid ma'lumotlarini to'plash, baholash va tajriba ma'lumotlarini yuklash boshlandi.
- ✓ 1984 NIG, Genetika Milliy instituti universitetlararo ilmiy-tadqiqot instituti sifatida qayta tashkil etildi. DDBJ NIG tarkibida ishlay boshladi.



5-rasm. DDBJ ma'lumotlar bazasi oynasining umumiy ko'rinishi.

- ✓ 1986 DNKning ma'lumotlar bazasi maslahat qo'mitasi tashkil etildi.
- ✓ 1987 DDBJ mustaqil bo'ldi va DDBJ ma'lumotlar bazasi operatsiyasining rasmiy boshlanishi deb hisoblanadi.
- ✓ 1995 DDBJning yanada samarali faoliyati uchun, CIB axborot Biologiya markazi NIG tashkil etildi.
- ✓ 2001 CIB, CIB-DDBJ sifatida qayta tashkil etildi, Yaponiya axborot Biologiya va DNK ma'lumotlar banki markaziga aylandi.
- ✓ 2005 DDBJ, EMBL, GenBank o'zaro hamkorlikni kuchaytirish maqsadida kelishib yagona Xalqaro nukleotid ketma-ketlik ma'lumotlar bazasi-INSDC ni tashkil qilishdi.
- ✓ 2009 yilda DDBJ fakulteti xodimlari xizmati bilan DBCLS va DDBJ hamkorlik yanada kuchaygan.

DDBJ ma'lumotlar bazasi molekulyar biologiya yuzasidan boshqa ma'lumotlar bazasi bilan a'loqada xamkorik qiladi:

<i>DNK ma'lumotlar bazasi:</i>	☐ DDBJ / EMBL / GenBank ☐ MGA
<i>Proteinlar bazasi:</i>	☒ UniProt ☐ PDB ☐ DAD ☐ Patent

U quyidagi xizmatlarni taqdim etadi (3-rasm):



Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasini yaratish uchun hamkorlik doirasi.

1980-yillarning boshidan boshlab DDBJ nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar bazalaridan biri sifatida, shu jumladan Yevropada EMBL-Bank / EBI va AQShda GenBank / NCBI a'zosi sifatida faoliyat ko'rsatmoqda. 2005 yilda DDBJ, EMBL-Bank va GenBank o'zaro hamkorlikni INSDC deb atashni kelishdilar.

DDBJ, EMBL va GenBank tomonidan birgalikda boshqariladigan xalqaro ketma-ketlik ma'lumotlar bazalariga ma'lumotlarni taqdim etgan shaxslar quyidagilarni bilishlari kerak:

INSD o'zlarining ma'lumotlar bazalarida mavjud bo'lgan barcha gen annotasiyalariga bepul va cheklovsiz kirishning yagona siyosatiga ega. Dunyo miqyosidagi olimlar ushbu annotasiyalardan tajribalarni rejalashtirishda yoki tahlillarni nashr qilish uchun foydalanishlari mumkin. Ilmiy nashrlarni chop etishda ilmiy adabiyotlardan foydalangan holda, ilmiy izlanishlar asl nusxasini keltirish lozim bo'ladi.

INSD ma'lumotlariga kirishni cheklaydigan, ushbu annotasiya ma'lumotlardan foydalanishni cheklaydigan yoki ular asosida nashrlarning ayrim turlarini taqiqlangan annotasiyalarni o'tkazib bo'lmaydi. Xususan, foydalanish bo'yicha cheklovlar yoki litsenziyalash talablari ketma-ketlik ma'lumotlari annotasiyalarga kiritilmaydi va ma'lumotlar bazasini qayta taqsimlash yoki undan foydalanishda cheklovlar yoki litsenziyalash to'lovlari bo'lmaydi. INSD-ga taqdim etilgan barcha ma'lumotlar bazalari annotasiyalar ilmiy nashrlar bazasiga bog'langan bo'ladi. Xatolarni tuzatish va mualliflar tomonidan annotasiyalarning yangilanishi qabul qilinadi va noto'g'ri annotasiyalar bazaning keyingi nashridan olib tashlanishi mumkin, ammo barchasi kirish raqami orqali doimiy ravishda saqlanib qoladi. Taqdim etuvchilarga INSD tomonidan qo'llab-quvvatlanadigan veb-saytlarda aks ettirilgan ma'lumotlar keng jamoatchilikka oshkor qilinishi tavsiya etiladi.

Ma'lumotni topshirish huquqiga ega ekanliklarini aniqlash uchun yuboruvchilar javobgar hisoblanadi.

Cheklangan tahririyat nazorati va ba'zi ichki ekspert tekshiruvlaridan tashqari, masalan, INSD formatlaridan to'g'ri foydalanish va CDS yozuvlarida ko'rsatilgan kodlash hududlarining tarjimasi tekshirish o'tkaziladi, yozuvning sifati va aniqligi ma'lumotlar bazasi emas, balki taqdim etuvchi muallifning zimmasiga yuklanadi. Ma'lumotlar bazalari iloji boricha sifatli manbaga erishish uchun ma'lumotlar bazasi taqdim etuvchilari va foydalanuvchilari bilan ishlaydi.

DDBJ markazi rasman tadqiqotchilar tomonidan nukleotid ketma-ketliklar to'plash va ma'lumotlar jamlash uchun tasdiqlangan halqaro baza hisoblanadi. DDBJ markazi har kuni ENA/EBI va NCBI bilan chiqarilgan ma'lumotlarni almashtirganligi sababli, uchta ma'lumot markazi har qanday vaqtda deyarli bir xil ma'lumotlarni o'zaro almashadi. Deyarli yagona ma'lumotlar bazasi INSD deb ataladi. DDBJ asosan yapon tadqiqotchilari tomonidan natija ma'lumotlarni to'playdi, Yapon tadqiqotchilarining INSD ma'lumotlarining 99% DDBJ orqali taqdim etiladi. Patent arizalariga ko'ra tegishli nukleotid va aminokislotalar ketma-ketligi ma'lumotlarini taqdim etish:

INSD Yaponiya, Koreya, Yevropa va AQShda Patent idoralari tomonidan to'plangan patent- mualliflik ixtirolari ilovalar bilan bog'liq nukleotid natija ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. DDBJ markazi, shuningdek, Yaponiya va Koreyada patent idoralari tomonidan to'plangan patent ilovalar bilan bog'liq aminokislotalar natija ma'lumotlarni beradi.

EMBL-TADQIQOT MARKAZI VA MA'LUMOTLAR BAZASI – YEVROPA.

EMBL-tadqiqot markazi va ma'lumotlar bazasi haqida umumiy ma'lumot. EMBL -1974 yilda tashkil topgan, tirik tabiat haqidagi fanlar bo'yicha Yevropaning yetakchi laboratoriyalari-molekulyar biologiya

spektrlarini qamrab oluvchi 80 dan ortiq mustaqil tadqiqot guruhlari bo'lgan hukumatlararo tashkilot (**1-rasm**) hisoblanadi. EMBL-tadqiqot markazi va ma'lumotlar bazasi oltita saytlar hamjihatligida ishlaydi: Heidelberg, Barselona, Gamburg, Grenobl, Rim va EMBL-EBI Xinxton.

Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi –EMBL dunyodagi yetakchi ilmiy-tadqiqot institutlari va Yevropaning tirik tabiat haqidagi ilm-fan laboratoriyalari jamlanmalaridan biridir. EMBL Yevropa bo'ylab oltita markaz va uning saytlardan foydalanib ishlaydi:

1. Heidelberg, Germaniya* – asosiy laboratoriya;
2. Xinxton, Buyuk Britaniya* – Yevropa bioinformatika instituti (EMBL-EBI);
3. Grenobl, Fransiya* – struktur biologiya bo'yicha tadqiqotlar va xizmatlar;
4. Gamburg, Germaniya* – struktur biologiya bo'yicha tadqiqotlar va xizmatlar;
5. Rim, Italiya* – epigenetika va neyrobiologiya;
6. Barselona, Ispaniya* – to'qima biologiyasi va kasalliklarni modellashtirish.



Heidelberg
BOSHQA JOYLAR ▾

IzlanishlarXizmatlarO'qitishIshlarBiz haqimizdaXayriya qilingXodimlar xizmatlariIntranetQ

Geydelbergda olib borilgan tadqiqotlar

Hujayra biologiyasi va biofizikasi

Rivojlanish biologiyasi

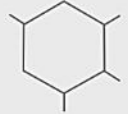
Rejissorlarning tadqiqotlari

Genom biologiyasi

Strukturaviy va hisoblash biologiyasi

Fanlararo tadqiqotlar


EMBL-DA BIOINFORMATIKA >


EMBL-DA KIMYO >


EMBL-DA FIZIKA VA MUHANDISLIK >


EMBL-DA MATEMATIKA VA STATISTIKA >


EMBL MARKAZLARI >

6-rasm. EMBL-ma'lumotlar bazasi oynasining umumiy ko'rinishi.

EMBL boshqaruvi. EMBL – tirik tabiat bilan bog'liq bolgan fanlar bo'yicha fundamental tadqiqotlarga ixtisoslashgan hukumatlararo tashkilot bo'lib, 20 dan ortiq a'zo davlatlarning, shu jumladan, Yevropa va Isroilning, shuningdek, ikkita assotsiatsiyalashgan a'zo bo'lgan Argentina va Avstraliyaning jamoat tadqiqot markazlari tomonidan moliyalashtiriladi. EMBLni Bosh direktor, hozirda EMBL Kengashi tomonidan boshqaruvchi organ tomonidan tayinlangan professor Edit Xard boshqaradi. Kengash tarkibiga barcha a'zo va unga a'zo bo'lgan davlatlar vakillari kiradi. EMBL missiyasining asosiy funksiyalari quyidagilardan iborat:

- molekulyar biologiyada asosiy tadqiqotlarni o'tkazish;
- o'rgatish, barcha darajadagi olimlar, talabalar va yangi a'zolarga, tirik tabiat haqidagi bilimlarni o'rgatish
- a'zo davlatlar olimlariga xizmatlarni taklif qilish, tirik tabiat bilan bog'liq bo'lgan hamma ma'lumotlar yuzasidan xizmat ko'rsatish
- yangi vositalar va usullarni ishlab chiqish;
- texnologiyalar transferida faol ishtirok etish;
- Yevropa ilmiy tadqiqotlarini birlashtirish, zamonaviy biologiya soxasidagi hamma ilmiy tadqiqot ishlarini birlashtirish

EMBL-dagi mavjud tadqiqotlar. EMBL-da olib borilgan tadqiqotlar biologik tashkilotlarning ko'p darajalarida, molekuladan organizmgacha, shuningdek, hisoblash biologiyasi, bioinformatika va tizimlar biologiyasida eksperimental tahliliga urg'u beradi. Tadqiqotlar molekulyar biologiya spektrini qamrab oluvchi 80 dan ortiq mustaqil guruhlar tomonidan olib borilmoqda. EMBL xalqaro, innovatsion va fanlararo o'zaro hamkorlikni tashkil qilgan. Uning ko'pgina mamlakatlardan kelgan 1700 dan ortiq xodimlari bioinformatika, genomika, biologiya, fizika, kimyo va informatika fanlarini o'z ichiga oladi.

Ilmiy xizmatlar haqida. EMBL tomonidan taqdim etiladigan xizmatlar quyidagilardan iborat:

biomolekulyar ma'lumotlar bazalari va bioinformatika vositalari, xususan EMBL-EBI;

Gamburg va Grenoblda struktura biologiyasi uchun texnologik jihozlar va yuqori o'tkazuvchanlik texnologiyalari bilan ta'minlash;

o'rnatish yoki saqlash uchun qimmatga tushadigan yoki katta xarajatlarni talab qiladigan usullar va texnologiyalardan tejamkor va samarali usullardan foydalanishni ta'minlash.

EMBL-EBI Foydalanish shartlari.

1. EMBL-EBI vakolati bilan shaffof ravishda ilm-fanni tadqiqotlarini targ'ib qiladi, bu biologiya sohasidagi ilmiy tajribalardan olinadigan eng keng jamoatchilikka taqdim etiladigan ma'lumotlar bilan bog'liq bo'lgan bepul onlayn xizmatlar, ma'lumotlar bazasi va dasturiy ta'minotni taqdim qilishni o'z ichiga oladi. Olimlar tomonidan yaratilgan ilmiy ma'lumotlar taqdim etilganda, taqdim etilgan ma'lumlardan foydalanishga hech qanday cheklovlar qo'yilmaydi.

2. EMBL-EBI ilg'or ilmiy amaliyotga muvofiq har qanday onlayn xizmatlar, ma'lumotlar bazalari yoki dasturiy ta'minotga kiritiladi va nashrlarda yoki mahsulotlarda aks ettirilishini talab qiladi. Kutilayotgan natijalar tegishli veb-sahifada ko'rsatiladi.

3. EMBL-EBI-ga uning onlayn-xizmatlarida taqdim etilgan har qanday ma'lumot maxfiy hisoblanmaydi.

4. Barcha ilmiy ma'lumotlar ma'lum vaqt oralig'ida saqlanadi va ma'lumotlar turiga mos ravishda taqdim etiladi, masalan kirish ma'lumotlari kirish qo'mitasi tomonidan ko'rib chiqilishi kerak bo'lgan olimlar ma'lumotlari, ma'lum vaqtgacha nashr etishdan oldin taqiqlangan.

5. EMBL-EBI tomonidan saqlanadigan shaxsiy ma'lumotlar qonun yoki sud tartibga soluvchi buyruq talab qilgan hollardagina alohida holatlarda

oshkor etiladi. EMBL-EBI ma'lum bir dasturiy ta'minot yoki ma'lumotlar bazalaridan biron-bir shaxsning foydalanishi uchun jamoat tashkilotlariga taqdim qilishi mumkin.

6. OpenScience-dagi majburiyati saqlab qolgan holda, ushbu foydalanish shartlarini istalgan vaqtda yangilash huquqini saqlab qoladi. O'zgarishlar muqarrar bo'lgan taqdirda, veb-saytlarga xabar yuborish orqali har qanday o'zgarishlar to'g'risida oqilona xabar berishga harakat qiladi, va ushbu o'zgarishlarni veb-saytdan foydalanganda tekshirib ko'rish mumkin bo'ladi. Eng yangi qayta o'zgarishlar, 'EMBL-EBI foydalanish shartlari' sahifasida ko'rinadi.

7. Ushbu foydalanish shartlariga tegishli har qanday savol yoki izohga quyidagi manzilga murojaat qilish mumkin: Administrator, EMBL-EBI, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton CB10 1SD

Onlayn xizmatlar.

1. EMBL-EBI onlayn xizmatlaridan foydalanuvchilar EMBL-EBI kompyuterlari, fayllari yoki tarmoqlaridan tashqari xizmat ko'rsatish interfeyslaridan foydalanishga urinmaslikka kelishib olishgan.

2. EMBL-EBI veb-saytlari cookie-fayllardan veb-sayt tajribangizni shaxsiylashtirishga imkon beradigan onlayn afzal ko'rganlaringiz haqidagi ma'lumotlarni yozib olish uchun foydalanadi. Siz veb-brauzeringizdan cookie fayllaridan foydalanishni boshqarishingiz mumkin, lekin agar siz EMBL-EBI veb-saytlaridan cookie-fayllarni qabul qilmasangiz, veb-saytning barcha xususiyatlaridan to'liq foydalana olmaysiz. Turli xil veb-brauzerlarda cookie fayllarini qanday boshqarish va EMBL-EBI va uchinchi tomon cookie fayllarining to'liq ro'yxati – <https://www.ebi.ac.uk/about/cookie-control/> ga qarang.

3. EMBL-EBI ushbu onlayn xizmatlarning uzluksizligini ta'minlash uchun barcha imkoniyatlarni ishga soladi va har qanday o'zgarishlar yoki uzilishlar to'g'risida tegishli ogohlantirishni ta'minlaydi. Shu bilan birga,

EMBL-EBI xizmat vaqtincha yoki doimiy to'xtab qolishining oqibatlari uchun javobgarlikni o'z zimmasiga olmaydi.

4. EMBL-EBI onlayn xizmatlaridan boshqalarga xizmat ko'rsatadigan EMBL-EBIning oldini oladigan yoki oldini oladigan darajada foydalanishga har qanday urinish foydalanishni bloklashga olib keladi. EMBL-EBI foydalanuvchini ularning ehtiyojlarini va qanday qilib ularni boshqa manbalardan olish mumkinligini muhokama qilish uchun murojaat qiladi.

5. EMBL-EBI veb-sahifalarida ishlaydigan dastur har qanday shaxs tomonidan veb-sahifada alohida istisnolar ko'rsatilmagan hollardagina istalgan maqsadlarda foydalanilishi mumkin. EMBL-EBI-ning veb-sahifalari orqali (to'g'ridan-to'g'ri yoki uchinchi tomon bazalari orqali) yuklab olish uchun taqdim etilgan har qanday dasturning shaxsiy litsenziya shartnomasi mavjuddir.

6. EMBL-EBI to'plangan ma'lumotlarning toifalari va ularni qayta ishlash usullarini hisobga olgan holda, zarur deb hisoblagan xavfsizlik darajasini ta'minlash uchun tegishli texnik va tashkiliy choralarni amalga oshiradi.

Ma'lumot xizmatlari.

1. Veb-saytga ma'lumotlar bazasiga ilmiy ma'lumotlarni taqdim etilganda, bu ma'lumotlar bir vaqtning o'zida ilmiy ma'lumotlarga muvofiq tarzda chiqariladi va doimiy ravishda saqlashi mumkin.

2. EMBL-EBI o'zi, Internet-xizmatlari orqali mavjud bo'lgan ma'lumotlardan foydalanish yoki tarqatish uchun hech qanday qo'shimcha cheklovlar qo'ymaydi.

3. EMBL-EBI taqdim etilgan ma'lumotlarning aniqligi, yaratilgan ma'lumotlar bazasi, dasturiy ta'minot yoki Internet-xizmatlarning aniqligi, shuningdek ma'lumotlar bazalari, dasturiy ta'minotlar va har qanday maqsadlar uchun onlayn xizmatlarning yaroqliligini kafolatlamaydi.

4. Dastlabki ma'lumotlar uchinchi shaxslar tomonidan talab qilinadigan huquqlarga, shu jumladan patent, mualliflik huquqi, boshqa intellektual mulk huquqlari, biologik xilma-xillik bilan bog'liq foydalanish va imtiyozlarni baham ko'rish huquqlariga ega bo'lishi mumkin. EGA ma'lumotlar bazasi va biotibbiy tadqiqotlar uchun ruxsat berilgan inson ma'lumotlari uchun ushbu huquqlar Ma'lumotlarga kirish to'g'risidagi bitimlarda rasmiylashtirilishi mumkin. EMBL-EBI xizmatlaridan foydalanuvchilarning ma'lumotlardan foydalanish bunday uchinchi shaxslarning biron bir huquqlariga zarar etkazmasligini ta'minlash uchun javobgardir.

INSDC – NUKLEOTIDLARNING KETMA-KETLIGI BO'YICHA XALQARO MA'LUMOTLAR BAZASI

(<http://www.insdc.org>)



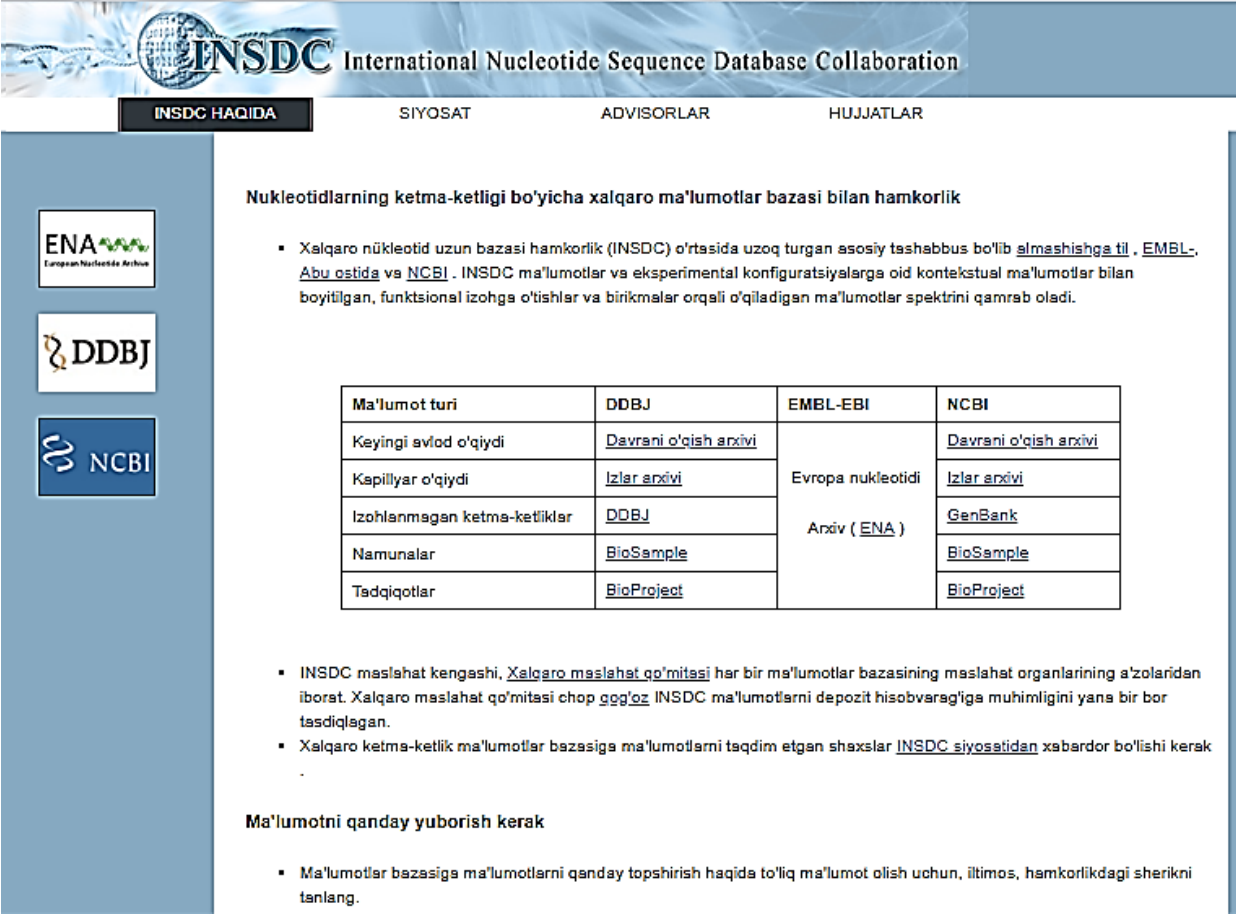
Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi -INSDC. DNK, RNK va aminokislotalar ketma-ketligini 30 yillar mobaynida o'z ichiga olgan ma'lumotlar bazalarini yig'ish va tarqatish bo'yicha kompleks sa'yl-harakatlarini boshqarishdan iborat. Biologik ma'lumotlar arxivlarining uzoq vaqtdan beri davom etayotgan global izlanishlardan biri, ommaviy nukleotidlarning ketma-ketligi haqidagi ma'lumotlarni to'playdi, saqlaydi va kerakli ma'lumotlar bilan ta'minlaydi.

INSDCning uchta hamkori ma'lumotlar bazalariga ishonchli ma'lumotlarni topshirishga yordam beradigan va butun dunyo bo'ylab doimiy ravishda ma'lumot almashishni qo'llab-quvvatlaydigan ma'lumotlar, metadata va protokollarning formatlarini yaratish bo'yicha hamkorlikda ish olib boradi-BioSample dasturi yordamida:

– Mishima shahridagi Milliy Genetika Institutida Yaponiya DNK ma'lumotlar banki (DDBJ; <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>);

– Buyuk Britaniyaning Xinxton shahridagi Yevropa Molekulyar Biologiya Laboratoriyasining Yevropa Bioinformatika Instituti- EMBL-EBI; <http://www.ebi.ac.uk/ena>.

– AQShning Biotexnologiya Axborot Milliy Markazi- NCBI; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>, Bethesda shtatida, MD, AQSh.



INSDC International Nucleotide Sequence Database Collaboration

INSDC HAQIDA SIYOSAT ADVISORLAR HUJJATLAR

Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi bilan hamkorlik

- Xalqaro nukleotid uzun bazasi hamkorlik (INSDC) o'rtasida uzoq turgan asosiy tashabbus bo'lib [almashishga til](#), [EMBL](#), [Abu ostida](#) va [NCBI](#). INSDC ma'lumotlar va eksperimental konfiguratsiyalarga oid kontekstual ma'lumotlar bilan boyitilgan, funktsional izohga o'tishlar va birikmalar orqali o'qiladigan ma'lumotlar spektrini qamrab oladi.

Ma'lumot turi	DDBJ	EMBL-EBI	NCBI
Keyingi avlod o'qiydi	Davrani o'qish arxivi	Evropa nukleotidi Arxiv (ENA)	Davrani o'qish arxivi
Kapillyar o'qiydi	Izlar arxivi		Izlar arxivi
Izohlanmagan ketma-ketliklar	DDBJ		GenBank
Namunalar	BioSample		BioSample
Tadqiqotlar	BioProject		BioProject

- INSDC maslahat kengashi, [Xalqaro maslahat qo'mitasi](#) har bir ma'lumotlar bazasining maslahat organlarining a'zolaridan iborat. Xalqaro maslahat qo'mitasi chop [qog'oz](#) INSDC ma'lumotlarni depozit hisobvarag'iga muhimligini yana bir bor tasdiqlagan.
- Xalqaro ketma-ketlik ma'lumotlar bazasiga ma'lumotlarni taqdim etgan shaxslar [INSDC siyosatidan](#) xabardor bo'lishi kerak.

Ma'lumotni qanday yuborish kerak

- Ma'lumotlar bazasiga ma'lumotlarni qanday topshirish haqida to'liq ma'lumot olish uchun, iltimos, hamkorlikdagi sherikni tanlang.

7-rasm. INSDC-xalqaro ma'lumotlar bazasining asosiy oynasi ko'rinishi.

INSDC ma'lumotlariga bepul va cheklanmagan kirishning birgalikdagi yagona siyosatiga ega. Ushbu siyosatga binoan, INSDC har kuni nukleotidlar ketma-ketligi va ular bilan bog'liq ma'lumotlarni to'playdi, saqlaydi, ta'minlaydi va almashadi.

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi yo'naltirilgan platformalari mavjud:

- Bioinformatika

- Biologik ma'lumotlar bazasi
- Yaponiya DNK ma'lumotlari banki
- Yevropa bioinformatika instituti
- Biologik ma'lumotlar bazalari ro'yxati
- Milliy Biotexnologiya Axborot markazi
- Sequence ma'lumotlar bazasi

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi bog'laniladigan URL platformalari mavjud:

- Rasmiy veb-sayt
- EMBL INSDC sayti
- EMBL nukleotid bazasi
- Yaponiya DNK ma'lumotlari banki
- GenBank nukleotidini qidirish

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi hujjatlar platformalari mavjud:

- **Xususiyatlar jadvali hujjati**
- INSDC tomonidan boshqariladigan so'z birikmalari
- Genetik kod jadvallari*
- INSDC holati to'g'risidagi hujjat
- Genom to'plamini topshirish uchun INSDC standartlari
- INSDSeq XML v1.5 dtd
- INSDC Advisor jurnalining muharrirlariga ochiq xat
- TPA topshirish bo'yicha ko'rsatmalar
- INSDSeq XML holati
- / inference qualifier lug'at bo'yicha tavsiyanoma
- / eksperiment kvalifikatori lug'at bo'yicha tavsiyanoma
- / Submitter seqid kvalifikatori tavsiyalari to'g'risidagi hujjat
- INSDC kelishilgan uslubiy kalit so'zlari

*Genetik kod jadvallari platformasidan ma'lumot (2016 yil tuzilgan):

Achitqi zamburug'i mitoxondriyasidan (transl_table = 3)

Aminokislotalar FFLSSSSYY **

CCWWTTTTPPPPHHQRRRRRIIMMTTTTNNKKSSRRVVVAAAADDEEGG

GG Boshlash kodlari ----- — ** ----- — MM ----- — -----

Baza1

TTTTTTTTTTTCCCCCCCCCCCCAAAAAAGGGGGGGGGGGGGG

Baza2

TTCCCAAAGGGTTTCCCAAAGGGTTTCCCAAAGGGTTTCCCAAAGGG

Baza3

TCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGT
CAGTCAGTCAGTCAG

Vaqt o'tishi bilan an'anaviy INSDC ketma-ketlik arxiviga kiritilgan nukleotidlar ketma-ketliklar sonining korrelyativ o'sishi kuzatildi. Jumladan, ommaviy ketma-ketlik ma'lumotlari-WGS hamda ommaviy bo'lmagan ya'ni Expressed Sequence Tag (EST), Genome Survey Sequence (GSS), Patent va Transkriptome Shotgun Assambleyasi (TSA) ketma-ketlik ma'lumotlari o'rin oladi. Keyinchalik (2013 yil) barcha ma'lumotlar BioSample dasturi yordamida optimallashtirilib umumlashtirildi. Ma'lumot o'rnida shuni aytilish mumkinki, BioSample dasturi NCBI, DDBJ va EMBL ma'lumotlar bazasidan o'rin olgan.

Nukleotidlar ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi bilan ishlash siyosati.

1. INSDC o'zlarining ma'lumotlar bazalarida mavjud bo'lgan barcha yozuvlarga bepul va cheklovsiz kirishning yagona siyosatiga ega. Dunyo miqyosidagi olimlar ushbu yozuvlarga eksperimentlarni rejalashtirish yoki har qanday tahlil yoki tanqidlarni nashr etish uchun kirishlari mumkin. Tegishli maqola, chop etilgan ilmiy adabiyotlardan foydalangan holda, olimlarning asl nusxalariga tayanib, asl taqdimnomaga tayanib beriladi.

2. INSDC ma'lumotlariga kirishni cheklaydigan, ushbu yozuvlardagi ma'lumotlardan foydalanishni cheklaydigan yoki ushbu yozuvlar asosida nashrlarning ayrim turlarini taqiqlaydigan yozuvlarga bayonnomalarni biriktirmaydi. Xususan, foydalanish bo'yicha cheklovlar yoki litsenziyalash talablari biron-bir ketma-ketlik ma'lumotlari yozuvlariga kiritilmaydi va hech kim tomonidan ma'lumotlar bazasini qayta taqsimlash yoki undan foydalanishda hech qanday cheklovlar yoki litsenzion to'lovlar bo'lmaydi.

3. INSDC-ma'lumotlar bazasiga taqdim etilgan barcha annotasiyalar ilmiy nashrlar sifatida doimiy ravishda ochiq bo'lib qoladi. Xatolarni tuzatish va mualliflar tomonidan yozuvlarning yangilanishi qabul qilinadi va noto'g'ri annotasiyalar bazaning keyingi nashrlaridan olib tashlanishi mumkin, ammo barchasi kirish raqami orqali doimiy ravishda saqlanib qoladi.

4. Taqdim etuvchilarga INSDC tomonidan qo'llab-quvvatlanadigan veb-saytlarda aks ettirilgan ma'lumotlar keng jamoatchilikka oshkor qilinishi tavsiya etiladi. Ma'lumotni topshirish huquqiga ega ekanliklarini aniqlash uchun yuboruvchilar javobgar.

5. Cheklangan tahririyat nazorati va ba'zi ichki yaxlitlik tekshiruvlaridan tashqari (masalan, INSD formatlaridan to'g'ri foydalanish va CDS yozuvlarida ko'rsatilgan kodlash hududlarining tarjimai tekshirilganda), ma'lumotning sifati va aniqligi ma'lumotlar bazasi emas, balki taqdim etuvchi muallifning zimmasidadir. Ma'lumotlar bazalari iloji boricha sifatli manbaga erishish uchun ma'lumotlar bazasiga ma'lumot taqdim etuvchilari va foydalanuvchilari bilan doimiy a'loqada bo'ladi.

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasining maslahatchi qo'mitalari.

DDBJ maslahatchilari:

- ✓ Sumio Sugano, Tibbiyot fanlari instituti, Tokio universiteti
- ✓ Ken Kurokawa, Yer-hayot ilmiy instituti, Tokio texnologiya instituti
- ✓ Kaoru Fukami-Kobayashi, Bioresource ma'lumot bo'limi, RIKEN BioResource markazi

EMBL maslahatchilari:

- ✓ Antuan Danchin, AMABiotics SAS, Evri, Frantsiya va CEA ilmiy maslahatchisi, Frantsiya
- ✓ Babis Savakis, Krit universiteti va IMBB-FORTH, Iraklion
- ✓ Jan Vaysenbax, Genoskop, Evri
- ✓ Mark Blaxter, GenePool Genomics fondi va Edinburg universiteti, Evolyutsiya biologiyasi instituti

GenBank (NCBI) maslahatchilari:

- ✓ Stiven Salzberg, Djons Xopkins nomidagi tibbiyot maktabi, Baltimor, MD, AQSh
- ✓ Rich Roberts, Yangi Angliya Biolabs, Beverli, MA, AQSh
- ✓ Valeri de Kresi-Lagard, Florida universiteti, Geynvill, FL, AQSh

2. NCBI – MA'LUMOTLAR BAZASI -GenBank-AQSH

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)



NCBI–“Biotexnologik Ma'lumotlar Milliy Markazi” *National Center Biotechnology Information*, 1988 yilda AQSH da tashkil etilgan, Milliy tibbiyot kutubxonasining filiali sifatida- *National Library of Medicine* asosida yuzaga kelgan. U AQShning Vifezda, Merilend shtatidagi Sog'liqni Saqlash Milliy Institutida joylashgan. NCBIning asosiy maqsadi sog'lom va kasal organizmda o'tadigan molekulyar va genetik jarayonlarni keng tushunish uchun yangi informatsion texnologiyalarni ishlab chiqarishdan iborat. Maxsus maqsadlariga: biologik ma'lumotlarni saqlash va tahlil qilish uchun avtomatlashtirilgan tizimlarni ishlab chiqish, ma'lumotlarni mashinali qayta ishlash yuqori texnologiyalarini rivojlantirish, foydalanuvchilarga bazalar ma'lumotiga va dasturiy ta'minotga kirishini osonlashtirish, butun jahon bo'yicha biotexnologik ma'lumotlarni yig'ish ishlarini olib borishdan iborat. Shuning uchun NCBI Genbank

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) tarmog'iga xizmat ko'rsatadi. GenBank – bu nuklein kislotalar genetik ketma-ketligining ma'lumotlar bazasi, asosan NCBI tomonidan boshqariladi, barcha ommaga ma'lum bo'lgan DNK ketma-ketliklarining sharhlangan to'plamidir (Nuklein kislotalar tadqiqotlari, 2013 yil yanvar; 41 (D1): D3642). GenBank Yaponiyaning DNK ma'lumotbazasi (DDBJ), Yevropadagi nukleotidlar arxivi (ENA) va NCBI-da GenBankni o'z ichiga olgan Xalqaro nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar bazasi bilan hamkorlikning bir qismidir.

The screenshot shows the NCBI homepage with a blue header containing the NCBI logo and navigation links. A search bar is prominently displayed. Below the header, a red banner provides COVID-19 related information. The main content area is divided into several sections: a left sidebar with a tree-like navigation menu, a central grid of six service tiles (Yuborish, Yuklab oling, O'rganing, Rivojlaning, Tahlil qiling, Izlanishlar), and a right sidebar with links to popular databases and a news/blog section.

ISHNI BOSHlash	RESURSLAR	OMMABOP	TANLANGAN	NCBI HAQIDA MA'LUMOT
NCBI ta'limi	Kimyoviy moddalar va bioassaylar	PubMed	Genetik shov registri	NCBI haqida
NCBI yordam qo'llanmasi	Ma'lumot va dasturiy ta'minot	Kitob javoni	GenBank	NCBI-da tadqiqotlar
NCBI qo'llanmasi	DNK va RNK	PubMed Central	Malumot ketma-ketligi	NCBI yangiliklari va blogi
O'quv va qo'llanmalar	Domenlar va tuzilmalar	QARSHI	Genri ifodalash Omnibus	NCBI FTP sayti
Ma'lumotni yuboring	Genlar va ifoda	Nukleotid	Genom ma'lumotlarini ko'rish vositasi	Facebookdagi NCBI
	Genetika va tibbiyot	Genom	Inson Genom	Twitterdagi NCBI
	Genomlar va xaritalar	SNP	Sichqoncha Genom	YouTube'dagi NCBI
	Homologiya	Gen	Gripp virusi	Maxfiylik siyosati
	Adabiyot	Protein	Primer-BLAST	
	Proteinlar	PubChem	Davrani o'qish an'ivi	
	Sekstiyani tahlil qilish			
	Taksonomiya			
	O'zgarish			

Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi, AQSH Tibbiyot Milliy Kutubxonasi,
8600, Rockvill Pk

Bethesda
MD

20894
AQSH

Siyosat va ko'rsatmalar | Aloqa



8-rasm. NCBI ma'lumotlar bazasining asosiy oynasi.

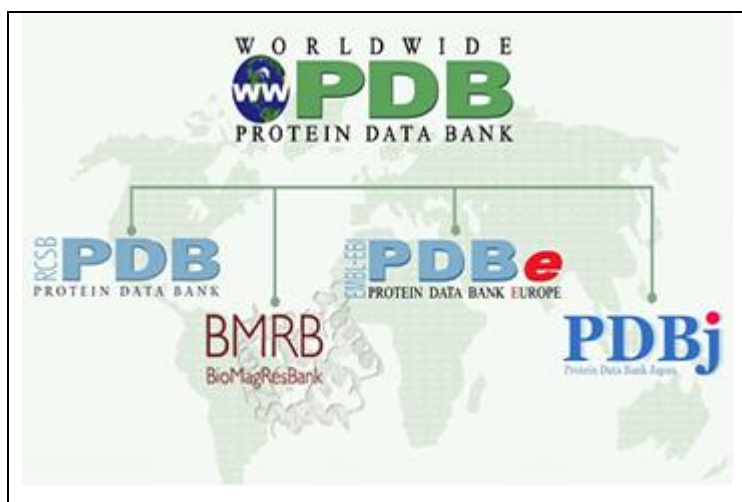
NCBI bazasi quyidagi xizmat ko'rsatish resurslarini taqdim etadi:

- Mahalliy ketma-ketliklarni qidiruv vositasi (BLAST)
- BioProject (ilgari inson Genomi loyihasi)
- BioSistemalar
- BLAST (yakka tartibda)
- Konservativ domenlar ma'lumotlar bazasi (CDD)
- Bazada Saqlanadigan domenlarni qidirish xizmati (CD qidirish)
- Genomik tarkibiy o'zgarishlarning ma'lumotlar bazasi (dbVar)
- Genotiplar va fenotiplar to'g'risidagi ma'lumotlar bazasi (dbGaP)
- Single nukleotid Polimorphism Ma'lumotlar Bazasi (dbSNP)
- FTP: FASTA BLAST ma'lumotlar bazasi
- FTP: Genom xaritasi ma'lumotlari
- GenBank
- Genom BLAST
- Primer-BLAST
- PubMed
- Taksonomiya umumiy daraxti
- Vektorni tahrirlash vositasi (VAST)

PDB – PROTEIN MA'LUMOTLARI BANKI



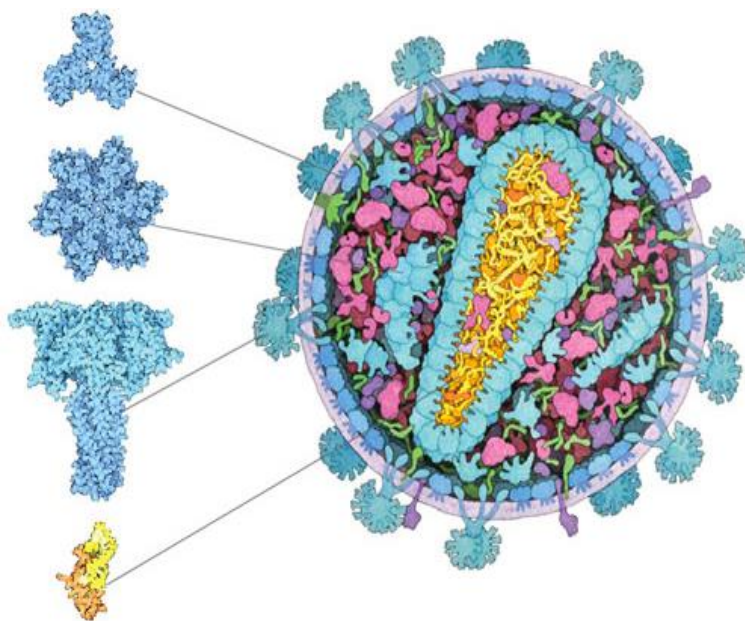
Protein ma'lumotlari banki (PDB) 1971 yil oktyabr oyida Nature New Biologiyada Kembrij Kristallografik Ma'lumotlar Markazi, Buyuk Britaniya va Bruksaven Milliy Laboratoriyasi, AQShdagi qo'shma korxona sifatida e'lon qilindi. U eksperimental ravishda aniqlangan protein tarkibidagi barcha ma'lumotlarning markaziy arxivi sifatida tashkil etilgan. Bugungi kunda PDB xalqaro miqyosda Protein Ma'lumotlar Banki (WPPDB) nomi bilan tanilgan xalqaro konsorsium tomonidan yuritiladi. WPPDBning vazifasi makromolekulyar tarkibiy ma'lumotlarning yagona arxivini yaratishdir.



Ushbu veb saytga odatda rentgen kristallografiyasi, NMR spektroskopiyasi va krioelektron mikroskopiya usullari orqali olingan, dunyoning turli mamlakatlari biolog va kimyogarlar

tomonidan taqdim etilgan ma'lumotlar kirishi mumkin (PDBe, PDBj, RCSB, va BMRB). PDB butun dunyo bo'ylab oqsil ma'lumotlari banki deb nomlangan tashkilot tomonidan nazorat qilinadi. PDB global arxivini yagonalashtirish maqsadida bir harakat PDBe (Buyuk Britaniya), PDBj (Yaponiya), va BMRB (AQSh) bazalari hamkorlikda ish olib borishadi.

PDB arxivi har hafta yangilanadi va ma'lumotlarni foydalanuvchilarga bepul taqdim etiladi. Taqdim etiladigan xizmat turlari ko'p jumladan:



9-rasm. Proteopedia uslubida murakkab virusning 3D entsiklopediyasi ko'rinishi.

bazalaridan foydalanadi

- ✓ Kristallografik
ma'lumotlar bazasi
- ✓ Protein tuzilishi
- ✓ Protein tarkibini
bashorat qilish
- ✓ Protein tuzilishi
ma'lumotlar bazasi
- ✓ PDBREPORT PDB
tuzilishidagi barcha
anomaliyalarni
ko'rsatadi
- ✓ PDBsum – boshqa
ma'lumotlar



TEKSHIRISH

CHO'KISH

LUG'ATLAR

HUJJATLAR

VAZIFA KUCHLARI

FTP

STATISTIKA

HAQIDA

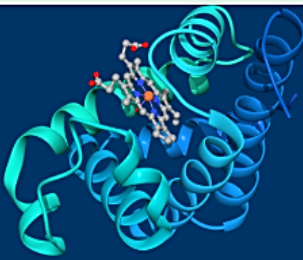


wwPDB Foundation

1971 yildan boshlab Protein Ma'lumotlar Bazasi arxivi (PDB) oqsillar, nuklein kislotalar va murakkab yig'ilishlarning 3D tuzilmalari haqidagi ma'lumotlarning yagona saqlanadigan ombori bo'lib xizmat qildi.

Butunjahon PDB tashkiloti PDB arxivini boshqaradi va PDB dunyo hamjamiyatiga bemaolol va ochiq bo'lishini ta'minlaydi.

PDB tarixi va kelajak haqida ko'proq ma'lumot oling .



Tekshiruv tarkibi

yoki tekshirish hisobotlarini ko'rish

Omonat tarkibi

Barcha cho'kma manbalari

Arxivni yuklab oling

Ko'rsatmalar

Ko'rish va vazifa

Vizyon

Biologik makromolekular uchun ma'lumot va metadada ma'lumotlarini erkin kirishga imkon beradigan, birligida ishlaydigan Asosiy arxivlarini doimiy fanlar bo'yicha fundamental va amaliy tadqiqotlar va ta'limni ilgari surish uchun saqlab turing.

Missiya

- FAIR printsiplariga muvofiq wwPDB Core Archives-ni jamoat foydasi sifatida boshqaring.
- Dunyo bo'yicha Ma'lumot Omonatchilariga bepul to'lovlarni amalga oshirish, tekshirish, biokuratsiya va tiklash xizmatlari bilan ta'minlash.
- Foydalanish bo'yicha cheklolrsiz jamoat mulki bo'lgan biologik ma'lumotlarga umumiy kirishni ta'minlash.
- Global strukturaviy biologiya ma'lumotlarini arxivlash va almashish uchun tasdiqlangan ma'lumotlar standartlarini ishlab chiqish va ilgari surish.

wwPDB a'zolari

Biologik magnit-rezonans ma'lumotlari banki



Har qanday tajribadan NMR ma'lumotlarini to'playdi va turli xil makromolekular uchun belgilangan kimyoviy siljilash, ulash doimiyli va cho'qqilar ro'yxatini oladi; vodorod almashinuvi kurslari, pKa qiymatlari va gevsame parametrlari kabi olingan izohlarni o'z ichiga oladi.

Evropadagi proteinlar banki



PDB-ning barcha yozuvlari, ko'plab qidirish va ko'rib chiqish vositalari, ilg'or xizmatlar, shu jumladan PDBePISA, PDBeFold va PDBeMotif, NMR va EM tuzilmalarini vizualizatsiyalash va tekshirish, bioinformatistlar uchun vositalar to'g'risida boy ma'lumotlar.

Protein ma'lumotlari banki



Yaponiya

Ko'plab tillarda, masalan, yapon, xitoy va koreys tillarida ko'rib chiqishni qo'llab-quvvatlaydi; SeSAW funksional yoki evolyutsion saqlanib qolgan motivlarni aniqlash va izohlash orqali ketma-ketlik va tuzilish o'xshashligini, bioinformatistlar uchun vositalarni va boshqalarni aniqlaydi.

Strukturaviy bioinformatika oqsillari ma'lumotlar banki



bo'yicha ilmiy-tadqiqot laboratoriyasi

Makromolekular va ligandlar, jadval jadvallari, vizualizatsiyaning ixtisoslashtirilgan vositalari, ketma-ketlik tuzilishini taqqoslash, RCSB PDB Mobile, Oyning molekulari va PDB-101-dagi boshqa ta'lim manbalarini oddiy va chuqurroq qidirish.

wwPDB manbalari

Ma'lumot lug'atlari

- Makromolekulyar lug'at (PDBx / mmCIF)
- Kichik molekula lug'ati (CCD)
- Peptidga o'xshash antibiotik va ingibitor molekulari (BIRD)

Biokuratsiya

- Protseuralar va qoidalar
- Muvofiqlik va aniqlikni yaxshilash

Jamiyatni jalb qilish: Ishchi kuchlari va ishchi guruhlari

- Tekshiruv ish kuchlari (rentgen, NMR, 3DEM)
- Kichik burchakka sochish vazifalari guruhi
- PDBx / mmCIF ishchi guruhi
- Gibrid / integratsiyalashgan usullar
- Ligandni tekshirish bo'yicha seminar

PDB ma'lumotlarining o'sishi va foydalanish statistikasi

- Depozitlar: ma'lumot markazi, yil bo'yicha va omonatchining joylashuvi bo'yicha
- Yuklanishlar: barcha yozuvlar uchun yiliga

Seminarlar va simpozialar

- O'tgan uchrashuv va tadbirlarning qisqacha mazmuni va taqdimotlari

Jurnallar uchun ma'lumot

- Siyosatlar, protseduralar, nashrlar bilan muvofiqlashtirish va mualliflarga ko'rsatmalar

WwPDB-ga ishora qiling:

Tabiatning strukturaviy biologiyasi 10 , 980 (2003)
doi: 10.1038 / nsb1203-980

PDB arxivini keltiring:

Nuklein kislotalarini tadqiq qilish (2019), doi: 10.1093 / nar / gky949

Boshqa nashrlar

Yangiliklar va e'lonlar

04.09.2010

- Yangilangan PDB-Dev veb-sayti

Endi yangi va takomillashtirilgan PDB-Dev veb - sayti mavjud. PDB-Dev prototip tizimi bo'lib, u wwPDB sheriklariga integral tuzilmalarni arxivlashda talablarni tushunishga yordam beradi.

Ko'proq o'qing

04.07.07

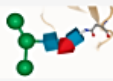
- EMDB xaritasini kiritish jarayonini soddalashtirish

15-apreldan boshlab, Elektron Mikroskopiya Ma'lumotlar Banki (EMDB) asosiy xarita va tegishli fayllarni chiqarishdan oldin xaritaga kirish metadada (XML sarlavhali fayllar deb ataladi) ni chiqarish amaliyotini tugatadi.

Ko'proq o'qing

02/25/2020

- 2020 yilgacha PDBda uglevodlarni yaxshilash



Ushbu tuzilmalarni va ularning murakkab kimyosini qidirish qobiliyatini yaxshilash uchun (masalan, stereo-izomerlar, anomerik konfiguratsiyalar, tarmoqli zanjirlar) wwPDB yangi qayta tiklash loyihasiga kirishdi.

Ko'proq o'qing

Barcha yangiliklar



Yangiliklar va e'lonlar

Arxivni yuklab oling

RCSB PDB ftp | PDBe ftp | PDBj ftp

ko'rsatmalar

WwPDB-ga ishora qiling:

Tabiatning strukturaviy biologiyasi 10 , 980 (2003)

doi: 10.1038 / nsb1203-980

Boshqa nashrlar

10-rasm. PDB-Protein ma'lumotlari bankining asosiy oynasi.

Protein ma'lumotlari banki (PDB) arxivi yirik biologik molekulalarning 3D tuzilmalari, shu jumladan oqsillar va nuklein kislotalar to'g'risidagi ma'lumotlarning dunyo miqyosidagi yagona omboridir. Omborda barcha organizmlarnig, shu jumladan bakteriyalar, zamburug'lar, o'simliklar, umrtqasizlar, boshqa hayvonlar va odamlarda mavjud bo'lgan hayot molekulalari, molekulalar strukturalarining mayda oqsillar va DNK mayda bo'laklaridan tortib, murakkab molekulalarga qadar ma'lumotlari jamlanadi.

PDB dunyo bo'ylab xalqaro foydalanuvchilar jamoasiga ega bo'lib, keng soha vakillarini strukturaviy biologiya, biokimyo, genetika, bioinformatika, farmakologiya, media yozuvchilar, rassomlar, kabi sohalarda o'z ichiga oladi. Birlamchi RCSB PDB iqtiboslari **Berman va boshqalar**. *Nuklein kislotalari tadqiqotlari* 2000, har doim eng ko'p nashr etilgan ilmiy nashrlardan biridir. Clarivate Analytics tomonidan 2017 yilda o'tkazilgan bibliometrik tahlili dunyo bo'ylab PDB tomonidan yuqori sifatli izlanishlarni ko'rsatmoqda. Iqtibosli maqolalar biologiya va biokimyo, kompyutershunoslilik, o'simlik va hayvonot fanlari, fizika, atrof-muhit, ekologiya, matematika va geografiya kabi 16 ta ilmiy sohada dunyo bo'yicha o'rtacha ko'rsatkichdan oshib ketdi. RCSB PDB ma'lumotlari va xizmatlaridan foydalanish qiymati har yili 5.5 milliard dollarga baholanmoqda. Ushbu saytlar kuniga 24 soat, haftada yetti kun xizmat ko'rsatadi.

3-MAVZU. Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar.

Bioinformatson dasturlarni bazalardan farqi, BLAST dasturi.

Reja:

3. Biologik axborotlarni qayta ishlash dasturlari.

4. BLAST va FASTA dasturlari

1Biologik axborotlarni qayta ishlash dasturlari.

Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. O'simliklar, hayvonlar va odam genomining to'liq sekvenirlanishi natijasida olingan ma'lumotlar bioinformatika usullari orqali biotexnologiya, molekulyar biologiya, qishloq xo'jaligi va tibbiyot sohalarida keng miqyosda qo'llash uchun katta imkoniyatlar ochib bermoqda. Biroq genomning alohida elementlarining funktsional o'zaro bog'liklarini va ularning fenotipik belgilarini hamda alohida kasalliklarning patogenezi shakllanishidagi rolini tushunish uchun genomlarning faqatgina nukleotid ketma-ketliklari to'g'risidagi ma'lumotlar yetarli emas. Postgenom sohasida genomlardagi DNKlarni manipulyatsiya (boshqarish) qilish, genlar ekspressiyasini va regulyator elementlarning ishlarini boshqarish va vizuallashtirish imkonini beruvchi usullar faol rivojlanib bormoqda. Ammo barcha usullar ham samaradorligi, havfsizligi hamda keng doiradagi tadqiqotchilar qo'llashi uchun yuqori talablarga javob bermaydi. So'nggi bir necha yillar ichida genomlarni tahrirlash uchun TALEN, Zinc Finger va CRISPR/Cas9 (inglizcha CRISPR – Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats, o'zbek tilida – muntazam guruhlarda joylashgan qisqa palindromik takrorlar) kabi yangi texnologiyalar vujudga keldi.

Genomni tahrirlash texnologiyalari. Ushbu yaqinda paydo bo'lgan tizimlar allaqachon genom muxandisligining samarali va ishonchli texnologiyalariga aylanib ulgirdi. Bu innovatsion texnologiyalarni zamonaviy biologiyaning asosiy model ob'ektlari genomlarini tahrirlashda hamda

genomlarning funktsional skriningi, odam irsiy kasalliklari hujayra modellarini yaratish, epigenomikasini o'rganish va hujayrada sodir bo'ladigan jarayonlarni vizualizatsiya qilishda qo'llaniladi.

Gen muxandisligi sohasining tarixi 1972 yilda amerikalik olim Pol Naim Berg (Paul Naim Berg) laboratoriyasida rekombinant DNK yaratilishi bilan boshlangan. Bu tajribada olimlar ichak tayoqchasi genomini bakteriofag va virus (SV40) genlari bilan birlashtirgan. Ushbu kashfiyotdan so'ng gen muxandisligi sohasida ulkan yutuqlarga erishildi, molekulyar-genetik mexanizmlar va hodisalar mukammal o'rganildi va kashf etildi, endilikda bu hodisalarni *in vitro* sharoitida amalga oshirish mumkin. Bakteriya hamda viruslarning molekulyar genetikasi va biokimyosi sohasidagi izlanishlar bioinformatik usullar yordamida DNKn manipulyatsiya qilish (boshqarish) va turli vektor tizimlari ishlab chiqish, ularni hujayraga kiritish usul va uslublarini yaratish imkonini berdi. Buning natijasida esa nafaqat transgen mikroorganizmlar, balki genetik modifikatsiyalangan o'simliklar va hayvonlar olishga erishildi.

Bioinformatika sohasining shiddat bilan rivojlanishi biotexnologiya va selektsiya yo'nalishlari taraqqiyotiga turtki berib, gen muxandisligining amaliy sohasini yuzaga keltirdi. Biroq an'anaviy gen muxandisligi usullari bir qator kamchiliklarga ega bo'lib, bulardan bittasi – odam va hayvonlarning katta genomlarini manipulyatsiya qilish o'ta murakkabligidir.

Halqaro "Inson genomi" loyihasi doirasida 1990-2003 yillar davomida odam yadro DNKsining nukleotid ketma-ketligi aniqlandi va 20,5 mingga yaqin genlar identifikatsiya qilindi. Bu kabi ko'plab loyihalar hozirgi vaqtda ham olib borilmoqda, asosiy biologik model ob'ektlar genomlari – ichak tayoqchasi, nematoda, drozofila pashasi, sichqon va h.o. nukleotid ketma-ketliklari allaqachon o'qib bo'lingan. Bu loyihalar orqali DNKning faqat nukleotid ketma-ketliklari to'g'risidagi ma'lumotlar olish imkoni bor, ammo genom alohida elementlarining funksiyasi va ularning o'zaro butun genom

tizimiga bog'liklari to'g'risidagi biron ma'lumot olish imkonini yo'q. Inson genomidagi funktsional o'zaro bog'liqlarni anglash, nafaqat irsiy patologiyalarning sabab-oqibatlarini, balki ko'p omillarga bog'liq bo'lgan kasalliklarning sabablarini aniqlash va ularni davolash uchun nishonlar ham topish imkonini beradi.

Inson genomi Milliy tadqiqot instituti 2003 yilda yangi halqaro loyiha ENCODE (ingl. Encyclopedia of DNA Elements, o'zb. DNK elementlari entsiklopediyasi) ustida ish boshladi. Loyihadan maqsad – olimlarning intilish va izlanishlarini birlashtirgan holda RNK va oqsillar darajasida faol bo'lgan elementlar, fundamental genetik jarayonlarni- transkripsiya, translatsiya va replikatsiyani nazorat qiluvchi regulyator elementlar va inson genomi funktsional elementlarining to'liq ro'yxatini olish edi. Bu kabi funktsional o'zaro aloqadorliklarni aniqlash uchun quyidagi ikki strategiya qo'llaniladi: genni o'chirish (knockout yoki knockdown) hamda gen faoliyatini yoki uning ektopek ekspressiyasini kuchaytirish. An'anaviy usullar – gomologik rekombinatsiyalar qo'llangan transgenoz sichqonlarda, bundan tashqari virusli va lentivirusli vektorlarning qo'llanilishi nafaqat qimmat, balki juda katta mehnat talab etadi, ular o'ta qat'iy belgilangan genom lokusida aniq o'zgarishlar kiritish imkonini bermaydi.

Hozirgi kunda olimlar ixtiyorida bir necha texnologiyalar paydo bo'ldi, bular orqali o'simliklar, hayvonlar va odam genomlarini o'ta yuqori aniqlikda tahrirlash imkonini beradi.

Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari.

Yangi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR. Zinc-finger texnologiyasi.

Fok I – endonukleazalar domeni bilan bog'langan oqsil domeninig "Rux barmoqchalari" tipi sayt-spetsifik nukleaza sifatida faol bo'lib DNKni in vitro sharoitida qat'iy belgilangan uchastkalarini o'ta aniqlikda qirqishi allaqachon 1996 yilda birinchi marta ko'rsatib berilgan edi. SHu kabi ximerik oqsillar

modulli strukturaga ega bo'lib har bir "rux barmoqchalari" domeni bir nukleotid tripletini taniydi (Zinc-finger Nuclease, ZFN).

1 Bu kulturalanadigan hujayralar jumladan plyuripotent tana hujayralari hamda model hayvonlar va o'simliklarda asosiy tahrirlash usuliga aylandi.

2 Ammo ZFN texnologiyasi murakkabligi va har bir aniq genom lokuslari uchun oqsil domenlarining konstruksiyasini tuzishga yuqori harajat talab etilishi, bir nukleotidli almashinuv yoki domenlar aro o'zaro noto'g'ri ta'sirlar sababli DNK-nishonning noaniq qirqilishi ehtimolliklari kabi bir nechta kamchiliklarga ega.

3. Shuning uchun genomni tahrirlovchi yangi texnologiyalar topish maqsadida faol izlanishlar davom etdi. So'nggi yillarda bu izlanishlar genomlarni tahrirlash imkonini beruvchi yangi instrumentlarning yaratilishiga sabab bo'ldi.

TALEN texnologiyasi. Bu tizimlar – TALEN (Transcription ActivatorLike Effector Nucleases, ya'ni transkripsiyani faollashtiruvchilarga o'xshash effektor nukleazalar) va CRISPR/Cas9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats, ya'ni – muntazam bir-biridan bir xil uzoqlikda joylashgan qisqa palindromik guruhlar takrorlari).

4. Ushbu tizimlar odam, o'simliklar va hayvonlar hujayrasida yuqori samarali ishlarni amalga oshirish va ular uchun konstruksiyalar tuzishning nisbatan soddaligi bilan farq qiladi. Bu kabi texnologiyalar genomlar ustida turli xil manipulyatsiyalarni amalga oshirishda faol qo'llanilmoqda va bu orqali transgen va mutant hayvon va o'simliklar yaratish hamda kulturalanadigan odam plyuripotent hujayralari asosida kasalliklar modelini yaratish va tadqiq etish kabi bir qator murakkab muammolarni hal etish uchun imkon yaratadi. Bundan tashqari epigenomikasini o'rganish va xromosoma lokuslarini hujayra tsiklida o'tkazish uchun TALEN DNK – bog'lovchi domenlari asosidagi ximerik oqsillar va faoliyati to'xtatilgan (inaktivatsiya) Cas9 nukleazalaridan genlar transkripsiyasini boshqarish bo'yicha olib borilgan tajribalarda

foydalanilgan. 2011 yilda genomlarni yuqori darajadagi aniqlikda tahrirlash imkonini beruvchi usullar qatorida TALEN tizimi ham nufuzli “Nature Methods” halqaro jurnali tomonidan yil texnologiyasi deb tan olindi. Bu texnologiyaning yaratilish tarixi *Xanthomonas* avlodi bakteriyalarining o’rganilishi bilan bog’liq. Ushbu bakteriyalar sholi, qalampir, pomidor kabi o’simliklarning patogeni hisoblanib qishloq xo’jaligiga katta iqtisodiy zarar keltiradi, bu esa ularning sinchkovlik bilan o’rganilishiga sabab bo’ldi. Aniqlanishicha, bakteriyalar o’simliklar hujayralarining sitoplazmasiga effektor oqsillarni- TALE, Transcription Activator-Like Effectors ajratib chiqaradi, bu esa o’simliklar hujayrasidagi jarayonlarga ta’sir etib patogenlarga nisbatan chalinuvchanlik darajasini oshiradi.

Keyinchalik effektor ta’sir etuvchi oqsillarning faoliyat mexanizmlarini o’rganish natijasida, ular eukariotlardagi transkripsiya omillarini takrorlab DNK bilan bog’lana olish va o’zlarining gen-nishonlarining ekspressiyasini faollashtirish qobiliyatiga ega ekanligi aniqlandi.

TALE oqsillari DNKga bog’lanishi, domen va yadroda joylashish signali hamda maqsaddagi genning transkripsiyasini faollashtirish uchun javobgar markaziy domendan tashkil topgan. Birinchi marta ushbu oqsillarning DNKga bog’lana olish qobiliyatlari 2007 yilda tavsiflangan edi, bir yil o’tib esa ikki guruh olimlar tomonidan TALE oqsillarining nishonlangan DNK izchilliklarini tanib olish kodlari aniqlandi.

1 DNKga bog’lanuvchi domen monomerlardan tashkil topganligi va ularning har biri bitta nukleotid bilan nishonlangan nukleotid ketma-kemligiga bog’lanishi ko’rsatib berildi.

Monomerlar ikkitasi yuqori o’zgaruvchan (Repeat Variable Diresidue, RVD) 12 – va 13 – pozitsiyalarda joylashgan 34 aminokislotalar qoldig’idan iborat tandem takrorlarni namoyish etadi.

2 Bunda aynan o’sha yuqori o’zgaruvchan aminokislotalar belgilangan nukleotidlarni tanib olishga javobgar

hisoblanadi. Bu kod tug'ma degenerativ hisoblanadi. Ba'zi yuqori o'zgaruvchan aminokislotalar bir necha nukleotidlar bilan turli samaradorlik bilan bog'lanishi mumkin. Bunda TALE monomerlari bog'lanadigan 5' – oxirgi uchi nukleotid ketma-ketligi oldidan nishonlangan DNK molekulasida doim faqat timidin nukleotidi joylashgan bo'ladi, bu esa bog'lanish samaradorligiga ta'sir etadi.

3 So'nggi 3'-uchi tanib olish saytiga bog'lanuvchi tandemli takror 20 aminokislota qoldig'idan iborat bo'lib u yarim takror deb nomlanadi.

TALE oqsillari yordamida DNK kodlarining o'qilishi aniqlanganidan so'ng o'zining soddaligi bir monomer – bir nukleotid bilan butun dunyo olimlarining qiziqishini uyg'otdi va TALEN – ximerik nukleazalar yaratish bo'yicha birinchi tajribalar amalga oshirildi.

4 SHu maqsadda TALE domeniga bog'lanib DNKni kodlovchi izchillikni plazmida vektoriga kiritildi, bu vektor ilgari ZFN texnologiyasini yaratishda foydalanilgan.

Natijada DNKga bog'lanuvchi domenni va FokI restriksiyalari endonukleazalarining katalitik domenini o'z ichiga olgan sun'iy ximerik nukleazalar ekspressiya qiluvchi genetik konstruktsiyalar yaratildi. Bu texnologiya DNK-bog'lovchi domen turli yuqori o'zgaruvchan monomerlarni (Repeat Variable Diresidue, RVD) birlashtirgan holda istalgan nukleotid ketma-ketligi nishon bo'lgan sun'iy nukleazalar yaratish imkonini beradi. Ko'p hollarda A, T, G, C nukleotidlarini mos ravishda bog'lash uchun Asn va Ile (NI), Asn va Gly (NG), ikki Asn (NN), His va Asp (HD) larni o'z ichiga olgan yuqori o'zgaruvchan (RVD) monomerlardan foydalaniladi. Bunda yuqori o'zgaruvchan monomerlar-RVD NN, A hamda G sifatida bog'lanishi mumkin. Ko'plab tajribalarda guaninning yanada spetsifikroq bog'lanishi uchun NH yoki NK monomerlari qo'llanilganida keraksiz nishonga bog'lanish xatoliklarini kamaytiradi.

Yuqori o'zgaruvchan monomerlardagi-RVD (H yoki N) birinchi

aminokislota qoldig'i bevosita nukleotidga bog'lanishda qatnashmaydi, lekin fazoviy konformatsiyani stabillash uchun javob berishi aniqlandi. Ikkinchi aminokislota qoldig'i nukleotid bilan o'zaro bog'lanadi, bunda bog'lanish tabiati turlicha: D va N azotli asoslar bilan vodorod bog'larini hosil qiladi, lekin I va G Van-der-Vaals kuchi hisobiga nishonlangan nukleotidlar bilan bog'lanadi.

Domenga bog'lanuvchi sun'iy DNK yadro lokalizatsiyasi signaliga, N – uchi domeni va FokI katalitik domeniga ega bo'lgan yarimtakkor genetik konstruktsiyaga kirgiziladi. Sun'iy nukleazalar uchun nishonlangan saytlar quyidagicha tanlab olinadi: ular DNKning turli zanjirlarida bo'lishi va speyser ketma-ketligida kichik uchastkalarga (12-25 j.n.) ajratilgan bo'lishi kerak bo'ladi. Sun'iy nukleazalarning yadroga borib joylashishi bilan ular nishonlangan saytlar bilan bog'lanadi, natijada S uchlarida joylashgan ximerik oqsillarning FokI domenlari dimerizatsiyalanadi va speyser ketmaketligiga ikki zanjirli bo'shliq hosil qiladi.

Nazariy jihatdan DNKga bog'lanuvchi domenlarning ma'lum tanib olish saytlari bilan genomning istalgan uchastkasiga TALEN sun'iy nukleazalari yordamida ikki zanjirli bo'shliq kiritish mumkin. TALEN nukleazalari saytlarini tanlashdagi yagona cheklov, bu nishonlangan ketma-ketlikdagi 5'-uchi oldidan T ning mavjud bo'lish zaruriyatidir.¹ Ammo speyser ketma-ketligi uzunligini o'zgartirish bilan ko'p hollarda sayt tanlovlarini amalga oshirish mumkin. DNKga bog'lanadigan domenning W232 qoldig'i Noxir uchastkasining tarkibida 5' – T bilan o'zaro birikadi, bunda u TALEN ning nishonlangan saytlar bilan birikish samaradorligiga ta'sir ko'rsatishi aniqlangan.

2 Ammo A, G, yoki C bilan bog'lana oluvchi TALEN Noxirli domenining mutant variantlarining seleksiyasi natijasida bu muammoni hal etish imkoni bor.

CRISPR-Cas9

Klasterli muntazam ravishda intervalgacha bo'lgan qisqa palindromik takrorlanishlar (qisqartirilgan CRISPR deb ataladi) prokariotik DNK segmentlari bo'lib, ular bazis ketma-ketligining qisqa takrorlanishini o'z ichiga oladi. CRISPR olimlarga genomlarni misli ko'rilmagan aniqlik, tezkorlik va moslashuvchanlik bilan tahrirlash imkonini beradigan vosita sifatida foydalanilmoqda. CRISPR genlarni ko'paytirish va tahrirlash bo'yicha eski usullarga qaraganda ancha yaxshi

CRISPR / Cas tizimi – bu prokariotik immunitet tizimi, bu plazmidlar va faglar kabi begona genetik elementlarga qarshilikni ta'minlaydi va immunitetning shaklini ta'minlaydi. CRISPR spacerslari bu ekzogen genetik elementlarni eukariotik organizmlarga RNK aralashishiga o'xshash tarzda taniydilar va kesib tashlaydilar. Genlarning to'plami CRISPR takroriylari bilan bog'liq deb topildi va ularga cas, yoki CRISPR bilan bog'liq bo'lgan genlar deb nom berildi. Cas genlari DNKni kesib yoki ochib yuboradigan fermentlar bo'lgan putativ nukleazani yoki helikaz oqsillarini kodlaydi. Cas genlari har doim CRISPR ketma-ketligi yaqinida joylashgan. Bir qator Cas fermentlari mavjud, ammo eng mashhuri *Streptococcus pyogenes*dan kelib chiqqan Cas9 deb nomlanadi.

CRISPR aralashuvi texnikasi juda katta potentsial imkoniyatlarga ega, jumladan, odamlar, hayvonlar va boshqa organizmlarning mikroblarini va oziq-ovqat ekinlari genlarini o'zgartirish. Cas9 oqsilini va tegishli qo'llanma RNKlarini hujayraga etkazib, organizmning genomini istalgan joyda kesish mumkin. CRISPRlar hayotning barcha daraxtlarida genlarni tartibga solish va genlarni tartibga solish uchun maxsus endonuklaz fermentlari bilan birgalikda ishlatilgan. Yangi paydo bo'lgan biotexnologiya va inson urug'ini tahrir qilish istiqbollari haqida axloqiy xavotirlar bildirildi.

CRISPR / Cas9 genomini tahrirlash II tip CRISPR tizimi bilan amalga oshiriladi. Cas9 – bu DNKni kesib tashlaydigan ferment (nuklaz), CRISPR –

bu DNKni aniqlab, Cas9 qayerda kesish kerakligini aytadigan DNK ketma-ketligi. Cas9-ni to'g'ri ketma-ketlikda boqish uchun kerakli RNK talab qilinadi, bu erda DNK ketma-ketligini kesib, kerakli joyga genomga joylashtiring. Genom tahrirlash uchun ishlatilganda, ushbu tizim Cas9, CRISPR RNK (crRNA), trans-faollashtiruvchi crRNA (tracrRNA) va homologik bo'lmagan qo'shilish (NHEJ) yoki homologiyaga yo'naltirilgan ta'mirlashda ishlatiladigan DNK tuzatish shablonining ixtiyoriy qismini o'z ichiga oladi. (HDR). CrRNK Cas9 tomonidan faol kompleks hosil qiluvchi tracrRNK bilan bog'langan mintaqani (asosan soch panjasi halqa shaklida) yo'naltirish uchun uni Cas9 ishlatadigan RNKni o'z ichiga oladi.

CRISPR / Cas9 ko'pincha maqsadli hujayralarni translyatsiya qilish uchun plazmidan foydalanadi. CrRNA har bir dastur uchun ishlab chiqilishi kerak, chunki bu Cas9 hujayraning DNK-ni aniqlash va bevosita bog'lash uchun foydalanadigan ketma-ketlikdir. CRRNA faqat tahrirlash kerak bo'lganda bog'lanishi kerak. Ta'mirlash shablonini har bir dastur uchun ishlab chiqilgan bo'lishi kerak, chunki u kesmaning ikkala tomonidagi ketma-ketliklar va qo'shilish tartibining kodi bilan mos kelishi kerak. Bir nechta hidoyat RNK (sgRNA) hosil qilish uchun bir nechta krRNK va tracrRNKni bir-biriga qadoqlash mumkin. Ushbu sgRNK Cas9 geni bilan birlashtirilib, hujayralarga aylantirilishi uchun plazmidga aylantirilishi mumkin. Cas9 oqsili crRNA yordamida xost hujayraning DNK-sida to'g'ri ketma-ketlikni topadi va DNKda bitta yoki ikki qatorli tanaffus hosil qiladi. Uy egasi DNKida to'g'ri joylashtirilgan bitta ipli tanaffuslar homologga yo'naltirilgan tuzatishni keltirib chiqarishi mumkin, bu homolog bo'lmagan uchga odatda ikki qatorli tanaffusdan keyin qo'shilishga qaraganda kamroq moyil bo'ladi. DNKni tuzatish shablonining bir qismini taqdim etish ma'lum bir DNK ketma-ketligini genomning aniq joyiga kiritishga imkon beradi. Ta'mirlash shablonini Cas9 induktsiyalangan DNK sindirishidan tashqari 40 dan 90 tagacha tayanch juftliklarga kengaytirish kerak. Maqsad hujayraning HDR jarayonini taqdim

etilgan ta'mirlash shablonidan foydalanish va shu bilan yangi ketma-ketlikni genomga kiritishdir. Birlashtirilgandan so'ng, ushbu yangi ketma-ketlik hozir hujayraning genetik materialining bir qismidir va uning yangi hujayralariga o'tadi. DNKni tuzatish shablonining bir qismini taqdim etish ma'lum bir DNK ketma-ketligini genomning aniq joyiga kiritishga imkon beradi. Ta'mirlash shablonini Cas9 induktsiyalangan DNK sindirishidan tashqari 40 dan 90 tagacha tayanch juftliklarga kengaytirish kerak. Maqsad hujayraning HDR jarayonini taqdim etilgan ta'mirlash shablonidan foydalanish va shu bilan yangi ketma-ketlikni genomga kiritishdir. Birlashtirilgandan so'ng, ushbu yangi ketma-ketlik hozir hujayraning genetik materialining bir qismidir va uning yangi hujayralariga o'tadi (2-videoga qarang). DNKni tuzatish shablonining bir qismini taqdim etish ma'lum bir DNK ketma-ketligini genomning aniq joyiga kiritishga imkon beradi. Ta'mirlash shablonini Cas9 induktsiyalangan DNK sindirishidan tashqari 40 dan 90 tagacha tayanch juftliklarga kengaytirish kerak. Maqsad hujayraning HDR jarayonini taqdim etilgan ta'mirlash shablonidan foydalanish va shu bilan yangi ketma-ketlikni genomga kiritishdir. Birlashtirilgandan so'ng, ushbu yangi ketma-ketlik endi hujayraning genetik materialining bir qismidir va uning yangi hujayralariga o'tadi (2-videoga qarang).

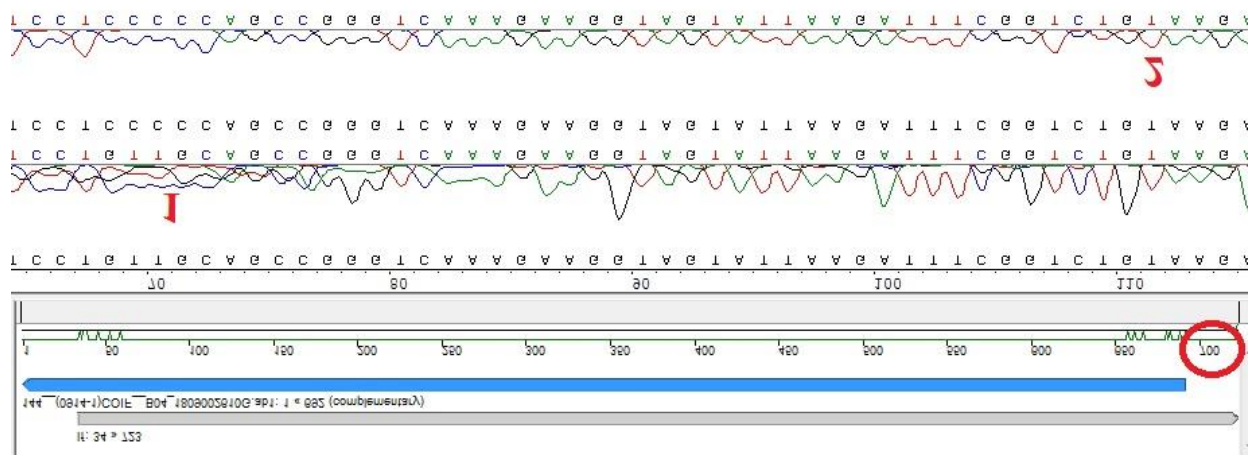
2. BLAST va FASTA dasturlari

BLAST qanday ishlaydi. Men bugungi maqolada imkoni boricha sodda tilda BLAST dan qanday foydalanish haqida ma'lumot bermoqchiman. Jarayonni tushunishingiz uchun o'zim olib borayotgan tadqiqotlar misolida tushuntirib ketaman.

Men ayni vaqtda O'zbekiston baliqlarining DNK barkodingi va filogenetikasi ustida shug'ullanmoqdaman. Ushbu ilmiy tadqiqot ishimda men uchun O'zbekiston suv havzalaridan yig'ilgan baliq namunalari kerak bo'ladi. Men mana so'nggi 3 yil davomida O'zbekistondagi turli suv havzalaridan baliq

namunalarini yig'ib kelmoqdaman. Ayrim baliq turlarini tashqi ko'rinishidan, morfologik belgilaridan juda osongina ajrata olaman, ayrimlarini maxsus aniqlagich kitoblaridan foydalangan holda aniqlayman. Ba'zi suv havzalaridan baliq namunalarini yig'ishda faqatgina juda mayda baliq chavoqlari yoki aniqlagich bilan ham qaysi tur ekanligini aniqlab bo'lmaydigan turlar uchrab turadi. 2017 yil fevral oyida Toshkent viloyatidagi Chiqchiq suv havzasidan baliq namunalarini yig'ayotganimda juda kichkina baliq namunasini olgan edim. Uning kim ekanligini o'sha vaqtda aniqlay olmaganman.

Xitoyda qaytgach laboratoriya sharoitida o'sha baliq namunasining to'qimasidan mitoxondriya DNK ni ajratib olib (bu alohida mavzu), mitoxondriyadagi COI genini PZR mashinasida amplifikatsiya qildim. Elektroforez jarayoni ushbu genni to'g'ri ajratib olganimni ko'rsatdi. Men natijalarni maxsus kompaniyalarga jo'natdim. Ular menga o'sha noma'lum baliq namunasidan olingan COI genidagi nukleotidlar ketma-ketligini o'qib berishdi. Ular jo'natgan natija taxminan quyida ko'rinishda edi.



Bu tasvirda DNK ikkala zanjirining ma'lum bir fragmenti va undagi nukleotidlarning spektrlari tasvirlangan. Nukleotidlar spektri va ularning rangidan ajratib olish haqida avval ham yozgan edim. DNK ning ushu holatini ko'rish uchun **“ContigExpress Project”** bioinformatsion dasturidan foydalaniladi. Ushbu rasmda DNK ning 5'-3' (1) va 3'-5' (2) zanjirlarini

ko'rishingiz mumkin. COI geni o'rtacha 700 ta nukleotiddan iborat bo'ladi. Biz DNK zanjirlarining holatini tekshirib ulardan umumiy holatda quyidagi nukleotidlar ketma-ketligini qo'lgan kiritamiz.

```
Файл  Правка  Формат  Вид  Справка
TTTAGAATTTTCTGGTGGCCAAAGAATCAAATACGGGGATGTTGGATATAG
CGATTGTGGTCTCCTCCCCCAGCCGGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTC
GGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCTAGGACCGGTAGCGATAGTAG
AAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAGGGCGTTTGATAT
TGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTAATTG
CGCCTAGAATTGATGAGACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAAATAGTTAAGTC
TACTGATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGATAAACCGTT
CAGCCCGTTCTCTGCCCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGA
AAGAAGGGGGAAGTAGTCAGAAGCTTATATTATTCATACGGGGGAATGCTAT
GTCAGGGGGCCCCAATCATTAAATGGGACCAGTCAATTTCCGAAGCCCCCAATG
AGAATCGGCATTACTATAAAGAAAATTATAACAAAGGCGTGGGCGGTAACAA
TAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGGCTTAATTC
AGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACATATATCCGTGCTCAGGCA
CCAAATACAAGATAATAGGGTGCCAATGTCTTTGGGGTTGGTTGAAA
```

Mana bizda 723 ta nukleotidlardan tashkil topgan DNK ning bitta zanjiri fragmentining nukleotidlari turibdi. Ana endi uni BLAST yordamida kimga tegishli ekanligini topib olamiz.

Buning uchun kompyuterda internetni yoqib AQSHning Biotexnologik ma'lumotlar milliy markazi (NCBI) saytiga kiramiz. U yerdan BLAST bo'limi tanlaymiz. Bizda quyidagi oyna ochiladi.

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance.

[Learn more](#)

NEWS

[Learn how to use BLAST](#)

See our collection of webinars and tutorials designed to help you.

Wed, 17 Oct 2018 15:00:00 EST

[More BLAST news...](#)

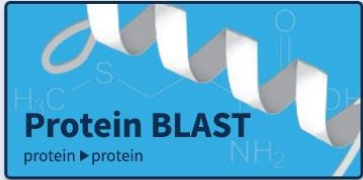
Web BLAST



Nucleotide BLAST
nucleotide ► nucleotide

blastx
translated nucleotide ► protein

tblastn
protein ► translated nucleotide



Protein BLAST
protein ► protein

BLAST Genomes

[Human](#) [Mouse](#) [Rat](#) [Microbes](#)

Biz nukleotidlar ketma-ketligini tekshirmoqchi bo'lganimiz uchun chap tomonda turgan **Nucleotide BLAST** tugmasini bosamiz. Kompyuter ekranida quyidagi oyna ochiladi.

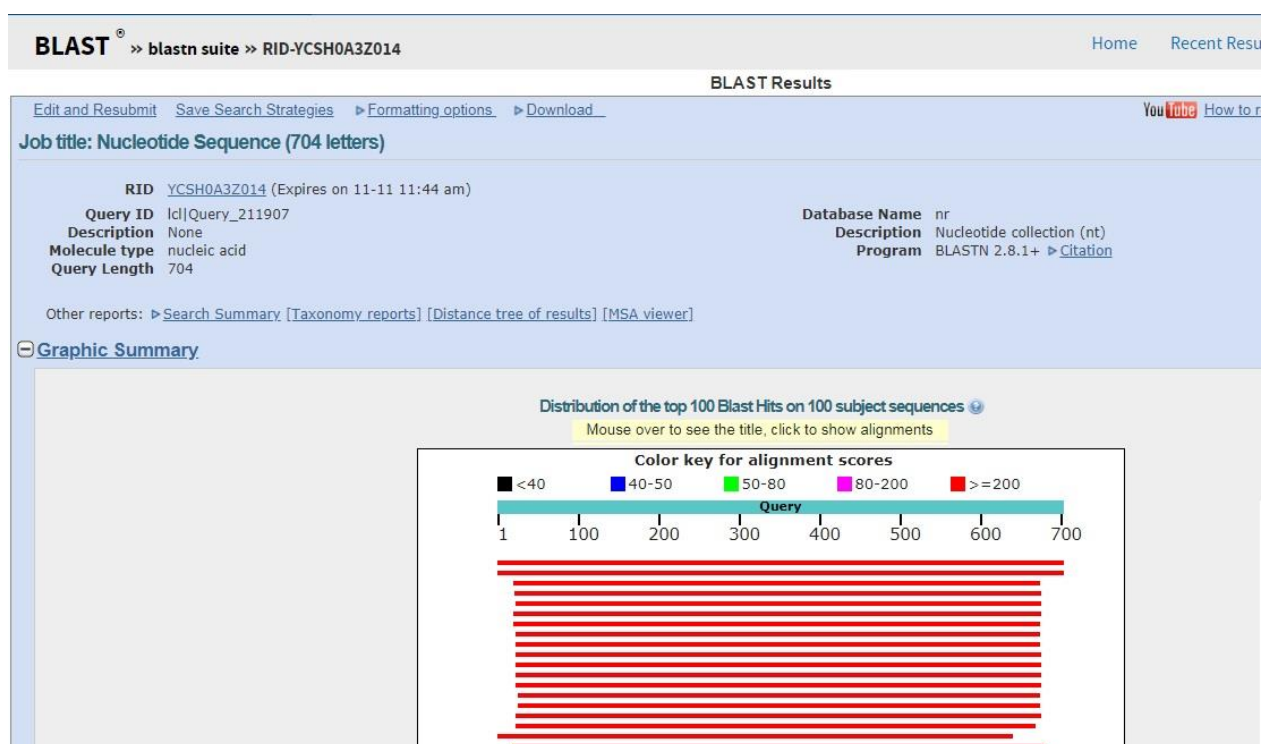
The screenshot shows the NCBI BLAST Standard Nucleotide BLAST interface. The interface is divided into several sections:

- Enter Query Sequence:** A text box for entering the accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s). A red arrow points to this text box.
- Choose Search Set:** A section for selecting the database and organism. It includes radio buttons for "Human genomic + transcript", "Mouse genomic + transcript", and "Others (nr etc.)". The "Others (nr etc.)" option is selected. Below it is a dropdown menu showing "Nucleotide collection (nr/nt)". A red arrow points to this section.
- Program Selection:** A section for selecting the BLAST algorithm. It includes radio buttons for "Highly similar sequences (megablast)", "More dissimilar sequences (discontiguous megablast)", and "Somewhat similar sequences (blastn)". The "Highly similar sequences (megablast)" option is selected. A red arrow points to this section.
- BLAST Button:** A blue button labeled "BLAST" is highlighted with a red box at the bottom left.

Nukleotidlarimizni birinchi yuqoridagi qizil ko'rsatgichda ko'rsatilgan joyga ko'chirib olib qo'yamiz (Ctrl+C va Ctrl+V). Shundan so'ng ikkinchi ko'rsatkich ko'rsatayotgan joy belgilanganligini tekshiramiz. Bu nuqta siz yuklagan nukleotidlarni qaysi ma'lumotlar ba'zasi bilan solishtirish kerakligini aniqlashtirish uchun kerak. U yerda ayni vaqtda **Human genomic + transcript** - odam genomi va **Mouse genomic + transcript** - sichqon genomi ma'lumotlar bazasi ko'rsatilmoqda. Biz Others - boshqalar degan bo'limini

tanladik. Oxirgi ko'rsatkich Highly similar sequences - 'juda ham o'xshash ketma-ketlik' degan tugma tanlanganligini ko'rsatmoqda. Bu bizga biz tekshirayotgan nukleotidlar ketma-ketligiga eng yaqin natijani ko'rsatib berishi uchun kerak. Shulardan keyin pastda chap tomonda turgan BLAST tugmasini bir marotaba bosamiz. Dastur bizga NCBI ma'lumotlar bazasidagi barcha nukleotidlar ketma-ketligi bilan bizning namunamizni solishtirib, biznikiga o'xshash bo'lgan natijalarni ko'rsatib beradi. BLAST bosilganidan so'ng quyidagi oyna ochiladi.

BLAST natijalari



Oynaning yuqori qismida BLAST amalga oshirilgan operatsiya haqida qisqacha ma'lumot va bizning nukleotidlar solishtirilishidan qo'lgan kiritilgan dastlabki 100 ta eng o'xshash natijalarning diagramma holatidagi tasviri ko'rsatiladi. Agar tekshirilayotgan nukleotidlar ketma-ketligidagi 200 tadan ortiq nukleotidlar o'zaro o'xshash chiqsa natijalar qizil rangda tasvirlanadi. Yuqoridagi rasmda 1 dan 700 tagacha bo'lgan moviy tasvir bu bizning nukleotidlar, pastdagilari esa biznikiga mos tushgan natijalarning ko'rinishi.

Oynaning pastrog'iga tushsak, natijalarning barcha ko'rsargichlarini ko'rishimiz mumkin bo'ladi.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

1	Description	Max score	Total score	2 Query cover	3 E value	4 Ident	Accession
☐	Pseudorasbora parva cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, complete cds, mitochondrial	1227	1227	100%	0.0	98%	KJ415113.1
☐	Pseudorasbora parva voucher SF0809001 mitochondrion, complete genome	1227	1227	100%	0.0	98%	JF802126.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Bayraktar cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1192	1192	93%	0.0	99%	JQ979165.1
☐	Pseudorasbora parva voucher AUTH10-278 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1192	1192	93%	0.0	99%	HQ600753.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Ex11A12 cytochrome oxidase subunit I gene, partial cds, mitochondrial	1188	1188	92%	0.0	99%	KJ554179.1
☐	Pseudorasbora parva voucher AUTH10-279 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1188	1188	93%	0.0	99%	HQ600754.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Kirazli cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1186	1186	93%	0.0	99%	JQ979164.1
☐	Pseudorasbora parva voucher Ex53D10 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	KM287041.1
☐	Pseudorasbora parva voucher Ex53D12 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	KM287039.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0066 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	HQ960448.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0330 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960572.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0510 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960668.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0347 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960580.1

Ushbu tasvirdagi birinchi raqamda (1) bizning nukleotidlar ketma-ketligiga mos kelgan bazadagi organizmlarning nomi yozilgan. E'tibor bersangiz deyarli barcha natijalarda ***Pseudorasbora parva*** organizmiga tegishli ko'rsatkichlar keltirilgan. Ikkinchi raqamda (2) bizning nukleotidlarimiz bazadagi nukleotidlarning qancha foizi bilan o'zaro mos tushganligini ko'rsatadi. Uchinchi raqam (3) esa biz tekshirayotgan turning aniqlanish foizini ko'rsatadi. To'rtinchi raqam (4) esa bazadagi organizm ma'lumotlarining raqami, bu xuddi bizning passport raqamimizga o'xshaydi. Bazadagi har bir organizm ma'lumotlari xuddi mana shunday raqam bilan belgilanadi. E'tibor bersangiz deyarli barcha ko'rsatkichlar (3-raqamdagisi) 98-99 foizni ko'rsatmoqda. Biz tekshirayotgan baliq juda ham yuqori ehtimollik bilan *Pseudorasbora parva* ekanligi ma'lum bo'ladi.

Natijalar tahlili

Oynaning yana bir pastrog'iga tushsak, mana shu har bir natija ko'rsatkichi bilan bizdagi ko'rsatkich qanday solishtirilgani ko'rsatiladi.

Pseudorasbora parva cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, complete cds; mitochondrial
Sequence ID: [KJ415113.1](#) Length: 1551 Number of Matches: 1

Range 1: 23 to 725 GenBank Graphics

Next Match Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1227 bits(664)	0.0	691/704(98%)	1/704(0%)	Plus/Minus

Query	1	TCTGGGTGGCCAAAGAATCAAAATAGATGTTGATATAGGATTGGGTCCTCCCCCAGCC	60	
Sbjct	725	TCTGGGTGGCCGAAAAATCAAAATAGATGTTGATATAGGATTGGGTCCTCCCCCAGCC	666	
Query	61	GGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTTCGGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCT	120	
Sbjct	665	GGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTTCGGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCT	606	
Query	121	AGGACCGGTAGCGATAGTAGAAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAG	180	
Sbjct	605	AGGACCGGTAGCGATAGTAGAAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAG	546	
Query	181	GGCGTTTGATATTGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTA	240	
Sbjct	545	GGCGTTTGATACTGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTA	486	
Query	241	ATTGCGCTAGAAATGATGAGACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAATAGTTAAGTCTACT	300	
Sbjct	485	ATTGCGCTAGAAATGATGAAACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAATAGTTAAGTCTACT	426	
Query	301	GATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGATAAACCGTTCAGCCCGTTCCT	360	
Sbjct	425	GATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGATAAACCGTTCAGCCCGTTCCT	366	
Query	361	GCCCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGAAAGAGGGGAAGTAGTCAG	420	
Sbjct	365	GCTCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGAAAGAGGGGAAGTAGTCAG	306	
Query	421	AAGCTTATATTATTCATACGGGGGAATGCTATGTCAGGGGCCCAATCATTAAAGGGACC	480	
Sbjct	305	AAGCTTATATTATTCATACGGGGGAATGCTATGTCAGGGGCCCAATCATTAAAGGGACC	246	
Query	481	AGTCAATTTCCGAAGCCCCAATGAGAATCGGCATTACTATAAAGAAAATTATAACAAAG	540	
Sbjct	245	AGTCAATTTCCGAAGCCCCAATGAGAATCGGCATTACTATAAAGAAAATTATAACAAAG	186	
Query	541	GCGTGGGCGGTAAACAATAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGG	600	
Sbjct	185	GCGTGGGCGGTAAACAATAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGG	126	
Query	601	CTTAATTCAGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACTATATCCGGCTCAGGCACC	660	
Sbjct	125	CTTAATTCAGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACTATATCCGGCTCAGGCACC	67	
Query	661	AAATACAAGATAAAGGGTGCCAATGTCTTTGGGGTTGGTTGAAA	704	
Sbjct	66	AAATACAAGATAAAGGGTGCCAATGTCTTTGTGATTAGTAGAAA	23	

Birinchi qatorda bizning nukleotidlar (qizil ko'rsatkich) ikkinchi qatorda bazadagi organizm nukleotidlari (ko'k ko'rsatkich) o'zaro birma-bir solishtirib ko'rsatilgan. Yuqoridagi qizil to'rtburcha ichida **691/704 (98%)** deb yozib qo'yilibdi. Bu degani solishtirilgan 704 ta nukleotiddan 691 tasi aynan bir xil va tekshirilayotgan organizm aynan mana shu tur ekanligining ehtimoli 98% degan ma'noni bildiradi. Yuqorida biz COI genini teshirayotganimizni aytib o'tgan edik. COI geniga xos bo'lgan xususiyatlardan biri shuki, barcha organizmlarda ushbu gen tarkibida bo'shliqlar (gap) mavjud bo'lmaydi. Ya'ni

DNK ning biror qismi nukleotidsiz bo'lmaydi. Qizil yumaloq aylanada esa 704 ta solishtirilgan nukleotidlar ichida bitta mana shunday gap mavjud deyilmoqda. O'sha bo'shliq (gap) pastda ko'rsatilgan. U bazadagi namunada turibdi. O'sha bo'shliq yuqorisida bizning namunada adenin (A) turibdi. Bu shundan dalolat beradiki, bizning namunadagi aynan o'sha A ortiqcha. U qayerdan paydo bo'lib qoldi? Buni ishning boshida **ContigExpress Project** dasturida ishlayotganimizdagi jarayondan topib olamiz. Deyarli yuqori ehtimollik bilan biz DNK zanjirini noto'g'ri o'qish natijasida uni qo'shib olgan bo'lib chiqamiz. Chunki bazadagi ma'lumotlarda bunday kamchiliklar bo'lmaydi. Demak xulosa sifatida biz tekshirayotgan organizm *Pseudorasbora parva* ekanligini bilib oldik. Ushbu baliqni to'g'ri aniqlaganimizni **fishbase.org** sayti orqali tekshirib ko'ramiz. U yerdagi bizga quyidagi baliqning ma'lumotlari ko'rsatilmoqda.

Pseudorasbora parva (Temminck & Schlegel, 1846)
Stone moroko

Upload your [photos and videos](#)
[Pictures](#) | [Google image](#)



Pseudorasbora parva
Picture by [Lorenzoni, M.](#)

Classification / Names

[Common names](#) | [Synonyms](#) | [Catalog of Fishes \(gen., sp.\)](#) | [ITIS](#) | [CoL](#) | [WoRMS](#) | [Cloffa](#)

Actinopterygii (ray-finned fishes) > [Cypriniformes](#) (Carps) > [Cyprinidae](#) (Minnows or carps) > [Gobioninae](#)
Etymology: *Pseudorasbora*: Greek, pseudes = false + Rasbora, an Indian word for a fish, also used in Malay peninsula.

Environment: milieu / climate zone / depth range / distribution range

[Ecology](#)

Freshwater; benthopelagic; pH range: ? - 7.0; dH range: ? - 15. Temperate; 5°C - 22°C (Ref. [2060](#)); 54°N - 22°N, 110°E - 141°E

Distribution

[Countries](#) | [FAO areas](#) | [Ecosystems](#) | [Occurrences](#) | [Point map](#) | [Introductions](#) | [Faunafri](#)

Asia: Amur to Zhujiang [Pearl River] drainages in Siberia, Korea and China (Ref. [59043](#)). Introduced to various areas in Europe and Asia. Several countries report adverse ecological impact after introduction (Ref. [1739](#)).

Men tutgan kichik baliq ham taxminan ayni rasmdagidek edi. Ma'lumotni yanada aniqlashtirish uchun ushbu baliq tarqalgan mamlakatlar ro'yxatini

tekshiraman va u yerda O'zbekiston ko'rsatilgan. Demak hammasi to'g'ri ketmoqda.

Savol yuzaga keladi!

BLAST ko'rsatgan ko'rsatkichlar rostdan ham aniqmi? Men tutgan baliq aniq *Pseudorasbora parva* mi? BLAST menga aniqlik darajasi 98-99% deb ko'rsatmoqda. Bu deyarli aniq degan gap. Agar o'xshashlik ko'rsatkichi 96 foizdan past bo'lsa demak bu yuqori ehtimollik bilan boshqa tur bo'lib chiqar edi. Lekin turni aniqlash, natijani tasdiqlash bu bilan yakunlanmaydi. Oldinda MEGA dasturida tekshirib ko'rish turibdi. MEGA dasturi yordamida turlarning o'zaro genetik masofasi K2P (Kimura-2-parameter) usulida tekshiriladi. Qolaversa u yerda filogenetik daraxt tuzish yordamida ham bu turlarning genetik jihatdan qay darajada bir-biriga yaqin yoki uzoq ekanligini tekshirish mumkin. Bir nechta bioinformatik dasturlar yordamiga mana shunday biz ko'zlagan maqsadga erishamiz.

Bundan tashqari yana juda ko'p savollar yuzaga kelayotgan bo'lishi mumkin. Masalan, ular quyidagicha bo'lishi mumkin: *Biz tekshirayotgan organizm turning ma'lumotlari bazada bo'lmasachi? Biz qaysi tur ekanligi aniq bo'lgan organizmning nukleotidlari tekshirilganda butkul boshqa tur ko'rsatilsachi? Umuman hech qanday natija chiqmasa nima qilinadi?* Tekshirilayotganda natija masalan 80 foiz chiqib qolsa, nima qilinadi? Bunga o'xshash savollarning har biriga atroflicha javob berish mumkin, lekin ular boshqa maqolaning mavzusi bo'lib qoladi. Keyinchalik BLASTning bu jihatlariga yana to'xtalishga harakat qilamiz.

BLAST ning boshqa funksiyalari

BLASTning funksiyalari men ko'rsatgan misol bilan yakunlanib qolmaydi. Men bugungi maqolada ularning atigi yarmiga yaqinini ko'rsatib

berdim xolos. Uning boshqa funksiyalari haqida mana bu yerda yanada ko'proq ma'lumotlarni o'qishingiz mumkin.

4-MAVZU. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. Molekulyar filogenetika.

Reja:

- 3. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklarini aniqlash.**
- 4. Molekulyar filogenetika.**

1. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklarini aniqlash.

Biologik ketma-ketliklarni taqqoslash. NCBI ma'lumotlar bazasi.

Bugungi kunda kompyuterlar biologik tadqiqot ishlarini ajralmas qismi hisoblanadi. Kompyuterlar biologik xajmi o'sib borayotgan va murakkab ma'lumotlarni boshqarish ishlarida qo'o'lanilmoqda. Internet xalqaro tarmoqlarining paydo bo'lishi aloqa soxasida revolyutsiyani sodir etdi va "Xalqaro o'rgimchak to'ri" internet tarmoqlarining rivojlanishiga butun jaxonda asos soldi.

Kompyuter bu hisoblash mashinasi bo'lib, ikkilamchi hisoblash rejimida ma'lumotlarni qayta ishlaydi va saqlaydi. EXMlar matematik operatsiyalar bilan birga, belgilar bilan ish olib borish xususiyatlariga ega. Kompyuterlar ko'p sonli tranzistorlar, tkondensatorlar va rezistorlardan tashkil topgan. Bioinfoematika paydo bo'lishi albatta kompyuter jixozlarining konstruksiyalash va dasturiy ta'minotsiz amalga oshmas edi. Ma'lumotlar saqlash uchun yuqori tezlikka ega bo'lgan va xajmga ega bo'lgan tashuvchilar zarur bo'ladi. To'plamlarni hosil qilish va ma'lumotlarni tahlil qilishda maxsus dasturlar kerak bo'ladi.

Dasturiy ta'minot – turli xil dasturlar yig'indisidan iborat bo'lib, EXM da ishlash imkonini beradi. Fizikaviy jixozlarga: protsessor, diskovodlar, displey kiradi. Dasturiy ta'minot ikki kategoriyaga bo'linadi: tizimli va amaliy. Tizimli dasturiy taxminot kompyuter opreatsion tizimidan iborat bo'lib, dasturlar yig'indisidan iborab, ilovalarni ishga tushirish uchun qo'llaniladi, amaliy dasturiy ta'minot foydalanuvchi tomonidan maxsus vazifalarni amalga oshirish uchun o'rnatiladi. Kompyuterda nukleotidlar ketma-ketligi to'g'risidagi ma'lumotni chiziqlar shaklida saqlaydi – nukleotidlar belgilarining oddiy qatorlari shaklida. Xar bir belgi ikkitalik kod shaklida, ma'lumotning enk kichik birligi sifatida beriladi, va bayt deb ataladi. Xar bir bayt 8 bitdan iborab bo'lib, xar bir bit 0 dar 1 gacha ma'noga ega bo'ladi, u o'z navbatida 255 bitlarning turli xil kombinatsiyalarini ya'ni bitta bitning 255 ta belgini kodlash imkonini beradi. DNK ketma-ketliklari kompyuterda 8 bitlik so'zlar so'zlar qatorida ikkilamchi formatda beriladi, oqsil ketma-ketliklari 8 bitlik so'zlarda amnokislotalar xarflari shaklida ikkilamchi formatda beriladi. DNK va oqsil ketma-ketligi to'g'risidagi ma'lumot matn standart formatining ASKOI yoki FASTA dasturida kiritiladi. Molekulyar biologiya soxasida Yevropa laboratoriyalarining ma'lumotlar bazalarini birlashtirish maqsadida bioinformatika va hisoblash biologiyasi uslublarini qo'llagan xolda 1988 yilda tarmoq tashkil qilinadi. Bu tarmoq “EMBnet” (EMBnet-European Molecular Biology net) deb ataladi, ushbu tarmoq vazifalariga Yevropaning turli davlatlarida joylashgan laboratoriya xodimlariga ma'sus veb tarmoqlar orqali maxalliy tilda ta'lim va informatsion soxasida xizmatlar ko'rsatish hisoblanadi. Xozirgi kunda YeMBnet 34 ta tarmoqga xizmat ko'rsatadi. Bulardan 20 tarmoq – maxsus ajratilgan milliy tarmoqlar hisoblanadi. Bu milliy tarmoqlar bazalar ma'lumotlarini dasturiy ta'minot bilan va tarmoq xizmatlari ta'minlab turishi, ketma-ketliklar tahlili, oqsillarni modellash, genetik xaritalarni tuzish, foydalanuvchilarni server xizmatlari bilan tanishtirish va qo'llab quvvatlab turishlari va ilmiy izlanishlar olib borishlari, yangi ishlanmalarni kiritib

turishlari zarur. YeMBnet 8 tarmoqlari maxsus ko'rsatma asosida ishlaydi. Bularshga o'quv, ishlab chiqarish va ilmiy-tadqiqot markazlari kiradi, ular bioinformatikaning maxsus ma'lum yo'nalishlarida faoliyat olib borishadi. Ular tomonidan asosan biologiya soxasi uchun maxsus dasturlar ishlab chiqarishadi. YeMBnetning qolgan 6 tarmoqlari integratsiyalangan bo'lib, qo'shilgan tarmoqlar hisoblanadi. Boshqa davlatlarning hisoblash biologiyasi bo'yicha markazlari bo'lib, foydalanuvchilar uchun xuddi shu xizmatlar ko'rsatiladi. Ushbu xamma tarmoqlar bazalar bo'yicha, ketma-ketliklarning tahlili dasturi, molekulyar modellashtirishning turli xil vositalari, genom tahlili, genlarni xaritalash bo'yicha zamonaviy xizmatlar ko'rsatadi.

Abbreviatura	Davlatlar	Adres
IBBM	Argentina	http://sol.biol.unlp.edu.ar/
ANGIS	Avstraliya	http://www.angis.su.oz.au/
CBI	Xitoy	http://www.cbi.pku.edu.cn/
CIGB	Kuba	http://bio.cigb.edu.cu/
CDFD	Indiya	http://salarjung.embnet/
SANBI	Janubiy Afrika	http://www.sanbi.ac.za

Ketma-ketliklar tanlanmasini tizimini (KTT)-(SRS-Sequence Retrieval System) moleklur biologiya uchun ma'lumotlar bazasi uchun tarmoq sharxlovchisi hisoblanadi. Bu tarmoq YeMBnet foydalanuvchilari uchun qo'shimcha xizmatlar ko'rsatish maqsadida ishlab chiqilgan.

2. Molekulyar filogenetika.

DNK yoki oqsillar ketma-ketligi ko'rinishidagi molekulyar ma'lumotlar mavjud organizmlarning juda foydali evolyutsion istiqbollarini ham ta'minlaydi, chunki organizmlar rivojlanib borishi bilan genetik materiallar vaqt o'tgani sari mutatsiyalarni fenotipik o'zgarishlarga olib keladi. Genlar to'plangan mutatsiyalarni qayd qilish uchun vosita bo'lganligi sababli, ular molekulyar qazilmalar bo'lib xizmat qilishi mumkin. Bir qator o'zaro bog'liq

organizmlarning molekulyar qoldiqlarini qiyosiy tahlil qilish orqali genlarning va hatto organizmlarning evolyutsion tarixi aniqlanish imkonini beradi. Ammo filogeniyaning inkor etish juda mashaqqatli ishdir, chunki ma'lumotlar va tadqiqotlar shunchalik darajada ko'p, ammo hisoblash va qator bioinformatika vositalarini ishlab chiqish va ulardan foydalanish bilan amaliy hisoblash vaqtlarida katta ma'lumotlar to'plamini tahlil qilish va yuqori ehtimollik bilan eng maqbul yoki eng maqbul yechimlarni topish imkoniyati mavjud. Ushbu tendentsiyaga javoban, filoinformatika (ya'ni, hisoblash filogenetikasi) bo'yicha olib borilayotgan izlanishlarning aksariyati samaraliroq evristik yondashuvlarni ishlab chiqishga qaratilgan.

Filogeniya – biologiyaning bir qismi bo'lib, organizmlarni bir-biridan kelib chiqish muammolarini o'rganadi. Filogeniya odatda sistematik nomlar yoki «evolyutsion shajara» ko'rinishida tasvirlanadi.

Molekulyar filogenetika-polimer makromolekulalar-DNK, RNK va oqsillarning tuzilishini o'rganish asosida tirik organizmlar o'rtasidagi munosabatlarni o'rnatish usulidir. Molekulyar filogenetik tahlil natijasi tirik organizmlarning filogenetik daraxtini qurishdir.

Molekulyar filogenetika tirik organizmlarning ilmiy tasnifiga kuchli ta'sir ko'rsatdi. Makromolekulalar bilan ishlash usullari turli ixtisosdagi biologlar uchun mavjud bo'lib, bu tirik organizmlar haqida yangi ma'lumotlar yig'ilishiga olib keldi. Bu ma'lumotlar asosida tirik organizmlar evolyutsiyasi haqidagi eski taxminlar qayta ko'rib chiqilmoqda. Ular yangi guruhlarini, shu jumladan faqat molekulyar filogenetik ma'lumotlar asosida aniqlangan guruhlarini ta'riflaydilar. **Tirik organizmlar tuzilishiga qarab o'xshash va farqlarga ega bo'lgan guruhlariga bo'linadi.** Agar ikki xil organizm bir biri bilan juda bog'liq bo'lsa, ularning ajdodlari bitta deb qabul qilinadi.

Filogenetik tahlil bu evolyutsion munosabatlarni baxolashga kiradi. Evolyutsion tarix esa filogenetik tahlil asosida shoxlangan, daraxtsimon diagrammalar asosida shakllantiriladi, unda taqribiy avlodlar o'rtasidagi nasliy

munosabatlar keltiriladi. Bunday munosabatlar molekulalar, organizmlar o'rtasida keltirilishi mumkin. Turli xil organizmlar o'rtasidagi filogoniyalar ular o'rtasidagi gomologiyalarni taxmin qiladi va klassifikatsiyaga bog'liq bo'ladi. Filogeniya bir necha belgilar to'plamiga ko'ra, yoki klassifikatsiya asosida munosabatlar topologiyasini o'rnatadi, yoki bu munosabatlarda evolyutsion jarayonlar modelini tuzadi.

Evolutsion daraxt. Organizmlar, populyatsiyalar, turlar va genlar o'rtasidagi munosabatlar tom ma'noda ularning qarindoshligiga yoki genealogiyasiga qarab, ya'ni bitta ajdoddan kelib chiqishiga qarab quriladi. Natijalar ko'pgina holatlarda daraxt diagrammasi shaklida beriladi. Agar oxirida keltirilgan avlodlar hammasi bitta ajdoddan rivojlangan bo'lsa, bunga ildizli asosli deb ataladi. Evolyutsion daraxtlar genetik ma'lumotlar asosida ham shakllantiriladi. Bir biriga qarindosh bo'lgan nukleotidlar ketma-ketligi yoki oqsillar ketma-ketligining filogenetik tahlili evolyutsiya davomida oilalar rivojlanishining yo'nalishlarini aniqlashda katta ahamiyatga egadir. Ketma-ketliklarning evolyutsion munosabatlarini shakllantirishda tashqi shoxlanish diagrammasidan foydalaniladi. Bunda daraxt asosidagi shoxlangan bog'lanishlar ketma-ketliklar o'rtasidagi munosabatlar shakllanishini aks ettiradi. Filogenetik tahlilning asosiy maqsadi, daraxtdagi shoxlangan bog'lanishlarni aniqlash va shoxlarning uzunligini aniqlashga qaratiladi. Nuklein kislotalar va oqsillarning ketma-ketliklarning tahlilida ko'pincha qo'shni shoxlarda joylashgan bir biriga yaqin bo'lgan pozitsiyalarga qarab aniqlanadi. Agar organizmlarda yoki organizmlar guruhida genlar guruhi aniqlansa, bu oila genlarining o'rtasidagi filogenetik munosabatlar ularning ekvivalent funksiyalari to'g'risida ma'lumot berishi mumkin. Agar ikki turli xil organizmlarda topilgan ikki xil nuklein kislotalari yoki oqsillar bir biriga o'xshasa, ularning bir ajdoddan kelib chiqqanligi to'g'risida ma'lumot olish mumkin. Bunday ketma-ketliklarni taxrirlash natijasida ketma-ketliklarda o'zgarmay qolgan pozitsiyalarni aniqlash imkonini beradi va qaysilari

o'zgarganligini bilish mumkin. Bu ikki pozitsiya ketma-ketliklari evolyutsion qarindosh bo'ladi va ularni gomologik deb hisoblash mumkin. Filogenetikada qo'yidagi sistematik yondashuvlar mavjud: guruhli-fenetik, vaqtinchalik – kladistik, va evolyutsion.

Fenetik va kladistik yondashuvlar. Molekulyar ma'lumotlar asosida filogeniya qurish usullari juda ko'p. Ularni ikki turga bo'lish mumkin: fenetik yondashuv turlar fenotipik o'xshashligiga qarab guruhlanadi, bunda xamma belgilar hisobga olinadi. Filogenetik munosabatlar evolyutsion tarixga kirmaydi. Kladistik yondashuvga asosan guruhlariga faqat umumiy orttirilgan belgilar kiritiladi, ya'ni ajdodlarda bo'lmagan belgilar bo'yicha guruhlanadi. Kladistik yondashuv genealogiyaga yondashadi va filogenetik tahlil uchun eng yaxshi uslublardan hisoblanadi, hozirgi evolyutsion nazariyani hisobga oladi va yangi turlar evolyutsion shaxlanish natijasida kelib chiqadi deb taxmin qiladi, ya'ni kladogeneza asosida. Kladistik yondashuv xamma imkon bo'lgan evolyutsiya yo'nalishlarini o'z ichiga oladi, har bir tugunda ajdodlar tasniflarini ishlab chiqadi, va hosil bo'lgan optimal daraxtni tanlab oladi va evolyutsion modelini tuzadi. Kladistikaning asosiy nuqtasi ya'ni bir guruh vakillari yoki klad vakillari umumiy evolyutsion tarixga ega va yaqin aloqaga ega ekanligini bildiradi.

Uzoq ajdodlarida bo'lmagan belgilariga qarab, umumiy xarakterli belgilariga ko'ra guruhlanadi. Bunday orttirilgan belgilariga vizual jixatdan tasvirlanadigan turli xil belgilar kiritiladi. Kladistik tahlil fenotipik belgilar yoki aminokislotalar, nuklein kislotalar asoslarining ketma-ketligiga qarab olib boriladi.

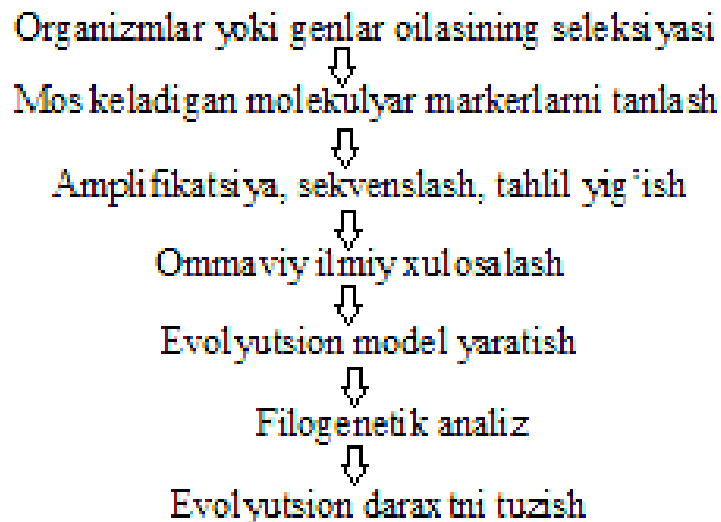
Kladistikada uch xil mumkin bo'lgan xolatlar mavjud:

1. Organizmlar uzaro umumiy ajdoddan kelib chiqishiga qarab bog'liq bo'ladi.
2. Evolyutsion chiziqlar vaqt oralig'ida shoxlanadi.

3. Vaqt o'tishi bilan avlodlarda xarakteristikalarda o'zgarishlar sodir bo'ladi.

Klad, takson va tugun. Klad deb monofiletik takson tushuniladi. Klad - bu umumiy ajdodga ega bo'lgan yaqin guruhlar va ular a'zolarining organizmlari va genlari kiradi. Klad so'zi grekcha so'zdan kladosdan olingan bo'lib, shox degan ma'noni bildiradi. Takson organizmlarning klassifikatsiyasidagi xoxlagan guruhlar tushuniladi. Tugun evolyutsion chiziqning shoxlanish nuqtasi tushuniladi, ya'ni turlarning bir biridan ajralishini anglatadi. Har qanday filogenetik tahlilning asosiy bosqichlari quyidagilardan iborat:

Filogenetik tahlil bosqichlari:



- *Ma'lumotlar bazasini yig'ish va tekislash*
- ✓ Birinchi qadam protein yoki DNKning qiziqish ketma-ketligini aniqlash va boshqa tegishli ketma-ketlikdan iborat ma'lumotlar to'plamini yig'ishdir.
- ✓ DNK qiziqishlarining ketma-ketligini NCBI BLAST yoki shunga o'xshash qidirish vositalaridan foydalanib olish mumkin.
- ✓ Agar ketma-ketliklar tanlangan va olingan bo'lsa, bir nechta ketma-ketlik hizalanmasi yaratiladi.
- ✓ Bu matologiyada gomologiyani aniqlash uchun ketma-ketliklar to'plamini tashkil qilishni o'z ichiga oladi.

✓ ClustalW, MSA, MAFFT va T-Coffee kabi ko'plab veb-saytlar va dasturlar mavjud bo'lib, ular ma'lum bir molekulyar ma'lumot to'plamida bir nechta ketma-ketlikni bajarish uchun mo'ljallangan.

- *Hisoblash usullari va stoxastik modellar yordamida ketma-ketliklardan filogenetik daraxtlarni qurish (baholash)*

✓ Filogenetik daraxtlarni qurish uchun daraxtlar topologiyasini aniqlash va ma'lumotlar to'plamidagi hizalanadigan ketma-ketlikning filogenetik aloqalarini eng yaxshi tavsiflaydigan filial uzunligini hisoblash uchun statistik usullar qo'llaniladi.

✓ Qo'llaniladigan eng keng tarqalgan hisoblash usullari orasida masofaviy-matritsa usullari va maksimal parsimoniya va maksimal ehtimollik kabi diskret ma'lumotlar usullari mavjud.

✓ Ushbu eng mashhur usullarni qo'llaydigan Paup, PAML, PHYLIP kabi bir nechta dasturiy paketlar mavjud.

- *Hisoblangan daraxtlarni statistik ravishda sinab ko'ring va baholang.*

✓ Daraxtni baholash algoritmlari bitta yoki bir nechta eng yaxshi daraxtlarni yaratadi.

✓ Mumkin bo'lgan daraxtlarning ushbu to'plami bitta daraxtning boshqasidan yaxshi yoki yo'qligini va agar taklif etilgan filogeniya maqsadga muvofiq bo'lsa, baholash uchun bir qator statistik sinovlardan o'tkaziladi.

✓ Daraxtlarni baholashning keng tarqalgan usullari Bootstrap va Jackknife Resampling usullari va parsimoniya, masofa va ehtimollik kabi analitik usullarni o'z ichiga oladi.

Filogenetik tahlil uchun bioinformatika vositalari.

Filogenetik tahlil uchun ishlatilishi mumkin bo'lgan bir nechta bioinformatika vositalari va ma'lumotlar bazalari mavjud. Bularga PANTHER, P-Pod, PFam, TreeFam, UPGMA, PhyloFacts, MEGA-7 va Clustaw2_phylogeny dasturi tarkibiy filogenomik entsiklopediyasi kiradi. Ushbu ma'lumotlar bazalarining har biri turli xil algoritmlardan foydalanadi va

ketma-ketlik ma'lumotlarini olish uchun turli xil manbalardan foydalanadi va shuning uchun PANTHER tomonidan hisoblangan daraxtlar, masalan, P-Pod yoki PFam tomonidan yaratilgan daraxtlardan sezilarli farq qilishi mumkin. Ushbu turdagi barcha bioinformatika vositalarida bo'lgani kabi turli xil usullarni sinab ko'rish, natijalarni taqqoslash, keyin har xil ma'lumotlar to'plamini jalb qilgan tadqiqotlar uchun qaysi ma'lumotlar bazasi yaxshi ishlashini aniqlash (konsensus natijalariga ko'ra) muhimdir.

Tahlil uchun olingan ketma-ketliklarni tuzilib. Clustal Omega dasturi yordamida nukleotidlar ketma – ketligini ko'p marotabali to'g'irlanadi. Keyingi bosqichda filogenetik daraxtni tuzishda MEGA-7 programmasida ko'proq haqiqatga o'xshashlik usuli (*maximal likelihood*), maksimal iqtisod (*maximal parsimony*), chamalab ko'rilgan o'rtacha juftlik (UPGMA) va yaqin qo'shnilar (*Neighbor-joining*) dasturlari orqali tekshiriladi va olingan nukleotidlar ketma-ketligini halqaro Genbank (NCBI) joylashtiriladi.

Hozirgi kunda molekulyar daraxtlarni shakllantirishning bir necha xil uslubi mavjud. Maksimal tejamkorlik yoki minimal evolyutsiya uslubi ketma-ketliklarda hosil bo'ladigan o'zganrishlarning ko'rsatishda qadamlar sonini minimallashtirishga asoslangan. Ketma-ketliklarning qaysi pozitsiyasida o'zgarishlarni aniqlash maqsadida, yoki belgilarning to'g'ri kelishiga qarab, bu ketma-ketliklarning ko'p taxririni tuzish kerak bo'ladi. Bu pozitsiyalarda taxrirlar o'xshash belgilariga ko'ra vertikal joylashtiriladi. Bu uslubda mutatsiyalarning minimal soniga bir ketma-ketlikdan boshqa ketma-ketlik kelib chiqishiga ko'ra qarab daraxtlar shakllantiriladi. Minimal evolyutsiyaning asosiy dasturlarga: PHYLIP, DNAPARS, DNAPENNY, DNACOMP, DNAMOVE, PROTPARS lar mansub.

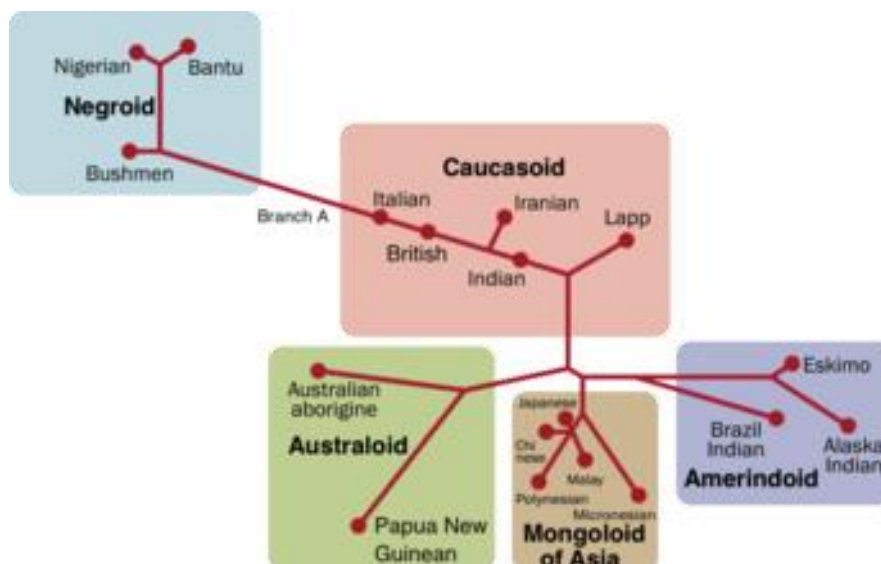
UPGMA juftliklar guruhi usuli. Pairwise intra-group unweighted (arifmetik o'rtacha, UPGMA juftliklar guruhi usuli) usuli eng oddiylaridan hisoblanadi. Uning hozirgi shaklida, usul 1973 Singh va Sokal tomonidan taqdim qilingan. Dastlab uslubni filogenetikada qo'llash morfologik

xususiyatlar asosida fenogrammlar qurish bilan bog'liq. Metoddan foydalanishning zaruriy sharti o'rganilayotgan nukleotid ketma-ketliklarining doimiy evolyutsiya tezligi hisoblanadi. Agar ketma-ketlik evolyutsiyasi tezligi notekis bo'lsa (molekulyar soat modeli mos kelmasa), UPGMA usuli daraxt topologiyasida xatoliklarga olib kelishi mumkin.

Algoritm usuli. Birinchi bosqichda masofa matritsasida eng kichik masofa qiymatiga ega bo'lgan ikkita takson topiladi. Bu ikki takson bitta klasterga (yoki kompozitsion taksonga) birlashtiriladi. Bu usul molekulyar evolyutsiyaning yagona tezligini nazarda tutgani uchun shoxlanish (divergensiya) nuqtasi ikki takson orasidagi genetik masofaning yarmini tashkil etadi. Kelajakda bu ikki taksonning klasteri bir butun hisoblanadi. Masofa matritsasi kompozitsion takson bilan boshqa takson orasidagi masofa ga teng deb faraz qilib, qayta hisoblanadi:

$$d_{uk} = (d_{u1k} + d_{u2k})/2$$

qaerda d – genetik masofa bo'lsa, u kompozit ketma-ketlik, $u1$ va $u2$ kompozit ketma-ketlik ebo'lib, kompozit ketma-ketlikka kiritilmagan takson bo'ladi. So'ngra eng kichik genetik masofaga ega bo'lgan ikkita onyana tanlab olinib, klasterga birlashtiriladi va yangi masofa matritsasi quriladi va hokazo.



Qoshnilarni qoshish usuli. Genetik masofalar xaritasi 2002 yilda tuzilgan bo'lib, qo'shnilarni qo'shish orqali 18 ta insonlar guruhi baxolangan, 23 xil genetik ma'lumotlar baxolangan. Xarita Yaponiya Milliy Genetika instituti professori Naruya Saytou tomonidan yaratilgan.

PANTHER – Evolyutsion aloqalar orqali oqsillarni tahlil qilish.

GENEONTOLOGY
Unifying Biology

PANTHER
Classification System

KIRISH RO'YXATDAN OTISH BIZ BILAN BOGLANING

uy atrofida PANTHER ma'lumotlari PANTHER vositalari PANTHER xizmatlari ish maydoni yuklashlar Yordam / o'quv qo'llanma

PANTHER 15.0 chiqdi!!

qidiruv

Hammasi

Boring

Tez havolalar

Genomning to'liq ko'rinishi

statistika genom

ma'lumotlar versiyasi

PANTHER qanday aytiladi

YANGII Yaqinda PANTHER tasvirlangan nashrlar

Yangiliklar

PANTHER 15.0 chiqdi!

Qo'shimcha ma'lumot olish uchun bosing .

axborot byulleteniga obuna bo'lish

Elektron pochtagizni kiriting:

obuna bo'ling

Gen tahlilini ro'yxatlang Ko'rish ketma-ket Qidirish Hisoblash cSNP Kalit so'z

Ushbu sahifani qanday ishlatish bo'yicha batafsil ko'rsatmalar uchun iltimos, bizning [tabiat protokollaridagi](#) maqolamizga murojaat qiling .

Yordamni rejalashtirish bosqichlari:

- 1. Tahlil qilish uchun ro'yxat va ro'yxat turini tanlang
- 2. organizmni tanlang
- 3. operatsiyani tanlang

1. Kontentni yuklash uchun identifikatorlarni va fayllarni kiriting yoki tanlang. ID yoki boshqa havolalar ro'yxatiga taqqoslash uchun ish maydonidan fayllar ro'yxatini kiriting yoki tanlang.

ID-larni kiriting: ID-larni bo'sh joy yoki vergul bilan ajrating

Yuklash identifikatorlari:

Yuklash formati: [Fayl formati](#)

Ro'yxat turini tanlang:

- ☒ id ro'yxati
- ☐ Ilgari eksport qilingan matn qidirish natijalari
- ☐ ish joylari ro'yxati
- ☐ PANTHER onlayn xaritasi
- ☐ Ushbu ro'yxat uchun Proteome Genome organizmining ma'lumotnomasi

☐ VCF faylining yon-atrofidagi hudud

2. Organizmni tanlang.

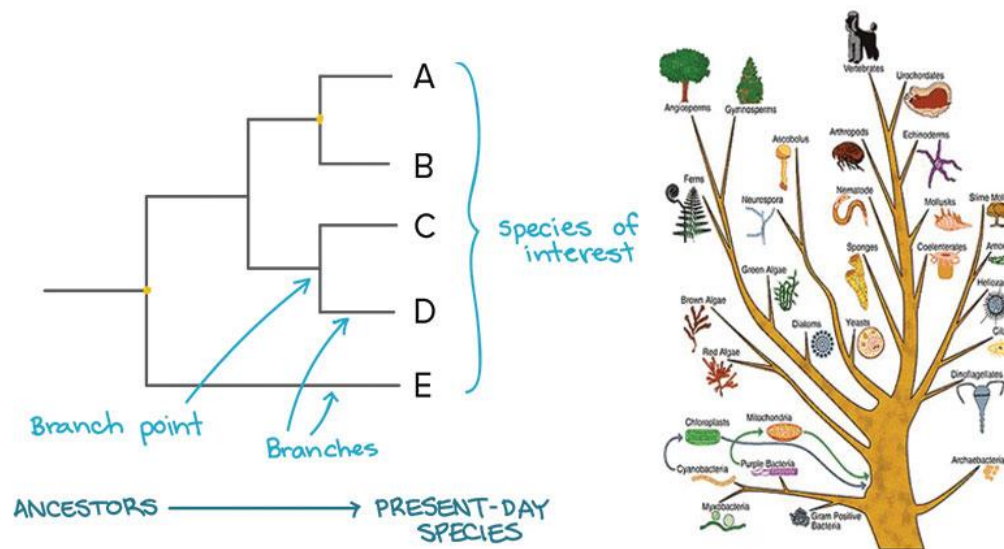
Sichqoncha mushaklari

Norvegiya rat

10-rasm. PANTHER ma'lumotlar bazasining oynasi.

PANTHER-(Protein ANalysis THE Evolutionary Relationships) tasniflash tizimi oqsillar uchun mo'ljallangan. Proteinlar quyidagicha tasniflangan:

- ✓ Oilalar evolyutsiyaga bog'liq bo'lgan oqsillar guruhi.
- ✓ Molekulyar funksiyasiga bog'liq bo'lgan oqsillar guruhi: oqsilning o'z-o'zidan yoki bevosita biokimyoviy darajada ta'sir qiladigan oqsillarning funksiyasi, masalan, protein kinaza.
- ✓ Biologik jarayon: hujayra yoki organizm darajasida, masalan mitozda, jarayonni bajarish uchun o'zaro ta'sir qiladigan oqsillar guruhi.



11-rasm. Filogenetik daraxtlarning ko'rinishi.

PANTHER-filogenetik daraxt xizmatlari. Bitta turdan kelib chiqqan genlar o'zgacha bo'lib tuyulishi mumkin, ammo PANTHER ularni yashirin Markov modellari asosida guruhlariga birlashtirdi va hayot daraxtidan foydalanib filogenetik daraxtlarning oilalarini yaratdi. Molekulyar filogenetik tahlil natijasi filogenetik daraxtda namoyon bo'ladi.

Nukleotidlar ketma-ketligini Genbank bazasiga joylashtirish.

Clustaw2-phylogeny dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish.

Tahlil uchun olingan ketma-ketliklarni tuzish.

✓ Alohida matnli faylga (Microsoft Word) filogenetik daraxt tuzish uchun xizmat qiluvchi organizmlarning (FASTA formatida), ketma-ketligini kiritiladi.

✓ Ketma-ketlikni raqamlang. Boshqa matnli faylga organizm nomlariga mos keluvchi raqamlar ketma-ketligini yozib chiqiladi.

✓ Clustal Omega dasturi yordamida nukleotid kislotalar va oqsillar ketma – ketligini aniqlab olinadi, so'ngra ularni ko'p marotabali to'g'irlashga mo'ljallanadi.

✓ Clustal Omega guruhli satr yoki onlayn tarzda ishlaydi.

✓ Ko'p marotabali to'g'irlash uchun Clustal Omega sahifasiga kiriladi:
<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/index.html>.

✓ Clustal Omega bosh sahifasida to'rt ilovali menyu bor:

✓ Step 1 (Qadam 1) – ilova ketma-ketlikda FASTA formatida Microsoft Word dokumentiga tahlil qilinayotgan nukleotidlar ketma-ketligini kirituvchi oynani o'zida saqlaydi. Grafada Enter or paste da DNA tanlanadi.

✓ Step 2 (Qadam 2) – ilova (Pairwise Alignment Options) juft to'g'irlash variantlarini o'zida saqlaydi: sekinroq (Slow) yoki tezroq (Fast). Parametrlarni o'zgartiriladi (Slow);

✓ Step 3 (Qadam 3) – ilova ko'plab to'g'irlash variantlarini o'zida saqlaydi (Multiple Sequence Alignment Options): kiritish formatini aniqlanadi PHYLIP;

✓ Step 4 (Qadam 4) – natijalarni elektron manzil orqali yuborish uchun oyna (o'zingizning elektron manzilngizni grafada EMAIL ko'rsating).

✓ To'g'rilashni ishga solish uchun SUBMIT tugmasini bosiladi. To'g'irlash natijalarini bir necha daqiqadan so'ng elektron manzilga yuboriladi.

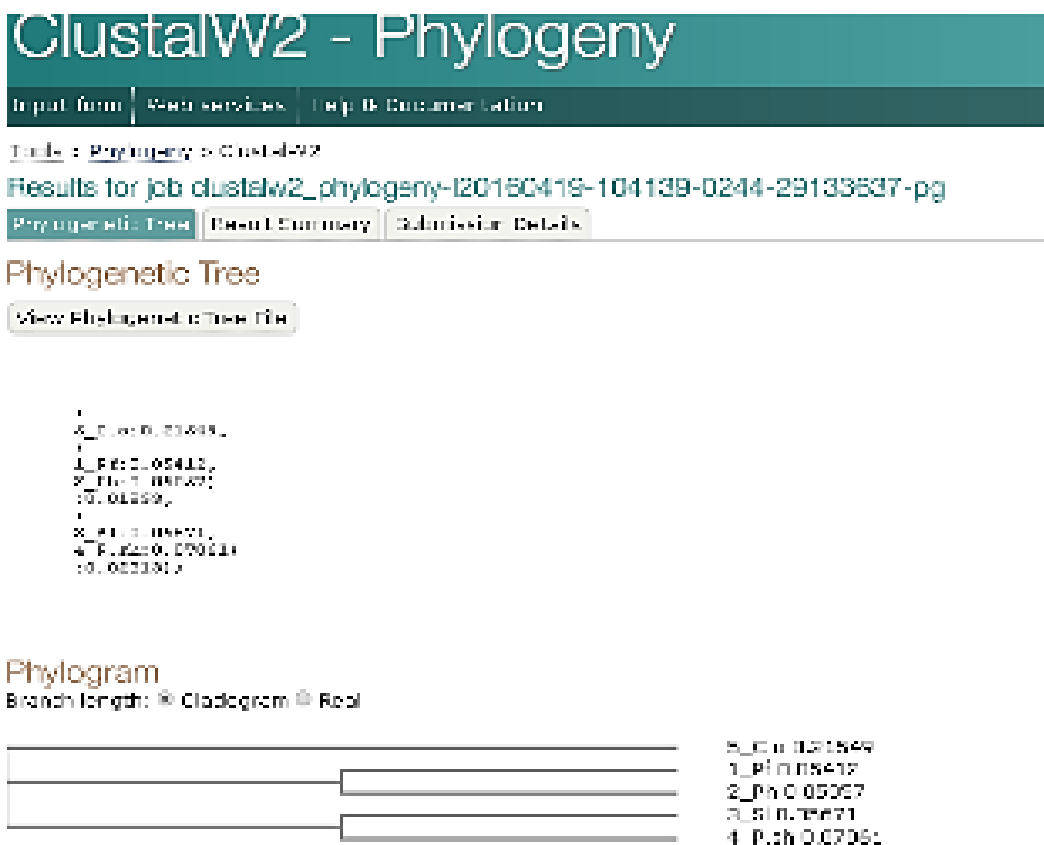
Clustaw2_phylogeny dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish

✓ Step 5 (Qadam 5) – Alignments oynasinig o'ng tarafida filogeniya tuzish uchun ilova saqlanadi. (Send to ClustaW2_Phylogeny)

✓ Send to ClustaW2_Phylogeny tugmasini bosing, boshqa oynada filogeniya tuzish uchun ketma – ketlik ochiladi.

✓ Clustal W – Phylogeny dasturi bilan filogenetik malumotlarni tayyorlash

✓ Boshqa oynada Submit tugmasini bosing, bir necha daqiqa mobaynida fayllar va filogrammlar birdan filogenetik daraxt ochiladi.



13-rasm. Filogenetik daraxt terminlari:

- *Uzel, tugun (node)* – ikkita alohida evolyutsiyalanuvchi ajdodlar ketma-ketligining bo'linishi (tur, populyatsiya).
- *Yaproq, barg (leaf)* – real (zamonaviy) ob'ekt; grafaning tashqi uchi.
- *Tarmoq (branch)* – uzel orasidagi, uzel va yaproq orasidagi aloqa, grafa yoyi.

Ildiz (root) – o'rganilayotgan ob'ektlarning faraz qilingan umumiy ajdodi.

- *Klada (clade)* – ilgari mavjud bo'lgan ob'ektlarning hamma ajdodlarining guruhi.

MEGA 7 dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish. Filogenetik daraxtni tuzish uchun MEGA 7 dasturidan foydalanamiz (www.megasoftware.net). Dasturni ishlab chiqaruvchi korxona sahifasidan bepul ko'chirib olishimiz mumkin. Dastur tuzilayotgan daraxtning statistik ahamiyatini baholaydi va butstrep-tahlil imkoniyatini beradi. Maksimal tejamlash metodi yordamida minimal sondagi mutatsiyalangan daraxt tanlanadi.

IV. AMALIY MASHG'ULOT UCHUN NAZARIY MATERIAL

1-amaliy mashg'ulot: Biologiya yo'nalishida information tehnologiyalarning o'rni. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.

XX asrning ikkinchi yarmida hayot haqidagi fanlarning jadal rivojlanishi. biologiya sohasida ko'plab ajoyib kashfiyotlar olib keldi. Bu genetik kodning kashf etilishi va dekodlanishi, oqsil sintezining asosiy bo'g'inlari, tirik hujayradagi ko'plab metabolik jarayonlar va boshqalar. Odamlar, o'simliklar va hayvonlarning genomini ochish bo'yicha jadal ishlar boshlandi. Biz tirik hujayradagi jarayonlar haqida deyarli hamma narsani bilganga o'xshaymiz; qolgan narsa genomlarni dekodlash, ularning differentsiatsiyasi va rivojlanish jarayonlarini tushunish va yangi sun'iy genomlarni yaratishni boshlash, genomlarning nuqsonli bo'limlarini almashtirish, nazoratni o'z qo'limizga olish. gen faolligi va boshqalar. Bu vazifalarning barchasi to'plangan bilimlar asosida ob'ektiv ravishda qo'yiladi. Biroq, hayotning kelib chiqishi, uning xilma-xilligi va evolyutsiyasi haqida to'liq javob olmadik. Aksincha, tirik tizimlar haqidagi bilimimizni chuqurlashtirish va kengaytirish yangi va murakkabroq savollarga olib keladi. Va bu erda hech qanday paradoksal narsa yo'q - bu tabiatshunoslik rivojlanishining mantiqidir.

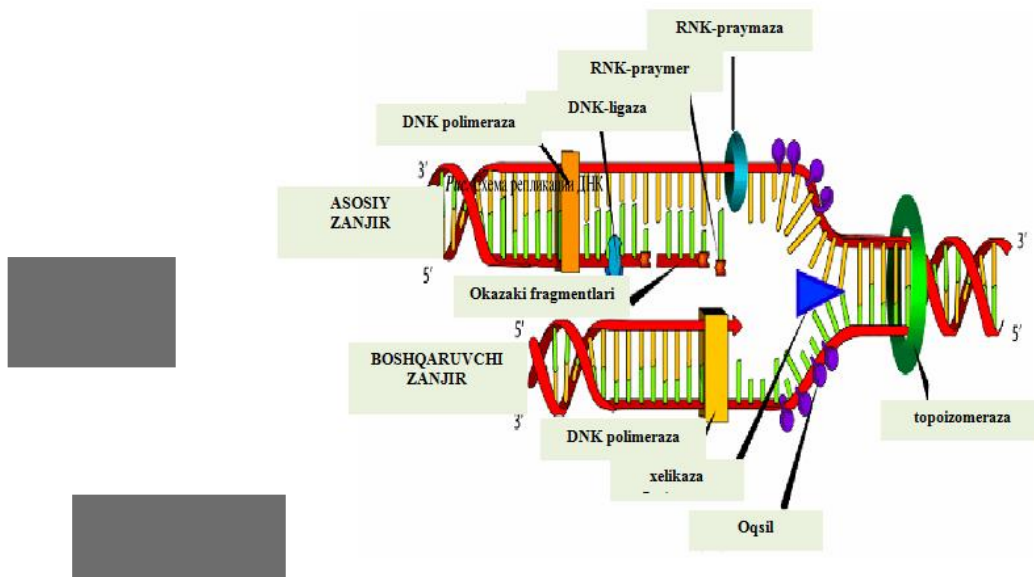
Tirik organizmlarni ikki asosiy xususiyati: – irsiyat va o'zgaruvchanlik, DNK ni nodir xossalarga asoslanadi. **DNK ni bu xossalari nimalar?** Birinchidan, **DNK molekulasi o'z-o'zidan tiklanish xususiyatiga ega.** O'z-o'zidan ikkilanish yo'li bilan o'zini-o'zi tiklay oladigan yagona biologik makromolekula – bu DNK molekulasidir. Mana shu xususiyati tufayli DNK – hayotni barcha hujayrali shakllarida irsiy axborotlarni tashishdek o'ta mas'uliyatli vazifani bajaradi. Ikkinchidan, **har xil turlarni DNK molekulalari, gibridizatsiya uchrash imkoniyatiga ega** – har xil turlarining

DNK zanjirini bo‘lakchalari yagona ikkizanjirli DNK molekulasiga yig‘ilishi mumkin.

DNK ni bu xususiyatlari, nanotexnologiya muammolari bilan shug‘ullanadigan tadqiqotchi va muhandislarni e‘tiborini o‘ziga tortmasdan qolmadi. Albatta, DNK ni nafaqat tirik hujayralarda, balki undan tashqarida, ya’ni laboratoriya sharoitida (in vitro) ham namoyon bo‘layotgan bunday xususiyatlari barchani hayratga solmasdan qo‘ymaydi. Bunday xususiyatni asosida, o‘ta tartibli ketma-ketlikda sodir bo‘ladigan jarayonlar va hodisalar yotadi. Bu jarayon va hodisalarni mohiyatini tushunmasdan turib, ularni modellash hamda ularni in vitro va ishlab chiqarish sharoitida qaytarish mumkin emas.

DNK-polimerazani o‘ziga xos xususiyati shuki, u qiz DNK ni sintezini noldan boshlay olmaydi. DNK-polimeraza polinukleotid zanjirini 3¹-uchi bo‘sh bo‘lganda, ularga nukleotidlar qo‘sha (ulay) oladi. Shuning uchun avval boshqa ferment-RNK-praymaza, RNK-zatravka quradi va undan keyingina, DNK-polimeraza qiz zanjirini uzaytiradi (o‘stiradi). Bunda bitta qiz zanjir (yetakchi) to‘xtovsiz sintez bo‘lib turadi (42-rasm). Boshqa qiz zanjir (quloq) mayda fragmentlardan (Okazaki fragmentlaridan) yig‘iladi. Shundan keyin, DNKni bitta qiz va bitta ona zanjiri ulanib, DNKni qiz molekulasini hosil qiladi.

Nihoyat, tuzilishi ona DNK dan farq qilmaydigan ikki zanjirli qiz molekulalar paydo bo‘ladi. Ularni har biri, dastlabki ona DNK molekulasining bir zanjiridan va bitta yangi sintez bo‘lgan qiz zanjiridan tashkil topgan bo‘ladi (42-rasm). Bir avloddan keyingi avlodga, ona DNK molekulasidan faqat birgina zanjir o‘tadigan, DNK replikatsiyasini mexanizmi yarim konservativ mexanizm deb nom olgan.



1-rasm. DNK ni o‘z-o‘zidan ikkilanishi (autoreplikatsiya)

DNK molekulasining ikkinchi unikal xususiyati – gibrizatsiyalanish qobiliyati – uning strukturasi o‘ziga xosligiga asoslangan (2-bobga qarang). Har xil turlar (organizmlar) DNK molekulasini alohida zanjirlari qo‘shilib, yagona ikkizanjirli DNK molekulasini hosil qilishiga gibrizatsiya deb ataladi.

Agar har ikki zanjirdagi nukleotidlarni hammasi bir-biriga to‘liq komplementar bo‘lsa, qo‘shilish yengil va tez o‘tadi. Agar komplementarlik to‘liq bo‘lmasa, zanjirlarni bir-biriga qo‘shilishi va ikki zanjirli (dupleks) molekula hosil qilish sekinlashadi. Mana shu qo‘shilishni tezligini baholash asosida, dastlabki zanjirlarni komplementarlik darajasi haqida xulosa qilinadi.

Barcha tirik organizmlarda faqat ikkizanjirli DNK faoliyat ko‘rsatganligi sababli, “qayerda va qanday sharoitda DNK ni bitta zanjiri hosil bo‘lishi mumkin?” – degan savol paydo bo‘ladi. In vitro (probirkada) sharoitidagi eksperimentlarda DNK ni alohida zanjirlari olingan. DNK molekulasini bufer eritmasida eritib 100 °C da qizdirilganda, komplementar asoslar orasidagi vodorod bog‘lari uziladi va DNK molekulasi ikki alohida polinukleotid zanjirga ajraladi (43-rasm). Bu jarayon DNK ni denaturatsiyasi (“erishi”) deb nom olgan.

Ikki har xil tipga mansub bo‘lgan DNK zanjirlarini arlashtirgandan keyin, eritmani sovutib, 65°C da ushlab turilsa, zanjirlar boshqadan bir-birlari bilan

qo'shib, ikkizanjirli DNK hosil qiladi. Ikkilamchi spiralni qaytarilishi (gibridizatsiyasi yoki bu jarayon "otjig" deb atalgan) sodir bo'ladi. Bunda gibrid molekulalar (duplekslar) ham har bir dastlabki turga spetsifik bo'lgan molekulalar hosil bo'ladi (43-rasm). Bir zanjirli DNK ni otjigining tezligini analiz qilish orqali, dastlabki DNK molekulalarini orasidagi farqni va o'xshashlikni baholash mumkin. Mana shu usul asosida "DNK-DNK" tipidagi duplekslarni va "DNK-DNK" tipidagi birikmalarni shakllantirish mumkin.

Amerikalik olim yaratgan PZR usullarini eslab o'tishga urinib ko'ramiz. Birinchi masala, bu usulni amalga oshirish uchun qanday birlamchi (dastlabki) komponentlar tayyorlash kerakligini aniqlash. Bunday komponentlarga quyidagilar kiradi:

- 1). DNK – matritsa – DNK molekulasi yoki uning bir qismi (bu virus yoki bakteriyani atigi birgina DNK molekulasi bo'lish mumkin);
- 2). Praymerlar (20-30 juft nukleotiddan tashkil topgan, unchalik kattalikga ega bo'lmagan fragmentlar). Bu praymerlar o'rganiladigan genni oxirida joylashgan nukleotidlar ketma –ketligiga komplementar bo'lish kerak. Praymerlar ikki maqsadga xizmat qiladi: birinchidan, erkin 3¹-uchli ketma-ketlik taqdim qilib, DNK – polimerazani ishga tushirib yuboradi; ikkinchidan, fermentni DNK ni faqatgina nusxalanishga tanlangan qismi doirasidagina ishlashga majbur qiladi, ferment faoliyatini ikki tomondan chegaralab qo'yadi;
- 3). DNK ni yangi komplementar zanjirini sintez qilish uchun material hisoblangan nukleotidlar aralashmasi;
- 4). DNK – polimeraza fermenti;
- 5). Bufer eritmalar (Mg^{2+} , saqlagan reaksiyon muhit, bu muhit fermentni faolligini ushlab turish uchun kerak).

Yana savol tug'iladi: qanday qilib yuqorida keltirib o'tilgan komponentlar aralashmasidan, 4-5 soat orasida birgina DNK molekulasidan trillionlab nusxa olish mumkin? Polimeraza –zanjirli reaksiya bir-biriga

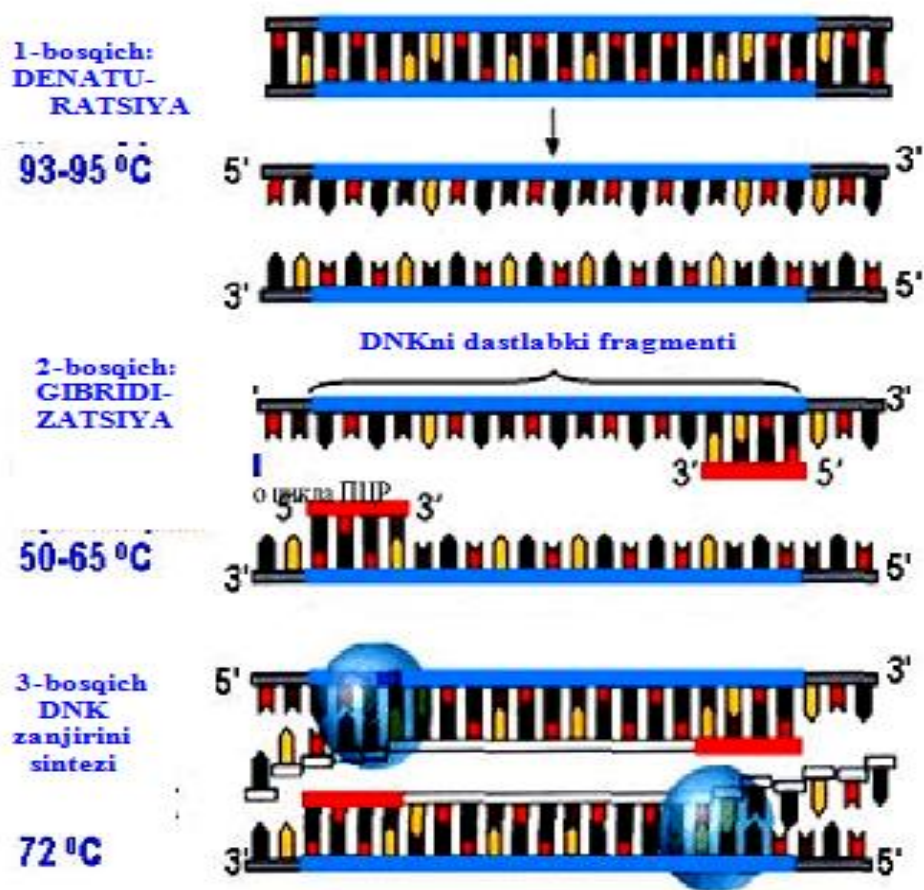
o'xshagan ko'plab sikllar (qaytarishlar) ko'rinishida o'tadi. Har bir sikl 3 bosqichda o'tadi (45-rasm).

1 – bosqich. DNK ni denaturatsiyasi (qo'sh bog'li spiralni, alohida polinukleotidlar zanjirlariga ajralishi). Bu jarayon 93-95 °C da 30-40 sekund davom etadi. Yuqori harorat ta'sirida azotli asoslar orasidagi vodorod bog'lari uziladi va DNK zanjirlari bir-biridan ajraladi.

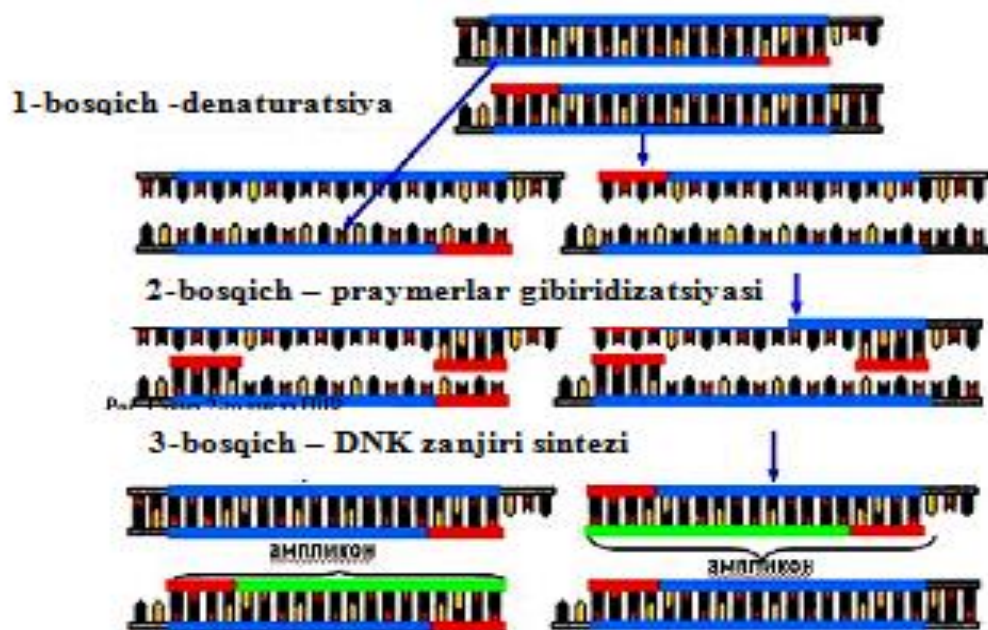
2 – bosqich. Praymerlarni bog'lash (gibridizatsiya). Harorat pasaytiriladi va praymerlar o'rganiladigan genlar chegarasidagi o'ziga komplementar bo'lgan DNK uchastkasi bilan bog'lanadilar. Gibridizatsiya 20 dan 60 sekundgacha davom etadi.

3 – bosqich. DNK zanjirini sintezi. Bu jarayon DNK – polimeraza yordamida amalga oshadi. Bu ferment, zatrovka sifatida praymerni 3¹-uchini ishlatadi. DNK – polimeraza doimo zanjirni 5¹ dan 3¹-uchga qarab tugab (cho'zilib) boradi. DNK ni yangi zanjirini sintezi uchun material bo'lib, eritmaga qo'shiladigan nukleotidlar xizmat qiladilar. Bu jarayon 70 -72 °C da o'tadi va 20-40 sekund davom etadi. PZR ni 1-sikli-oxirida, eritmada 2 ta ikki zanjirli DNK fragmentlari hosil bo'ladi. Ulardan har biri, 1 ta dastlabki zanjir va 1 ta yangi hosil bo'lgan praymer bilan bog'langan zanjirdan iborat bo'ladi. Ikkinchi siklda amplifikatsiyani yuqorida aks ettirilgan 3- bosqichni barchasi qaytariladi.

DNK zanjirini denaturatsiyasi amalga oshadi. Keyin to'rtta zanjirni har biri yana praymerlar bilan o'zaro munosabatga kirishadi va nihoyat qidiriladigan genga mos keladigan ikki tomondan chegaralangan fragment paydo bo'ladi. Bu fragmentlar – **amplikonlar** deb atalgan. PZR ni 2-siklini oxirida 2 ta amplikon paydo bo'ladi (1-rasm).

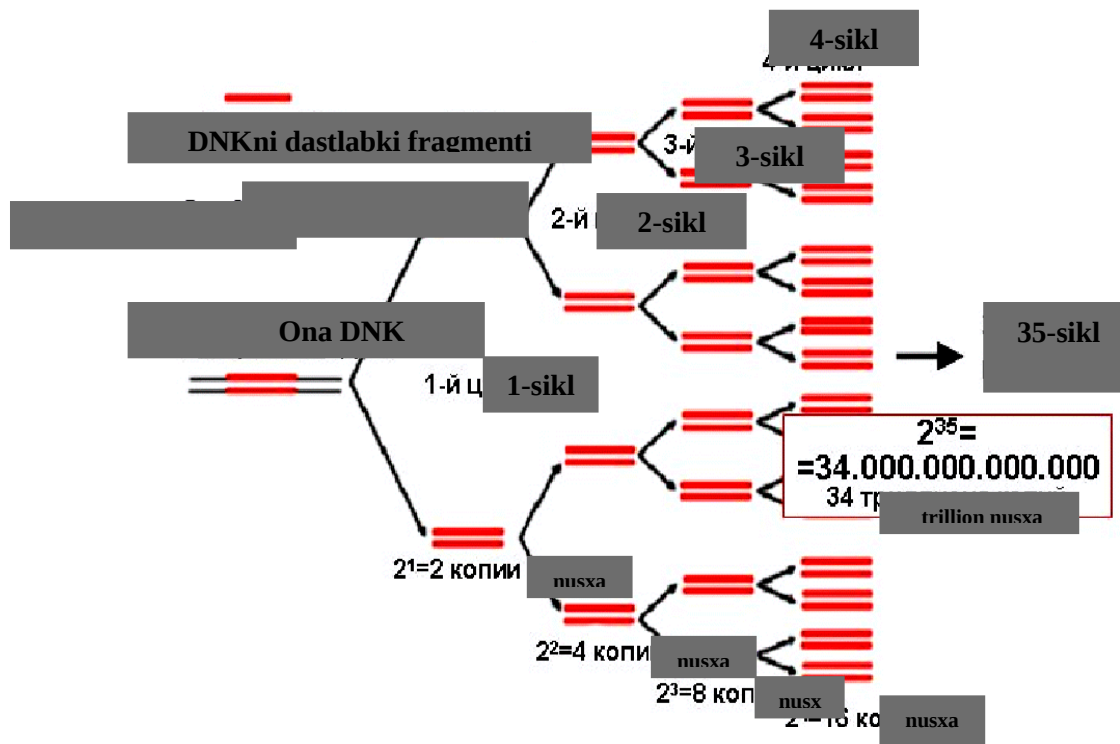


1-rasm. PZR ni birinchi siklini sxemasi



2-rasm. PZR reaksiyasining ikkinchi siklining sxemasi

PZR jarayoni zanjirli xarakteriga ega ekanligi bilan farq qiladi: sintez bo‘lgan ampikonlar, keyinchalik o‘zlari matritsa bo‘lib xizmat qiladi. Ularda nusxalanish jarayoni o‘tadi. Mana shuning uchun ham, har bir yangi siklda DNK nusxasini soni geometrik progressiya bo‘yicha oshib boradi (3-rasm).



3-rasm. PZR ni umumiy sxemasi



4-rasm. PZR o‘tkazishga mo‘ljallangan laboratoriya

DNK amplifikatsiyasi yordamida erishilgan natijalar, bu usulga fundamental xarakterga ega bo'lgan ilmiy tadqiqot ishlarida ham, amaliyotda foydalanishda ham ko'rinarli joyni egallash imkonini berdi. Hozirgi paytda PZR ko'plab virusli va bakterial kasalliklarni diagnostikumida keng ishlatilib kelinmoqda. Shuningdek, PZR kriminalistikada (shaxsni aniqlashda), veterinariyada (kasalliklarga tashxis qo'yishda), genetikada (genlarni faolligini aniqlashda), molekulyar biologiyada (nuklein kislotalar nusxalarini ko'paytirish uchun) keng ishlatilib kelinmoqda.

Shuning uchun ham, agarda dastlabki eritmada, boshida faqat 1 ta ikki zanjirli DNK molekulasi (masalan, qandaydir virusni DNK si) bo'lgan bo'lsa, 30-40 sikldan keyin (bu 4-5 soat vaqt egallaydi) eritmada kerakli darajada ko'p nusxa shakllangan bo'ladi. Bu esa, ularni oddiy laboratoriya usullari yordamida o'rganish imkonini beradi. Hozirgi paytda PZR maxsus laboratoriyalarda alohida dasturlangan termostatda (amplifikator) o'tkaziladi (48-rasm).

Berilgan dastur asosida, termostat avtomatik ravishda amplifikatsiya sikllarini soniga mos ravishda haroratni o'zgartiradi.

Bu an'analarni saqlab qolish juda muhim, chunki biologiyaning asosiy rivojlanish yo'nalishi (molekula - hujayra - organizm - populyatsiya) bilan bir qatorda boshqa fanlar bilan kesishgan joylarda ko'plab muammolar paydo bo'ladi. Bu holda olingan ma'lumotlarni sharhlash yanada murakkabroq va umumiy tabiiy ilmiy yondashuvlarni talab qiladi. Bunday fanlararo integratsiya dasturlariga quyidagi misollar keltirilishi mumkin:

1) katta vaqt oralig'ida tirik tizimlarga antropogen (radiatsiya, kimyoviy va boshqalar) ta'sirini baholash. Tabiiyki, bu muammoni o'rganish uchun biologlar, shifokorlar, fiziklar, kimyogarlar va boshqalarning sa'y-harakatlari zarur;

2) Sibir va Uzoq Shimolning kichik xalqlarining tibbiy-biologik va populyatsiya-genetik tadqiqotlari. Shimol xalqlarining kichik aholisi bilan vaziyat juda qiyin, ularni qutqarish uchun eng shoshilinch choralar ko'rish

kerak. Ushbu muammo bo'yicha, shuningdek, birinchi, keng qamrovli fanlararo tadqiqotlar allaqachon boshlangan, shu jumladan RAS SB Sitologiya va genetika institutida;

3) inson genomining evolyutsiyasi va o'zgaruvchanligining bir necha jihatlarini o'rganish uchun bir necha ming yillik arxeologik namunalardan qadimgi DNKni o'rganish. Bunday dastur genetiklar tomonidan arxeologlar va paleontologlar bilan hamkorlikda amalga oshiriladi;

4) genomning tuzilishi va funktsiyalarini o'rganish uchun bioaxborot texnologiyalarini yaratish. Biologlar tomonidan matematiklar bilan birgalikda olib borilayotgan bu ish bugungi kunda ustuvor ahamiyat kasb etmoqda. Odamlar, hayvonlar va o'simliklar genomlarini dekodlash ko'p jildli genetik matnlar bo'lib, ularni faqat kompyuter dasturlari yordamida tushunish va genlarga mos keladigan bo'laklar holatiga keltirish mumkin. Ko'p yillar davomida NDU biologiya va matematika asoslarini teng darajada biladigan biomatematik tadqiqotchilarni tayyorlaydi. Bu sohadagi mutaxassislar eng yaxshi xorijiy laboratoriyalarda yuqori baholanadi.

2-MAVZU. Bioinformatsion ba'zalar va ularning ahamiyati. NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish.

Nuklein kislotalari ketma-ketligini saqlaydigan va ommaga taqdim etadigan uchta asosiy ma'lumotlar bazasi mavjud: GenBank, NCBI, EMBL, DDBJ. Ular nukleotidlarning ketma-ketlik bazalari deb nomlanadi, chunki ular barcha nuklein kislotalari ketma-ketligining omboridir. Nukleotid ma'lumotlar bazasi GenBank, RefSeq, TPA va PDB kabi bir nechta bazalar to'plamidir. Genom, gen va transkripsiya ketma-ketligi ma'lumotlari biotibbiy tadqiqotlar va kashfiyot uchun asos bo'lib xizmat qiladi.

GenBank AQShda joylashgan bo'lib, NCBI portali orqali malaka oshiruvchilar foydalanishi mumkin. EMBL -Yevropa molekulyar biologiya

laboratoriyasi Buyuk Britaniyada va DDJB -Yaponiyaning DNK ma'lumotlar bazasi, Yaponiyada joylashgan. Uchalasi ham nukleotidlar ketma-ketliklarini qabul qilishadi, so'ngra ular orasidagi optimal sinxronizatsiyaga erishish uchun har kuni yangi va yangilangan ma'lumotlarni almashadilar. Ushbu uchta ma'lumotlar bazasi asl ketma-ketlik ma'lumotiga ega bo'lganligi uchun birlamchi ma'lumotlar bazasiga birikadi -INSDC va ular Sequence Read Archive -SRA bilan hamkorlik qiladi, u yuqori o'tkazuvchanlikdagi ketma-ketliklaridan olingan ma'lumotlarni arxivlaydi. GenBankning ketma-ket ma'lumotlar bazasi ochiq foydalanish, barcha ommaga ma'lum bo'lgan nukleotidlarning izohli to'plami va ularning proteinli tarjimalaridan iborat. Ushbu ma'lumotlar bazasi nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi –INSDC bilan hamkorlik qilish doirasida Milliy biotexnologiya ma'lumotlari markazi -NCBI tomonidan ishlab chiqiladi va saqlanadi. Dunyo bo'ylab laboratoriyalarda 100000 dan ortiq alohida organizmlardan ishlab chiqariladigan ketma-ketliklarni jamlaydi. GenBank biologik sohalarda tadqiqotlar olib borish uchun muhim ma'lumotlar bazasiga aylandi va so'nggi 18 yilda har ikki oyda ikki baravar ko'payib, geometrik progressiv o'sdi.

b. EMBL (Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi). Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi-EMBL. Nukleotidlarning ketma-ketligi to'g'risidagi ma'lumotlar bazasi – Yevropa bioinformatika institutida -EBI saqlanadigan birlamchi nukleotidlarning ketma-ket to'plamini saqlaydi. Ma'lumotlarni genomlarni sekvenirlash markazlaridan, alohida olimlardan va patent idoralaridan oladi.

c. DDBJ-Yaponiya DNK ma'lumotlar banki. U Yaponiyaning Shizuoka prefekturasidagi Milliy Genetika Institutida -NIG joylashgan. Bu Osiyodagi yagona nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar banki hisoblanadi. Garchi DDBJ o'z ma'lumotlarini asosan yapon tadqiqotchilaridan qabul qilsa-da, u har

qanday boshqa mamlakatlarning tadqiqotchilaridan ma'lumotlarni qabul qilishi va taqdim etishi mumkin.

Ko'pgina ikkilamchi ma'lumotlar bazalari shunchaki GenBank yoki EMBL kabi birlamchi ma'lumotlar bazalarining biridan yoki ikkinchisidan ajratib olingan kichik to'plamdir. Boshqa ikkilamchi ma'lumotlar bazalari ham mavjud bo'lib, ular hech qanday ketma-ketlikni taqdim etmaydilar, ularda ketma-ketliklarning ma'lumotlar bazalarida to'plangan ma'lumotlar mavjud.

a. Omniome ma'lumotlar bazasi: Omniome ma'lumotlar bazasi TIGR Genomik tadqiqotlar instituti tomonidan qo'llab-quvvatlanadigan keng qamrovli mikrobial manbadir. U nafaqat har bir genom uchun o'rganib chiqilgan ketma-ketligi va izohiga ega, balki organizmlar, taksonlar DNK molekulalarining tuzilishi, tarkibi va DNK ketma-ketligidan bashorat qilingan boshqa protein tarkibi atributlari to'g'risidagi ma'lumotlarga egadir. Ushbu ma'lumotlar bazasiko'p genomli izlanishlar va tahlillar ishlarini osonlashtiradi, masalan, turli xil genomlardagi oqsillar va genlarning joylashish holatini taqqoslash ishlarida qo'llaniladi.

b. FlyBase ma'lumotlar bazasi: Konsorsium *D. Melanogaster* meva pashshasi misolida va uning barcha genomini yuqori to'liqlik va sifatga ko'ra ajratib beradi.

c. ACEDB: Bu nafaqat ketma-ketlikni, balki genetik xaritalar, shuningdek, *C. Elegans* nematoda qurti haqidagi fenotipik ma'lumotlarning ham omboridir.

DDBJ-MA'LUMOTLAR BAZASI -YAPONIYA



DNA Data Bank Japan- Yaponiya DNK ma'lumotlar bazasi bo'lib, turli genlar va organizmlar bilan bog'liq nukleotid ketma-ketliklar haqida ma'lumotga ega bo'lgan elektron resurslar bazasidir (2-*rasm*). DDBJ markazi INSDC a'zosi sifatida nukleotid natija ma'lumotlarini to'playdi.

DDBJ ma'lumotlar bazasining tashkillashtirilishi:

- ✓ 1980 EMBL ma'lumotlar kutubxonasi tashkil etildi va Yaponiya davlatidan nukleotid
- ✓ ma'lumotlar banki uchun xalqaro hamkorlikni so'radi.
- ✓ 1982 EMBL va GenBank xalqaro hamkorlikni boshladi, ma'lumotlar bankida ishtirok etish uchun Yaponiya davlatiga xamkorik taklif qilishdi.
- ✓ 1983 xalqaro ma'lumotlar banki uchun hissa qo'shish maqsadida nukleotid ma'lumotlarini to'plash, baholash va tajriba ma'lumotlarini yuklash boshlandi.
- ✓ 1984 NIG, Genetika Milliy instituti universitetlararo ilmiy-tadqiqot instituti sifatida qayta tashkil etildi. DDBJ NIG tarkibida ishlay boshladi.



5-rasm. DDBJ ma'lumotlar bazasi oynasining umumiy ko'rinishi.

- ✓ 1986 DNKning ma'lumotlar bazasi maslahat qo'mitasi tashkil etildi.
- ✓ 1987 DDBJ mustaqil bo'ldi va DDBJ ma'lumotlar bazasi operatsiyasining rasmiy boshlanishi deb hisoblanadi.
- ✓ 1995 DDBJning yanada samarali faoliyati uchun, CIB axborot Biologiya markazi NIG tashkil etildi.

✓ 2001 CIB, CIB-DDBJ sifatida qayta tashkil etildi, Yaponiya axborot Biologiya va DNK ma'lumotlar banki markaziga aylandi.

✓ 2005 DDBJ, EMBL, GenBank o'zaro hamkorlikni kuchaytirish maqsadida kelishib yagona Xalqaro nukleotid ketma-ketlik ma'lumotlar bazasi-INSDC ni tashkil qilishdi.

✓ 2009 yilda DDBJ fakulteti xodimlari xizmati bilan DBCLS va DDBJ hamkorlik yanada kuchaygan.

DDBJ ma'lumotlar bazasi molekulyar biologiya yuzasidan boshqa ma'lumotlar bazasi bilan a'loqada xamkorik qiladi:

<i>DNK ma'lumotlar bazasi:</i>	DDBJ / EMBL / GenBank MGA
<i>Proteinlar bazasi:</i>	UniProt PDB DAD Patent

U quyidagi xizmatlarni taqdim etadi (3-rasm):



Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasini yaratish uchun hamkorlik doirasi.

1980-yillarning boshidan boshlab DDBJ nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar bazalaridan biri sifatida, shu jumladan Yevropada EMBL-Bank / EBI va AQShda GenBank / NCBI a'zosi sifatida faoliyat ko'rsatmoqda. 2005 yilda DDBJ, EMBL-Bank va GenBank o'zaro hamkorlikni INSDC deb atashni kelishdilar.

DDBJ, EMBL va GenBank tomonidan birgalikda boshqariladigan xalqaro ketma-ketlik ma'lumotlar bazalariga ma'lumotlarni taqdim etgan shaxslar quyidagilarni bilishlari kerak:

INSD o'zlarining ma'lumotlar bazalarida mavjud bo'lgan barcha gen annotasiyalariga bepul va cheklovsiz kirishning yagona siyosatiga ega. Dunyo miqyosidagi olimlar ushbu annotasiyalardan tajribalarni rejalashtirishda yoki tahlillarni nashr qilish uchun foydalanishlari mumkin. Ilmiy nashrlarni chop etishda ilmiy adabiyotlardan foydalangan holda, ilmiy izlanishlar asl nusxasini keltirish lozim bo'ladi.

Cheklangan tahririyat nazorati va ba'zi ichki ekspert tekshiruvlaridan tashqari, masalan, INSD formatlaridan to'g'ri foydalanish va CDS yozuvlarida ko'rsatilgan kodlash hududlarining tarjimai tekshirish o'tkaziladi, yozuvning sifati va aniqligi ma'lumotlar bazasi emas, balki taqdim etuvchi muallifning zimmasiga yuklanadi. Ma'lumotlar bazalari iloji boricha sifatli manbaga erishish uchun ma'lumotlar bazasi taqdim etuvchilari va foydalanuvchilari bilan ishlaydi.

DDBJ markazi rasman tadqiqotchilar tomonidan nukleotid ketma-ketliklar to'plash va ma'lumotlar jamlash uchun tasdiqlangan halqaro baza hisoblanadi. DDBJ markazi har kuni ENA/EBI va NCBI bilan chiqarilgan ma'lumotlarni almashtirganligi sababli, uchta ma'lumot markazi har qanday vaqtda deyarli bir xil ma'lumotlarni o'zaro almashadi. Deyarli yagona ma'lumotlar bazasi INSD deb ataladi. DDBJ asosan yapon tadqiqotchilari tomonidan natija ma'lumotlarni to'playdi, Yapon tadqiqotchilarining INSD ma'lumotlarining 99% DDBJ orqali taqdim etiladi. Patent arizalariga ko'ra tegishli nukleotid va aminokislotalar ketma-ketligi ma'lumotlarini taqdim etish:

INSD Yaponiya, Koreya, Yevropa va AQShda Patent idoralari tomonidan to'plangan patent- mualliflik ixtirolari ilovalar bilan bog'liq nukleotid natija ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. DDBJ markazi, shuningdek,

Yaponiya va Koreyada patent idoralari tomonidan to'plangan patent ilovalar bilan bog'liq aminokislotalar natija ma'lumotlarni beradi.

EMBL-TADQIQOT MARKAZI VA MA'LUMOTLAR BAZASI – YEVROPA.

EMBL-tadqiqot markazi va ma'lumotlar bazasi haqida umumiy ma'lumot. EMBL -1974 yilda tashkil topgan, tirik tabiat haqidagi fanlar bo'yicha Yevropaning yetakchi laboratoriyalari-molekulyar biologiya spektrlarini qamrab oluvchi 80 dan ortiq mustaqil tadqiqot guruhlarini bo'lgan hukumatlararo tashkilot (**1-rasm**) hisoblanadi. EMBL-tadqiqot markazi va ma'lumotlar bazasi oltita saytlar hamjihatligida ishlaydi: Heidelberg, Barselona, Gamburg, Grenobl, Rim va EMBL-EBI Xinxton.

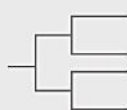
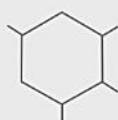
Yevropa molekulyar biologiya laboratoriyasi –EMBL dunyodagi yetakchi ilmiy-tadqiqot institutlari va Yevropaning tirik tabiat haqidagi ilm-fan laboratoriyalari jamlanmalaridan biridir. EMBL Yevropa bo'ylab oltita markaz va uning saytlardan foydalanib ishlaydi:

7. Heidelberg, Germaniya* – asosiy laboratoriya;
8. Xinxton, Buyuk Britaniya* – Yevropa bioinformatika instituti (EMBL-EBI);
9. Grenobl, Fransiya* – struktur biologiya bo'yicha tadqiqotlar va xizmatlar;
10. Gamburg, Germaniya* – struktur biologiya bo'yicha tadqiqotlar va xizmatlar;
11. Rim, Italiya* – epigenetika va neyrobiologiya;
12. Barselona, Ispaniya* – to'qima biologiyasi va kasalliklarni modellashtirish.

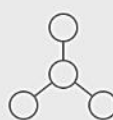
Geydelbergda olib borilgan tadqiqotlar



Fanlararo tadqiqotlar

EMBL-DA
BIOINFORMATIKA

EMBL-DA KIMYO

EMBL-DA FIZIKA VA
MUHANDISLIKEMBL-DA MATEMATIKA VA
STATISTIKA

EMBL MARKAZLARI

**6-rasm. EMBL-ma'lumotlar bazasi oynasining umumiy ko'rinishi.**

EMBL boshqaruvi. EMBL – tirik tabiat bilan bog'liq bolgan fanlar bo'yicha fundamental tadqiqotlarga ixtisoslashgan hukumatlararo tashkilot bo'lib, 20 dan ortiq a'zo davlatlarning, shu jumladan, Yevropa va Isroilning, shuningdek, ikkita assotsiatsiyalashgan a'zo bo'lgan Argentina va Avstraliyaning jamoat tadqiqot markazlari tomonidan moliyalashtiriladi. EMBLni Bosh direktor, hozirda EMBL Kengashi tomonidan boshqaruvchi organ tomonidan tayinlangan professor Edit Xard boshqaradi. Kengash tarkibiga barcha a'zo va unga a'zo bo'lgan davlatlar vakillari kiradi. EMBL missiyasining asosiy funksiyalari quyidagilardan iborat:

- molekulyar biologiyada asosiy tadqiqotlarni o'tkazish;
- o'rgatish, barcha darajadagi olimlar, talabalar va yangi a'zolarga, tirik tabiat haqidagi bilimlarni o'rgatish
- a'zo davlatlar olimlariga xizmatlarni taklif qilish, tirik tabiat bilan bog'liq bo'lgan hamma ma'lumotlar yuzasidan xizmat ko'rsatish
- yangi vositalar va usullarni ishlab chiqish;

- texnologiyalar transferida faol ishtirok etish;
- Yevropa ilmiy tadqiqotlarini birlashtirish, zamonaviy biologiya sohasidagi hamma ilmiy tadqiqot ishlarini birlashtirish

EMBL-dagi mavjud tadqiqotlar. EMBL-da olib borilgan tadqiqotlar biologik tashkilotlarning ko'p darajalarida, molekuladan organizmgacha, shuningdek, hisoblash biologiyasi, bioinformatika va tizimlar biologiyasida eksperimental tahliliga urg'u beradi. Tadqiqotlar molekulyar biologiya spektrini qamrab oluvchi 80 dan ortiq mustaqil guruhlar tomonidan olib borilmoqda. EMBL xalqaro, innovatsion va fanlararo o'zaro hamkorlikni tashkil qilgan. Uning ko'pgina mamlakatlardan kelgan 1700 dan ortiq xodimlari bioinformatika, genomika, biologiya, fizika, kimyo va informatika fanlarini o'z ichiga oladi.

Ilmiy xizmatlar haqida. EMBL tomonidan taqdim etiladigan xizmatlar quyidagilardan iborat:

biomolekulyar ma'lumotlar bazalari va bioinformatika vositalari, xususan EMBL-EBI;

Gamburg va Grenoblda struktura biologiyasi uchun texnologik jihozlar va yuqori o'tkazuvchanlik texnologiyalari bilan ta'minlash;

o'rnatish yoki saqlash uchun qimmatga tushadigan yoki katta xarajatlarni talab qiladigan usullar va texnologiyalardan tejamkor va samarali usullardan foydalanishni ta'minlash.

EMBL-EBI Foydalanish shartlari.

Onlayn xizmatlar.

1. EMBL-EBI onlayn xizmatlaridan foydalanuvchilar EMBL-EBI kompyuterlari, fayllari yoki tarmoqlaridan tashqari xizmat ko'rsatish interfeyslaridan foydalanishga urinmaslikka kelishib olishgan.

2. EMBL-EBI veb-saytlari cookie-fayllardan veb-sayt tajribangizni shaxsiylashtirishga imkon beradigan onlayn afzal ko'rganlaringiz haqidagi ma'lumotlarni yozib olish uchun foydalanadi. Siz veb-brauzeringizdan cookie

fayllaridan foydalanishni boshqarishingiz mumkin, lekin agar siz EMBL-EBI veb-saytlaridan cookie-fayllarni qabul qilmasangiz, veb-saytning barcha xususiyatlaridan to'liq foydalana olmaysiz. Turli xil veb-brauzerlarda cookie fayllarini qanday boshqarish va EMBL-EBI va uchinchi tomon cookie fayllarining to'liq ro'yxati – <https://www.ebi.ac.uk/about/cookie-control/> ga qarang.

3. EMBL-EBI ushbu onlayn xizmatlarning uzluksizligini ta'minlash uchun barcha imkoniyatlarni ishga soladi va har qanday o'zgarishlar yoki uzilishlar to'g'risida tegishli ogohlantirishni ta'minlaydi. Shu bilan birga, EMBL-EBI xizmat vaqtincha yoki doimiy to'xtab qolishining oqibatlari uchun javobgarlikni o'z zimmasiga olmaydi.

4. EMBL-EBI onlayn xizmatlaridan boshqalarga xizmat ko'rsatadigan EMBL-EBIni oldini oladigan yoki oldini oladigan darajada foydalanishga har qanday urinish foydalanishni bloklashga olib keladi. EMBL-EBI foydalanuvchini ularning ehtiyojlarini va qanday qilib ularni boshqa manbalardan olish mumkinligini muhokama qilish uchun murojaat qiladi.

5. EMBL-EBI veb-sahifalarida ishlaydigan dastur har qanday shaxs tomonidan veb-sahifada alohida istisnolar ko'rsatilmagan hollardagina istalgan maqsadlarda foydalanilishi mumkin. EMBL-EBI-ning veb-sahifalari orqali (to'g'ridan-to'g'ri yoki uchinchi tomon bazalari orqali) yuklab olish uchun taqdim etilgan har qanday dasturning shaxsiy litsenziya shartnomasi mavjuddir.

6. EMBL-EBI to'plangan ma'lumotlarning toifalari va ularni qayta ishlash usullarini hisobga olgan holda, zarur deb hisoblagan xavfsizlik darajasini ta'minlash uchun tegishli texnik va tashkiliy choralarni amalga oshiradi.

7. Ma'lumot xizmatlari.
8. Veb-saytga ma'lumotlar bazasiga ilmiy ma'lumotlarni taqdim etilganda, bu ma'lumotlar bir vaqtning o'zida ilmiy ma'lumotlarga muvofiq tarzda chiqariladi va doimiy ravishda saqlashi mumkin.
9. EMBL-EBI o'zi, Internet-xizmatlari orqali mavjud bo'lgan ma'lumotlardan foydalanish yoki tarqatish uchun hech qanday qo'shimcha cheklovlar qo'ymaydi.
10. EMBL-EBI taqdim etilgan ma'lumotlarning aniqligi, yaratilgan ma'lumotlar bazasi, dasturiy ta'minot yoki Internet-xizmatlarning aniqligi, shuningdek ma'lumotlar bazalari, dasturiy ta'minotlar va har qanday maqsadlar uchun onlayn xizmatlarning yaroqliligini kafolatlamaydi.
11. Dastlabki ma'lumotlar uchinchi shaxslar tomonidan talab qilinadigan huquqlarga, shu jumladan patent, mualliflik huquqi, boshqa intellektual mulk huquqlari, biologik xilma-xillik bilan bog'liq foydalanish va imtiyozlarni baham ko'rish huquqlariga ega bo'lishi mumkin. EGA ma'lumotlar bazasi va biotibbiy tadqiqotlar uchun ruxsat berilgan inson ma'lumotlari uchun ushbu huquqlar Ma'lumotlarga kirish to'g'risidagi bitimlarda rasmiylashtirilishi mumkin. EMBL-EBI xizmatlaridan foydalanuvchilarning ma'lumotlardan foydalanish bunday uchinchi shaxslarning biron bir huquqlariga zarar etkazmasligini ta'minlash uchun javobgardir.

INSDC – NUKLEOTIDLARNING KETMA-KETLIGI BO'YICHA XALQARO MA'LUMOTLAR BAZASI

(<http://www.insdc.org>)



*Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro
ma'lumotlar bazasi -INSDC. DNK, RNK va aminokislotalar*

ketma-ketligini 30 yillar mobaynida o'z ichiga olgan ma'lumotlar bazalarini yig'ish va tarqatish bo'yicha kompleks sa'yl-harakatlarini boshqarishdan iborat. Biologik ma'lumotlar arxivlarining uzoq vaqtdan beri davom etayotgan

global izlanishlardan biri, ommaviy nukleotidlarning ketma-ketligi haqidagi ma'lumotlarni to'playdi, saqlaydi va kerakli ma'lumotlar bilan ta'minlaydi.

INSDCning uchta hamkori ma'lumotlar bazalariga ishonchli ma'lumotlarni topshirishga yordam beradigan va butun dunyo bo'ylab doimiy ravishda ma'lumot almashishni qo'llab-quvvatlaydigan ma'lumotlar, metadata va protokollarning formatlarini yaratish bo'yicha hamkorlikda ish olib boradi-BioSample dasturi yordamida:

– Mishima shahridagi Milliy Genetika Institutida Yaponiya DNK ma'lumotlar banki (DDBJ; <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>);

– Buyuk Britaniyaning Xinxton shahridagi Yevropa Molekulyar Biologiya Laboratoriyasining Yevropa Bioinformatika Instituti- EMBL-EBI; <http://www.ebi.ac.uk/ena>.

– AQShning Biotexnologiya Axborot Milliy Markazi- NCBI; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>, Bethesda shtatida, MD, AQSh.

**INSDC** International Nucleotide Sequence Database Collaboration

INSDC HAQIDA SIYOSAT ADVISORLAR HUJJATLAR



Nukleotidlarning ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi bilan hamkorlik

- Xalqaro nukleotid uzun bazasi hamkorlik (INSDC) o'rtasida uzoq turgan asosiy tashabbus bo'lib almashishga til . EMBL, Abu ostida va NCBI . INSDC ma'lumotlar va eksperimental konfiguratsiyalarga oid kontekstual ma'lumotlar bilan boyitilgan, funktsional izohga o'tishlar va birikmalar orqali o'qiladigan ma'lumotlar spektrini qamrab oladi.

Ma'lumot turi	DDBJ	EMBL-EBI	NCBI
Keyingi avlod o'qiydi	Davrani o'qish arxivi	Evropa nukleotidi Arxiv (ENA)	Davrani o'qish arxivi
Kapillyar o'qiydi	Izlar arxivi		Izlar arxivi
Izohlanmagan ketma-ketliklar	DDBJ		GenBank
Namunalar	BioSample		BioSample
Tadqiqotlar	BioProject		BioProject

- INSDC maslahat kengashi, Xalqaro maslahat qo'mitasi har bir ma'lumotlar bazasining maslahat organlarining a'zolaridan iborat. Xalqaro maslahat qo'mitasi chop qog'oz INSDC ma'lumotlarni depozit hisobvareg'iga muhimligini yana bir bor tasdiqlagan.
- Xalqaro ketma-ketlik ma'lumotlar bazasiga ma'lumotlarni taqdim etgan shaxslar INSDC siyosatidan xabardor bo'lishi kerak .

Ma'lumotni qanday yuborish kerak

- Ma'lumotlar bazasiga ma'lumotlarni qanday topshirish haqida to'liq ma'lumot olish uchun, iltimos, hamkorlikdagi sherikni tanlang.

7-rasm. INSDC-xalqaro ma'lumotlar bazasining asosiy oynasi ko'rinishi.

INSDC ma'lumotlariga bepul va cheklanmagan kirishning birgalikdagi yagona siyosatiga ega. Ushbu siyosatga binoan, INSDC har kuni nukleotidlar ketma-ketligi va ular bilan bog'liq ma'lumotlarni to'playdi, saqlaydi, ta'minlaydi va almashadi.

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi yo'naltirilgan platformalari mavjud:

- Bioinformatika
- Biologik ma'lumotlar bazasi
- Yaponiya DNK ma'lumotlari banki
- Yevropa bioinformatika instituti
- Biologik ma'lumotlar bazalari ro'yxati
- Milliy Biotexnologiya Axborot markazi
- Sequence ma'lumotlar bazasi

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi bog'laniladigan URL platformalari mavjud:

- Rasmiy veb-sayt
- EMBL INSDC sayti
- EMBL nukleotid bazasi
- Yaponiya DNK ma'lumotlari banki
- GenBank nukleotidini qidirish

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasida quyidagi hujjatlar platformalari mavjud:

- **Xususiyatlar jadvali hujjati**
- INSDC tomonidan boshqariladigan so'z birikmalari
- Genetik kod jadvallari*
- INSDC holati to'g'risidagi hujjat
- Genom to'plamini topshirish uchun INSDC standartlari

- INSDSeq XML v1.5 dtd
- INSDC Advisor jurnalining muharrirlariga ochiq xat
- TPA topshirish bo'yicha ko'rsatmalar
- INSDSeq XML holati
- / inference qualifier lug'at bo'yicha tavsiyanoma
- / eksperiment kvalifikatori lug'at bo'yicha tavsiyanoma
- / Submitter seqid kvalifikatori tavsiyalari to'g'risidagi hujjat
- INSDC kelishilgan uslubiy kalit so'zlari

*Genetik kod jadvallari platformasidan ma'lumot (2016 yil tuzilgan):

Vaqt o'tishi bilan an'anaviy INSDC ketma-ketlik arxiviga kiritilgan nukleotidlar ketma-ketliklar sonining korrelyativ o'sishi kuzatildi. Jumladan, ommaviy ketma-ketlik ma'lumotlari-WGS hamda ommaviy bo'lmagan ya'ni Expressed Sequence Tag (EST), Genome Survey Sequence (GSS), Patent va Transkriptome Shotgun Assambleyasi (TSA) ketma-ketlik ma'lumotlari o'rin oladi. Keyinchalik (2013 yil) barcha ma'lumotlar BioSample dasturi yordamida optimallashtirilib umumlashtirildi. Ma'lumot o'rnida shuni aytilish mumkinki, BioSample dasturi NCBI, DDBJ va EMBL ma'lumotlar bazasidan o'rin olgan.

Nukleotidlar ketma-ketligi bo'yicha xalqaro ma'lumotlar bazasi bilan ishlash siyosati.

1. INSDC o'zlarining ma'lumotlar bazalarida mavjud bo'lgan barcha yozuvlarga bepul va cheklovsiz kirishning yagona siyosatiga ega. Dunyo miqyosidagi olimlar ushbu yozuvlarga eksperimentlarni rejalashtirish yoki har qanday tahlil yoki tanqidlarni nashr etish uchun kirishlari mumkin. Tegishli maqola, chop etilgan ilmiy adabiyotlardan foydalangan holda, olimlarning asl nusxalariga tayanib, asl taqdimnomaga tayanib beriladi.

2. INSDC ma'lumotlariga kirishni cheklaydigan, ushbu yozuvlardagi ma'lumotlardan foydalanishni cheklaydigan yoki ushbu yozuvlar asosida nashrlarning ayrim turlarini taqiqlaydigan yozuvlarga bayonnomalarni

biriktirmaydi. Xususan, foydalanish bo'yicha cheklovlar yoki litsenziyalash talablari biron-bir ketma-ketlik ma'lumotlari yozuvlariga kiritilmaydi va hech kim tomonidan ma'lumotlar bazasini qayta taqsimlash yoki undan foydalanishda hech qanday cheklovlar yoki litsenzion to'lovlar bo'lmaydi.

3. INSDC-ma'lumotlar bazasiga taqdim etilgan barcha annotasiyalar ilmiy nashrlar sifatida doimiy ravishda ochiq bo'lib qoladi. Xatolarni tuzatish va mualliflar tomonidan yozuvlarning yangilanishi qabul qilinadi va noto'g'ri annotasiyalar bazaning keyingi nashrlaridan olib tashlanishi mumkin, ammo barchasi kirish raqami orqali doimiy ravishda saqlanib qoladi.

4. Taqdim etuvchilarga INSDC tomonidan qo'llab-quvvatlanadigan veb-saytlarda aks ettirilgan ma'lumotlar keng jamoatchilikka oshkor qilinishi tavsiya etiladi. Ma'lumotni topshirish huquqiga ega ekanliklarini aniqlash uchun yuboruvchilar javobgar.

5. Cheklangan tahririyat nazorati va ba'zi ichki yaxlitlik tekshiruvlaridan tashqari (masalan, INSD formatlaridan to'g'ri foydalanish va CDS yozuvlarida ko'rsatilgan kodlash hududlarining tarjimai tekshirilganda), ma'lumotning sifati va aniqligi ma'lumotlar bazasi emas, balki taqdim etuvchi muallifning zimmasidadir. Ma'lumotlar bazalari iloji boricha sifatli manbaga erishish uchun ma'lumotlar bazasiga ma'lumot taqdim etuvchilari va foydalanuvchilari bilan doimiy a'loqada bo'ladi.

INSDC xalqaro ma'lumotlar bazasining maslahatchi qo'mitalari.

DDBJ maslahatchilari:

- ✓ Sumio Sugano, Tibbiyot fanlari instituti, Tokio universiteti
- ✓ Ken Kurokawa, Yer-hayot ilmiy instituti, Tokio texnologiya instituti
- ✓ Kaoru Fukami-Kobayashi, Bioresource ma'lumot bo'limi, RIKEN BioResource markazi

EMBL maslahatchilari:

- ✓ Antuan Danchin, AMABiotics SAS, Evri, Frantsiya va CEA ilmiy maslahatchisi, Frantsiya

- ✓ Babis Savakis, Krit universiteti va IMBB-FORTH, Iraklion
- ✓ Jan Vaysenbax, Genoskop, Evri
- ✓ Mark Blaxter, GenePool Genomics fondi va Edinburg universiteti, Evolyutsiya biologiyasi instituti

GenBank (NCBI) maslahatchilari:

- ✓ Stiven Salzberg, Djons Xopkins nomidagi tibbiyot maktabi, Baltimor, MD, AQSh
- ✓ Rich Roberts, Yangi Angliya Biolabs, Beverli, MA, AQSh
- ✓ Valeri de Kresi-Lagard, Florida universiteti, Geynvill, FL, AQSh

2. NCBI – MA'LUMOTLAR BAZASI -GenBank-AQSH

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)



NCBI-“Biotexnologik Ma'lumotlar Milliy Markazi” *National Center Biotechnology Information*, 1988 yilda AQSH da tashkil etilgan, Milliy tibbiyot kutubxonasining filiali sifatida- *National Library of Medicine* asosida yuzaga kelgan. U AQShning Vifezda, Merilend shtatidagi Sog'liqni Saqlash Milliy Institutida joylashgan. NCBIning asosiy maqsadi sog'lom va kasal organizmda o'tadigan molekulyar va genetik jarayonlarni keng tushunish uchun yangi informatsion texnologiyalarni ishlab chiqarishdan iborat. Maxsus maqsadlariga: biologik ma'lumotlarni saqlash va tahlil qilish uchun avtomatlashtirilgan tizimlarni ishlab chiqish, ma'lumotlarni mashinali qayta ishlash yuqori texnologiyalarini rivojlantirish, foydalanuvchilarga bazalar ma'lumotiga va dasturiy ta'minotga kirishini osonlashtirish, butun jahon bo'yicha biotexnologik ma'lumotlarni yig'ish ishlarini olib borishdan iborat. Shuning uchun NCBI Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) tarmog'iga xizmat ko'rsatadi. GenBank – bu nuklein kislotalar genetik ketma-ketligining ma'lumotlar bazasi, asosan NCBI tomonidan boshqariladi, barcha ommaga ma'lum bo'lgan DNK

ketma-ketliklarining sharhlangan to'plamidir (Nuklein kislotalar tadqiqotlari, 2013 yil yanvar; 41 (D1): D3642). GenBank Yaponiyaning DNK ma'lumotbazasi (DDBJ), Yevropadagi nukleotidlar arxivi (ENA) va NCBI-da GenBankni o'z ichiga olgan Xalqaro nukleotidlar ketma-ketligi ma'lumotlar bazasi bilan hamkorlikning bir qismidir.

NCBI Bosh sahifasi

Resurslar ro'yxati (AZ)

- Barcha manbalar
- Kimyoviy moddalar va bioassaylar
- Ma'lumot va dasturiy ta'minot
- DNK va RNK
- Domenlar va tuzilmalar
- Genlar va ifoda
- Genetika va tibbiyot
- Genomlar va xaritalar
- Homologiya
- Adabiyot
- Proteinlar
- Seksiyani tahlil qilish
- Taksonomiya
- O'quv va qo'llanmalar
- O'zgarish

NCBI-ga xush kelibsiz

Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi biologik va genom ma'lumotiga kirishni ta'minlash orqali fan va sog'liqni saqlashni rivojlantiradi.

Yuborish
Ma'lumot yoki qo'lyozmalarni NCBI ma'lumotlar bazasiga saqlash

Yuklab oling
NCBI ma'lumotlarini kompyuteringizga o'tkazing

O'rganing
Yordam hujjatlarini toping, darsga boring yoki darslarni tomosha qiling

Rivojlaning
Ilovalarni yaratish uchun NCBI API va kod kutubxonalardan foydalaning

Tahlil qiling
Ma'lumotlaringizni tahlil qilish vazifasi uchun NCBI vositasini aniqlang

Izlanishlar
NCBI tadqiqotlari va hamkorlikdagi loyihalarni o'rganing

Ommabop manbalar

- PubMed
- Kitob javoni
- PubMed Central
- QARSHI
- Nukleotid
- Genom
- SNP
- Gen
- Protein
- PubChem

NCBI yangiliklari va blogi

SARS-CoV-2 ma'lumotlarini tezkor burilish bilan tekzor etkazib berish
09 April 2020 yil

1-rasm: SARS-CoV-2 taqdimot mavzidagi hujjat GenBank viki

22 aprel NCBI-ning ALFA-dagi veb-seminar: variantlarni tahlil qilish va talqin qilish uchun allel chastotasi ma'lumotlari
08 aprel 2020 yil

2020 yil 22-aprel shuncha kuni sot

Keyingi RefSeq FTP raqami 200 tagacha o'tkazildi
07 April 2020 yil

Keyingi nashr uchun NCBI-ning Referat Sequence (RefSeq) raqamlari 200 na

ISHNI BOSHILASH

- NCBI ta'limi
- NCBI yordam qo'llanmasi
- NCBI qo'llanmasi
- O'quv va qo'llanmalar
- Ma'lumotni yuboring

RESURSLAR

- Kimyoviy moddalar va bioassaylar
- Ma'lumot va dasturiy ta'minot
- DNK va RNK
- Domenlar va tuzilmalar
- Genlar va ifoda
- Genetika va tibbiyot
- Genomlar va xaritalar
- Homologiya
- Adabiyot
- Proteinlar
- Seksiyani tahlil qilish
- Taksonomiya
- O'zgarish

OMMABOP

- PubMed
- Kitob javoni
- PubMed Central
- QARSHI
- Nukleotid
- Genom
- SNP
- Gen
- Protein
- PubChem

TANLANGAN

- Genetik shov registri
- GenBank
- Malumot ketma-ketligi
- Genmi ifodalash Omnibus
- Genom ma'lumotlarini ko'rish vositasi
- Inson Genom
- Sichqoncha Genom
- Gripp virusi
- Primer-BLAST
- Davran o'qish an'ivi

NCBI HAQIDA MA'LUMOT

- NCBI haqida
- NCBI-da tadqiqotlar
- NCBI yangiliklari va blogi
- NCBI FTP sayti
- Facebookdagi NCBI
- Twitterdagi NCBI
- YouTube'dagi NCBI
- Maxfiylik siyosati

Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi, AQSh Tibbiyot Milliy Kutubxonasi,
8600, Rockville Pike
Bethesda
MD
20894
AQSh
Siyosat va ko'rsatmalar | Aloqa

Yordam markazi

Logos: NATIONAL LIBRARY OF MEDICINE, USA.gov

8-rasm. NCBI ma'lumotlar bazasining asosiy oynasi.

NCBI bazasi quyidagi xizmat ko'rsatish resurslarini taqdim etadi:

- Mahalliy ketma-ketliklarni qidiruv vositasi (BLAST)
- BioProject (ilgari inson Genomi loyihasi)
- BioSistemalar
- BLAST (yakka tartibda)
- Konservativ domenlar ma'lumotlar bazasi (CDD)
- Bazada Saqlanadigan domenlarni qidirish xizmati (CD qidirish)
- Genomik tarkibiy o'zgarishlarning ma'lumotlar bazasi (dbVar)
- Genotiplar va fenotiplar to'g'risidagi ma'lumotlar bazasi (dbGaP)
- Single nukleotid Polimorphism Ma'lumotlar Bazasi (dbSNP)
- FTP: FASTA BLAST ma'lumotlar bazasi
- FTP: Genom xaritasi ma'lumotlari
- GenBank
- Genom BLAST
- Primer-BLAST
- PubMed
- Taksonomiya umumiy daraxti
- Vektorni tahrirlash vositasi (VAST)

PDB – PROTEIN MA'LUMOTLARI BANKI

oyida  Protein ma'lumotlari banki (PDB) 1971 yil oktyabr Nature New Biologiyada Kembrij Kristallografik Ma'lumotlar Markazi, Buyuk Britaniya va Bruksaven Milliy Laboratoriyasi, AQShdagi qo'shma korxona sifatida e'lon qilindi. U eksperimental ravishda aniqlangan protein tarkibidagi barcha ma'lumotlarning markaziy arxivi sifatida tashkil etilgan. Bugungi kunda PDB xalqaro miqyosda Protein Ma'lumotlar Banki (WPPDB) nomi bilan tanilgan xalqaro konsorsium tomonidan yuritiladi.

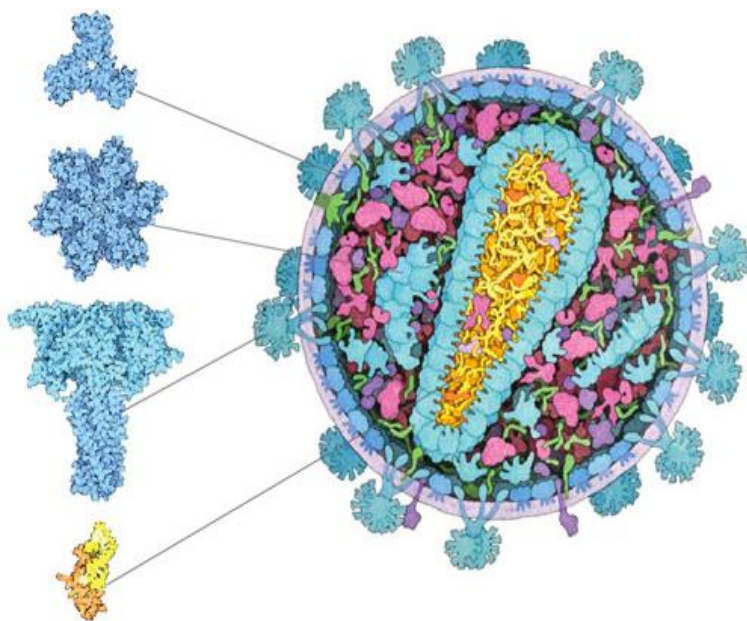
WWPPDBning vazifasi makromolekulyar tarkibiy ma'lumotlarning yagona arxivini yaratishdir.



Ushbu veb saytga odatda rentgen kristallografiyasi, NMR spektroskopiyasi va krioelektron mikroskopiya usullari orqali olingan, dunyoning turli mamlakatlari biolog va kimyogarlar

toimonidan taqdim etilgan ma'lumotlar kirishi mumkin (PDBe, PDBj, RCSB, va BMRB). PDB butun dunyo bo'ylab oqsil ma'lumotlari banki deb nomlangan tashkilot tomonidan nazorat qilinadi. PDB global arxivini yagonalashtirish maqsadida bir harakat PDBe (Buyuk Britaniya), PDBj (Yaponiya), va BMRB (AQSh) bazalari hamkorlikda ish olib borishadi.

PDB arxivi har hafta yangilanadi va ma'lumotlarni foydalanuvchilarga bepul taqdim etiladi. Taqdim etiladigan xizmat turlari ko'p jumladan:



9-rasm. Proteopedia uslubida murakkab virusning 3D entsiklopediyasi ko'rinishi.

✓ Kristallografik
ma'lumotlar bazasi

- ✓ Protein tuzilishi
- ✓ Protein tarkibini bashorat qilish
- ✓ Protein tuzilishi ma'lumotlar bazasi
- ✓ PDBREPORT PDB tuzilishidagi barcha anomaliyalarni ko'rsatadi
- ✓ PDBsum – boshqa ma'lumotlar bazalaridan foydalanadi

Protein ma'lumotlari banki (PDB) arxivi yirik biologik molekulalarning 3D tuzilmalari, shu jumladan oqsillar va nuklein kislotalar to'g'risidagi ma'lumotlarning dunyo miqyosidagi yagona omboridir. Omborda barcha organizmlarnig, shu jumladan bakteriyalar, zamburug'lar, o'simliklar, umrtqasizlar, boshqa hayvonlar va odamlarda mavjud bo'lgan hayot molekulalari, molekulalar strukturalarining mayda oqsillar va DNK mayda bo'laklaridan tortib, murakkab molekulalarga qadar ma'lumotlari jamlanadi.

PDB dunyo bo'ylab xalqaro foydalanuvchilar jamoasiga ega bo'lib, keng soha vakillarini strukturaviy biologiya, biokimyo, genetika, bioinformatika, farmakologiya, media yozuvchilar, rassomlar, kabi sohalarda o'z ichiga oladi. Birlamchi RCSB PDB iqtiboslari **Berman va boshqalar**. *Nuklein kislotalari tadqiqotlari* 2000, har doim eng ko'p nashr etilgan ilmiy nashrlardan biridir. Clarivate Analytics tomonidan 2017 yilda o'tkazilgan bibliometrik tahlili dunyo bo'ylab PDB tomonidan yuqori sifatli izlanishlarni ko'rsatmoqda. Iqtibosli maqolalar biologiya va biokimyo, kompyutershunolik, o'simlik va hayvonot fanlari, fizika, atrof-muhit, ekologiya, matematika va geografiya kabi 16 ta ilmiy sohada dunyo bo'yicha o'rtacha ko'rsatkichdan oshib ketdi. RCSB PDB ma'lumotlari va xizmatlaridan foydalanish qiymati har yili 5.5 milliard dollarga baholanmoqda. Ushbu saytlar kuniga 24 soat, haftada yetti kun xizmat ko'rsatadi.

3-amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. Bioinformatson dasturlarni bazalardan farqi, BLAST dasturi.

Genomni tahrirlash texnologiyalariga asos solinishi. O'simliklar, hayvonlar va odam genomining to'liq sekvenirlanishi natijasida olingan ma'lumotlar bioinformatika usullari orqali biotexnologiya, molekulyar biologiya, qishloq xo'jaligi va tibbiyot sohalarida keng miqyosda qo'llash uchun katta imkoniyatlar ochib bermoqda. Biroq genomning alohida elementlarining funktsional o'zaro bog'liklarini va ularning fenotipik belgilarini hamda alohida kasalliklarning patogenezi shakllanishidagi rolini tushunish uchun genomlarning faqatgina nukleotid ketma-ketliklari to'g'risidagi ma'lumotlar yetarli emas. Postgenom sohasida genomlardagi DNKlarni manipulyatsiya (boshqarish) qilish, genlar ekspressiyasini va regulyator elementlarning ishlarini boshqarish va vizuallashtirish imkonini beruvchi usullar faol rivojlanib bormoqda. Ammo barcha usullar ham samaradorligi, havfsizligi hamda keng doiradagi tadqiqotchilar qo'llashi uchun yuqori talablarga javob bermaydi. So'nggi bir necha yillar ichida genomlarni tahrirlash uchun TALEN, Zinc Finger va CRISPR/Cas9 (inglizcha CRISPR – Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats, o'zbek tilida – muntazam guruhlarda joylashgan qisqa palindromik takrorlar) kabi yangi texnologiyalar vujudga keldi.

Genomni tahrirlash texnologiyalari. Ushbu yaqinda paydo bo'lgan tizimlar allaqachon genom muxandisligining samarali va ishonchli texnologiyalariga aylanib ulgirdi. Bu innovatsion texnologiyalarni zamonaviy biologiyaning asosiy model ob'ektlari genomlarini tahrirlashda hamda genomlarning funktsional skriningi, odam irsiy kasalliklari hujayra modellarini yaratish, epigenomikasini o'rganish va hujayrada sodir bo'ladigan jarayonlarni vizualizatsiya qilishda qo'llaniladi.

Gen muxandisligi sohasining tarixi 1972 yilda amerikalik olim Pol Naim Berg (Paul Naim Berg) laboratoriyasida rekombinant DNK yaratilishi bilan boshlangan. Bu tajribada olimlar ichak tayoqchasi genomini bakteriofag va virus

(SV40) genlari bilan birlashtirgan. Ushbu kashfiyotdan so'ng gen muxandisligi sohasida ulkan yutuqlarga erishildi, molekulyar-genetik mexanizmlar va hodisalar mukammal o'rganildi va kashf etildi, endilikda bu hodisalarni *in vitro* sharoitida amalga oshirish mumkin. Bakteriya hamda viruslarning molekulyar genetikasi va biokimyosi sohasidagi izlanishlar bioinformatik usullar yordamida DNKni manipulyatsiya qilish (boshqarish) va turli vektor tizimlari ishlab chiqish, ularni hujayraga kiritish usul va uslublarini yaratish imkonini berdi. Buning natijasida esa nafaqat transgen mikroorganizmlar, balki genetik modifikatsiyalangan o'simliklar va hayvonlar olishga erishildi.

Bioinformatika sohasining shiddat bilan rivojlanishi biotexnologiya va selektsiya yo'nalishlari taraqqiyotiga turtki berib, gen muxandisligining amaliy sohasini yuzaga keltirdi. Biroq an'anaviy gen muxandisligi usullari bir qator kamchiliklarga ega bo'lib, bulardan bittasi – odam va hayvonlarning katta genomlarini manipulyatsiya qilish o'ta murakkabligidir.

Inson genomi Milliy tadqiqot instituti 2003 yilda yangi halqaro loyiha ENCODE (ingl. Encyclopedia of DNA Elements, o'zb. DNK elementlari entsiklopediyasi) ustida ish boshladi. Loyihadan maqsad – olimlarning intilish va izlanishlarini birlashtirgan holda RNK va oqsillar darajasida faol bo'lgan elementlar, fundamental genetik jarayonlarni- transkripsiya, translatsiya va replikatsiyani nazorat qiluvchi regulyator elementlar va inson genomi funktsional elementlarining to'liq ro'yxatini olish edi. Bu kabi funktsional o'zaro aloqadorliklarni aniqlash uchun quyidagi ikki strategiya qo'llaniladi: genni o'chirish (nakout yoki nokdaun) hamda gen faoliyatini yoki uning ektopik ekspressiyasini kuchaytirish. An'anaviy usullar – gomologik rekombinatsiyalar qo'llangan transgenez sichqonlarda, bundan tashqari virusli va lentivirusli vektorlarning qo'llanilishi nafaqat qimmat, balki juda katta mehnat talab etadi, ular o'ta qat'iy belgilangan genom lokusida aniq o'zgarishlar kiritish imkonini bermaydi.

Hozirgi kunda olimlar ixtiyorida bir necha texnologiyalar paydo bo'ldi, bular orqali o'simliklar, hayvonlar va odam genomlarini o'ta yuqori aniqlikda tahrirlash imkonini beradi.

Genomni tahrirlash tizimlarining asosiy yo'nalishlari.

Yangi avlod texnologiyalari: Zinc Finger, TALEN, CRISPR. Zinc-finger texnologiyasi.

Fok I – endonukleazalar domeni bilan bog'langan oqsil domeninig “Rux barmoqchalari” tipi sayt-spetsifik nukleaza sifatida faol bo'lib DNKni in vitro sharoitida qat'iy belgilangan uchastkalarini o'ta aniqlikda qirqishi allaqachon 1996 yilda birinchi marta ko'rsatib berilgan edi. SHu kabi ximerik oqsillar modulli strukturaga ega bo'lib har bir “rux barmoqchalari” domeni bir nukleotid tripletini taniydi (Zinc-finger Nuclease, ZFN).

1 Bu kulturalanadigan hujayralar jumladan plyuripotent tana hujayralari hamda model hayvonlar va o'simliklarda asosiy tahrirlash usuliga aylandi.

2 Ammo ZFN texnologiyasi murakkabligi va har bir aniq genom lokuslari uchun oqsil domenlarining konstruktsiyasini tuzishga yuqori harajat talab etilishi, bir nukleotidli almashinuv yoki domenlar aro o'zaro noto'g'ri ta'sirlar sababli DNK-nishonning noaniq qirqilishi ehtimolliklari kabi bir nechta kamchiliklarga ega.

3 Shuning uchun genomni tahrirlovchi yangi texnologiyalar topish maqsadida faol izlanishlar davom etdi. So'nggi yillarda bu izlanishlar genomlarni tahrirlash imkonini beruvchi yangi instrumentlarning yaratilishiga sabab bo'ldi.

TALEN texnologiyasi. Bu tizimlar – TALEN (Transcription ActivatorLike Effector Nucleases, ya'ni transkripsiyani faollashtiruvchilarga o'xshash effektor nukleazalar) va CRISPR/Cas9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats, ya'ni – muntazam bir-biridan bir xil uzoqlikda joylashgan qisqa palindromik guruhlar takrorlari).

4. Ushbu tizimlar odam, o'simliklar va hayvonlar hujayrasida yuqori samarali ishlarni amalga oshirish va ular uchun konstruksiyalar tuzishning nisbatan soddaligi bilan farq qiladi. Bu kabi texnologiyalar genomlar ustida turli xil manipulyatsiyalarni amalga oshirishda faol qo'llanilmoqda va bu orqali transgen va mutant hayvon va o'simliklar yaratish hamda kulturalanadigan odam plyuripotent hujayralari asosida kasalliklar modelini yaratish va tadqiq etish kabi bir qator murakkab muammolarni hal etish uchun imkon yaratadi. Bundan tashqari epigenomikasini o'rganish va xromosoma lokuslarini hujayra tsiklida o'tkazish uchun TALEN DNK – bog'lovchi domenlari asosidagi ximerik oqsillar va faoliyati to'xtatilgan (inaktivatsiya) Cas9 nukleazalaridan genlar transkripsiyasini boshqarish bo'yicha olib borilgan tajribalarda foydalanilgan. 2011 yilda genomlarni yuqori darajadagi aniqlikda tahrirlash imkonini beruvchi usullar qatorida TALEN tizimi ham nufuzli "Nature Methods" halqaro jurnali tomonidan yil texnologiyasi deb tan olindi. Bu texnologiya yaratilish tarixi *Xanthomonas* avlodi bakteriyalarining o'rganilishi bilan bog'liq. Ushbu bakteriyalar sholi, qalampir, pomidor kabi o'simliklarning patogeni hisoblanib qishloq xo'jaligiga katta iqtisodiy zarar keltiradi, bu esa ularning sinchkovlik bilan o'rganilishiga sabab bo'ldi. Aniqlanishicha, bakteriyalar o'simliklar hujayralarining sitoplazmasiga effektor oqsillarni- TALE, Transcription Activator-Like Effectors ajratib chiqaradi, bu esa o'simliklar hujayrasidagi jarayonlarga ta'sir etib patogenlarga nisbatan chalinuvchanlik darajasini oshiradi.

Keyinchalik effektor ta'sir etuvchi oqsillarning faoliyat mexanizmlarini o'rganish natijasida, ular eukariotlardagi transkripsiya omillarini takrorlab DNK bilan bog'lana olish va o'zlarining gen-nishonlarining ekspressiyasini faollashtirish qobiliyatiga ega ekanligi aniqlandi.

TALE oqsillari DNKga bog'lanishi, domen va yadroda joylashish signali hamda maqsaddagi genning transkripsiyasini faollashtirish uchun javobgar markaziy domendan tashkil topgan. Birinchi marta ushbu oqsillarning DNKga

bog'lana olish qobiliyatlari 2007 yilda tavsiflangan edi, bir yil o'tib esa ikki guruh olimlar tomonidan TALE oqsillarining nishonlangan DNK izchilliklarini tanib olish kodlari aniqlandi.

1 DNKga bog'lanuvchi domen monomerlardan tashkil topganligi va ularning har biri bitta nukleotid bilan nishonlangan nukleotid ketma-kemligiga bog'lanishi ko'rsatib berildi.

Monomerlar ikkitasi yuqori o'zgaruvchan (Repeat Variable Di-residue, RVD) 12 – va 13 – pozitsiyalarda joylashgan 34 aminokislotalar qoldig'idan iborat tandem takrorlarni namoyish etadi.

2 Bunda aynan o'sha yuqori o'zgaruvchan aminokislotalar belgilangan nukleotidlarni tanib olishga javobgar hisoblanadi. Bu kod tug'ma degenerativ hisoblanadi. Ba'zi yuqori o'zgaruvchan aminokislotalar bir necha nukleotidlar bilan turli samaradorlik bilan bog'lanishi mumkin. Bunda TALE monomerlari bog'lanadigan 5' – oxirgi uchi nukleotid ketma-ketligi oldidan nishonlangan DNK molekulasida doim faqat timidin nukleotidi joylashgan bo'ladi, bu esa bog'lanish samaradorligiga ta'sir etadi.

3 So'nggi 3'-uchi tanib olish saytiga bog'lanuvchi tandemli takror 20 aminokislota qoldig'idan iborat bo'lib u yarim takror deb nomlanadi.

TALE oqsillari yordamida DNK kodlarining o'qilishi aniqlanganidan so'ng o'zining soddaligi bir monomer – bir nukleotid bilan butun dunyo olimlarining qiziqishini uyg'otdi va TALEN – ximerik nukleazalar yaratish bo'yicha birinchi tajribalar amalga oshirildi.

4 SHu maqsadda TALE domeniga bog'lanib DNKni kodlovchi izchillikni plazmada vektoriga kiritildi, bu vektor ilgari ZFN texnologiyasini yaratishda foydalanilgan.

Nazariy jihatdan DNKga bog'lanuvchi domenlarning ma'lum tanib olish saytlari bilan genomning istalgan uchastkasiga TALEN sun'iy nukleazalari yordamida ikki zanjirli bo'shliq kiritish mumkin. TALEN nukleazalari

saytlarini tanlashdagi yagona cheklov, bu nishonlangan ketma-ketlikdagi 5'-uchi oldidan T ning mavjud bo'lish zaruriyatidir.¹ Ammo speyser ketma-ketligi uzunligini o'zgartirish bilan ko'p hollarda sayt tanlovlarini amalga oshirish mumkin. DNKga bog'lanadigan domenning W232 qoldig'i Noxir uchastkasining tarkibida 5' – T bilan o'zaro birikadi, bunda u TALEN ning nishonlangan saytlar bilan birikish samaradorligiga ta'sir ko'rsatishi aniqlangan.

2 Ammo A, G, yoki C bilan bog'lana oluvchi TALEN Noxirli domenining mutant variantlarining seleksiyasi natijasida bu muammoni hal etish imkoni bor.

CRISPR-Cas9

Klasterli muntazam ravishda intervalgacha bo'lgan qisqa palindromik takrorlanishlar (qisqartirilgan CRISPR deb ataladi) prokariotik DNK segmentlari bo'lib, ular bazis ketma-ketligining qisqa takrorlanishini o'z ichiga oladi. CRISPR olimlarga genomlarni misli ko'rilmagan aniqlik, tezkorlik va moslashuvchanlik bilan tahrirlash imkonini beradigan vosita sifatida foydalanilmoqda. CRISPR genlarni ko'paytirish va tahrirlash bo'yicha eski usullarga qaraganda ancha yaxshi

CRISPR / Cas tizimi – bu prokariotik immunitet tizimi, bu plazmidlar va faglar kabi begona genetik elementlarga qarshilikni ta'minlaydi va immunitetning shaklini ta'minlaydi. CRISPR spacerslari bu ekzogen genetik elementlarni eukariotik organizmlarga RNK aralashishiga o'xshash tarzda taniydilar va kesib tashlaydilar. Genlarning to'plami CRISPR takroriylari bilan bog'liq deb topildi va ularga cas, yoki CRISPR bilan bog'liq bo'lgan genlar deb nom berildi. Cas genlari DNKni kesib yoki ochib yuboradigan fermentlar bo'lgan putativ nukleazani yoki helikaz oqsillarini kodlaydi. Cas genlari har doim CRISPR ketma-ketligi yaqinida joylashgan. Bir qator Cas fermentlari mavjud, ammo eng mashhuri *Streptococcus pyogenes*dan kelib chiqqan Cas9 deb nomlanadi.

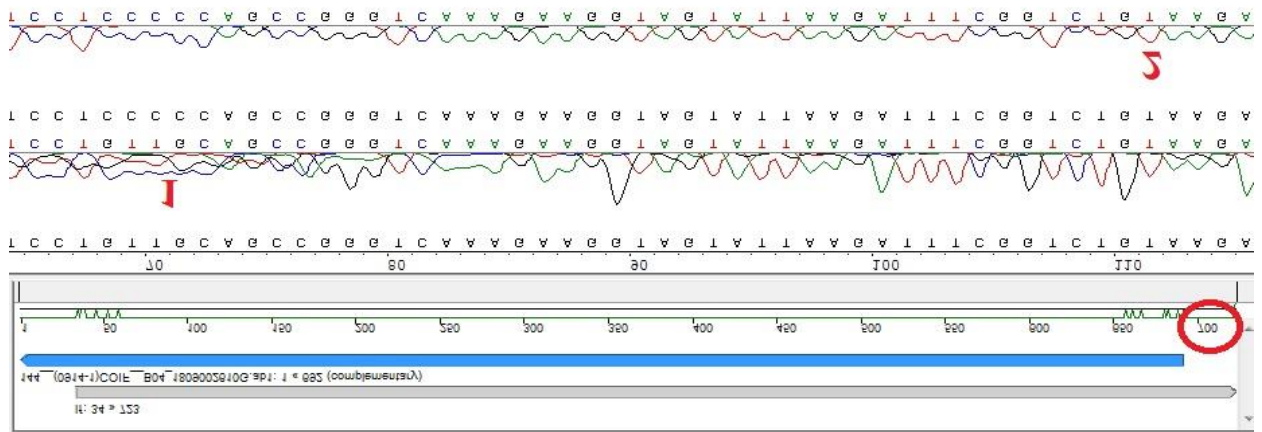
CRISPR aralashuvi texnikasi juda katta potentsial imkoniyatlarga ega, jumladan, odamlar, hayvonlar va boshqa organizmlarning mikroblarini va oziq-ovqat ekinlari genlarini o'zgartirish. Cas9 oqsilini va tegishli qo'llanma RNKlarini hujayraga etkazib, organizmning genomini istalgan joyda kesish mumkin. CRISPRlar hayotning barcha daraxtlarida genlarni tartibga solish va genlarni tartibga solish uchun maxsus endonuklaz fermentlari bilan birgalikda ishlatilgan. Yangi paydo bo'lgan biotexnologiya va inson urug'ini tahrir qilish istiqbollari haqida axloqiy xavotirlar bildirildi.

3. BLAST va FASTA dasturlari

BLAST qanday ishlaydi. Men bugungi maqolada imkoni boricha sodda tilda BLAST dan qanday foydalanish haqida ma'lumot bermoqchiman. Jarayonni tushunishingiz uchun o'zim olib borayotgan tadqiqotlar misolida tushuntirib ketaman.

Men ayni vaqtda O'zbekiston baliqlarining DNK barkodingi va filogenetikasi ustida shug'ullanmoqdaman. Ushbu ilmiy tadqiqot ishimda men uchun O'zbekiston suv havzalaridan yig'ilgan baliq namunalari kerak bo'ladi. Men mana so'nggi 3 yil davomida O'zbekistondagi turli suv havzalaridan baliq namunalarini yig'ib kelmoqdaman. Ayrim baliq turlarini tashqi ko'rinishidan, morfologik belgilaridan juda osongina ajrata olaman, ayrimlarini maxsus aniqlagich kitoblaridan foydalangan holda aniqlayman.

Xitoyda qaytgach laboratoriya sharoitida o'sha baliq namunasining to'qimasidan mitoxondriya DNK ni ajratib olib (bu alohida mavzu), mitoxondriyadagi COI genini PZR mashinasida amplifikatsiya qildim. Elektroforez jarayoni ushbu genni to'g'ri ajratib olganimni ko'rsatdi. Men natijalarni maxsus kompaniyalarga jo'natdim. Ular menga o'sha noma'lum baliq namunasidan olingan COI genidagi nukleotidlar ketma-ketligini o'qib berishdi. Ular jo'natgan natija taxminan quyida ko'rinishda edi.



Bu tasvirda DNK ikkala zanjirining ma’lum bir fragmenti va undagi nukleotidlarning spektrlari tasvirlangan. Nukleotidlar spektri va ularning rangidan ajratib olish haqida avval ham yozgan edim. DNK ning ushu holatini ko’rish uchun “**ContigExpress Project**” bioinformatsion dasturidan foydalaniladi. Ushbu rasmda DNK ning 5’-3’ (1) va 3’-5’ (2) zanjirlarini ko’rishingiz mumkin. COI geni o’rtacha 700 ta nukleotiddan iborat bo’ladi. Biz DNK zanjirlarining holatini tekshirib ulardan umumiy holatda quyidagi nukleotidlar ketma-ketligini qo’lgan kiritamiz.

```

Файл  Правка  Формат  Вид  Справка
TTTAGAATTTTCTGGTGGCCAAAGAATCAAAATACGGGGATGTTGGATATAG
CGATTGTGGTCTCCTCCCCCAGCCGGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTC
GGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCTAGGACCGGTAGCGATAGTAG
AAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAGGGCGTTTGATAT
TGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTAATTG
CGCCTAGAATTGATGAGACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAAATAGTTAAGTC
TACTGATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGGATAAACCGTT
CAGCCCGTTTCTGCCCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGA
AAGAAGGGGGAAGTAGTCAGAAGCTTATATTATTCATACGGGGGAATGCTAT
GTCAGGGGGCCCAATCATTAAATGGGACCAGTCAATTTCCGAAGCCCCCAATG
AGAATCGGCATTACTATAAAGAAAATTATAACAAAGGCGTGGGCGGTAACAA
TAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGGCTTAATTC
AGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACATATATCCGTGCTCAGGCA
CCAAATACAAGATAATAGGGTGCCAATGTCTTTGGGGTTGGTTGAAA

```

Mana bizda 723 ta nukleotidlardan tashkil topgan DNK ning bitta zanjiri fragmentining nukleotidlari turibdi. Ana endi uni BLAST yordamida kimga tegishli ekanligini topib olamiz.

Buning uchun kompyuterda internetni yoqib AQSHning Biotexnologik ma'lumotlar milliy markazi (NCBI) saytiga kiramiz. U yerdan BLAST bo'limi tanlaymiz. Bizda quyidagi oyna ochiladi.

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

Web BLAST

Nucleotide BLAST
nucleotide → nucleotide

blastx
translated nucleotide → protein

tblastn
protein → translated nucleotide

Protein BLAST
protein → protein

BLAST Genomes

Enter organism common name, scientific name, or tax id **Search**

Human Mouse Rat Microbes

BLAST » blastn suite

Standard Nucleotide BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)

Or, upload file **Выберите файл** Файл не выбран

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database ☐ Human genomic + transcript ☐ Mouse genomic + transcript ☒ Others (nr etc.):
Nucleotide collection (nr/nt)

Organism Optional

Exclude Optional

Limit to Optional

Entrez Query Optional

Program Selection

Optimize for ☒ Highly similar sequences (megablast)
☐ More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
☐ Somewhat similar sequences (blastn)
Choose a BLAST algorithm

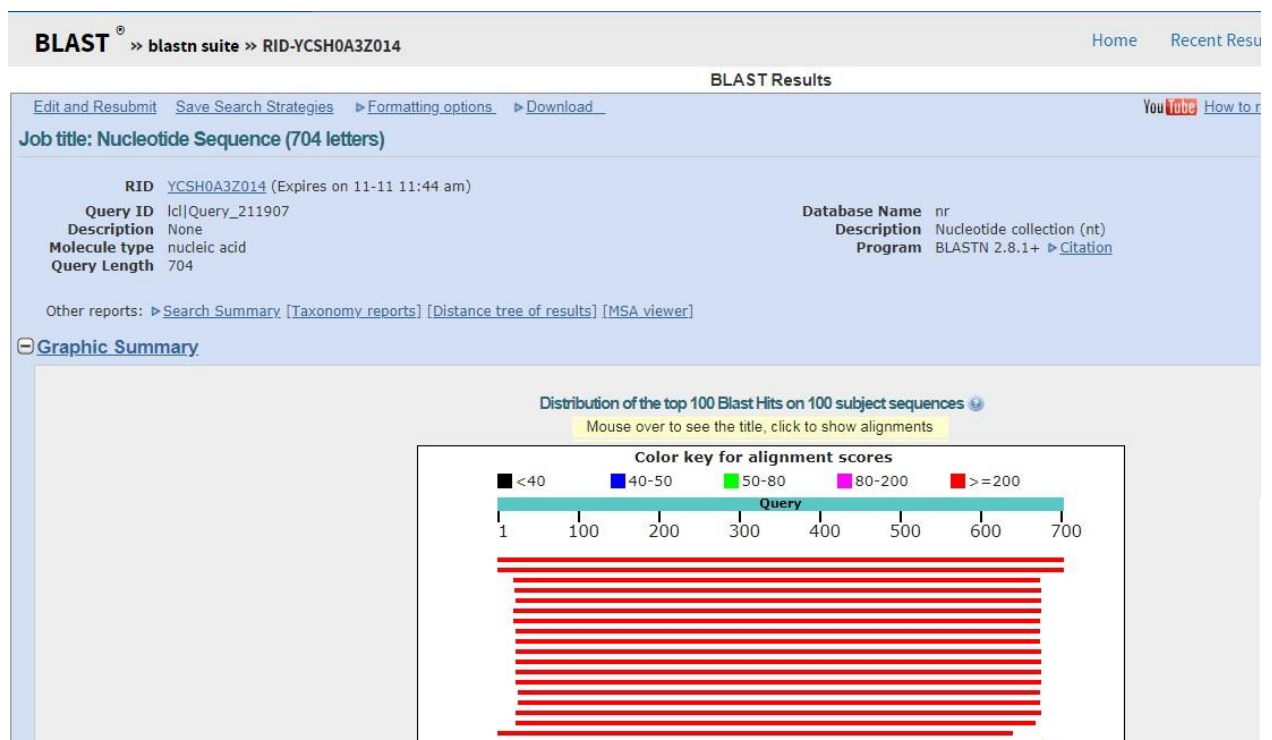
BLAST Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)
☐ Show results in a new window

[Algorithm parameters](#)

Nukleotidlarimizni birinchi yuqoridagi qizil ko'rsatgichda ko'rsatilgan joyga ko'chirib olib qo'yamiz (Ctrl+C va Ctrl+V). Shundan so'ng ikkinchi ko'rsatkich ko'rsatayotgan joy belgilanganligini tekshiramiz. Bu nuqta siz yuklagan nukleotidlarni qaysi ma'lumotlar ba'zasi bilan solishtirish kerakligini aniqlashtirish uchun kerak. U yerda ayni vaqtda **Human genomic + transcript** - odam genomi va **Mouse genomic + transcript** - sichqon genomi ma'lumotlar bazasi ko'rsatilmoqda. Biz Others - boshqalar degan bo'limini tanladik. Oxirgi ko'rsatkich Highly similar sequences - 'juda ham o'xshash ketma-ketlik' degan tugma tanlanganligini ko'rsatmoqda. Bu bizga biz tekshirayotgan nukleotidlar ketma-ketligiga eng yaqin natijani ko'rsatib berishi uchun kerak. Shulardan keyin pastda chap tomonda turgan BLAST tugmasini bir marotaba bosamiz.

Dastur bizga NCBI ma'lumotlar bazasidagi barcha nukleotidlar ketma-ketligi bilan bizning namunamizni solishtirib, biznikiga o'xshash bo'lgan natijalarni ko'rsatib beradi. BLAST bosilganidan so'ng quyidagi oyna ochiladi.

BLAST natijalari



Oynaning yuqori qismida BLAST amalga oshirilgan operatsiya haqida qisqacha ma'lumot va bizning nukleotidlar solishtirilishidan qo'lgan kiritilgan dastlabki 100 ta eng o'xshash natijalarning diagramma holatidagi tasviri ko'rsatiladi. Agar tekshirilayotgan nukleotidlar ketma-ketligidagi 200 tadan ortiq nukleotidlar o'zaro o'xshash chiqsa natijalar qizil rangda tasvirlanadi. Yuqoridagi rasmda 1 dan 700 tagacha bo'lgan moviy tasvir bu bizning nukleotidlar, pastdagilari esa biznikiga mos tushgan natijalarning ko'rinishi. Oynaning pastrog'iga tushsak, natijalarning barcha ko'rsargichlarini ko'rishimiz mumkin bo'ladi.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

1	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Pseudorasbora parva cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) gene, complete cds; mitochondrial	1227	1227	100%	0.0	98%	KJ415113.1
☐	Pseudorasbora parva voucher SF0809001 mitochondrion, complete genome	1227	1227	100%	0.0	98%	JF802126.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Bayraktar cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1192	1192	93%	0.0	99%	JQ979165.1
☐	Pseudorasbora parva voucher AUTH10-278 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1192	1192	93%	0.0	99%	HQ600753.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Ex11A12 cytochrome oxidase subunit 1 gene, partial cds; mitochondrial	1188	1188	92%	0.0	99%	KJ554179.1
☐	Pseudorasbora parva voucher AUTH10-279 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1188	1188	93%	0.0	99%	HQ600754.1
☐	Pseudorasbora parva isolate Kirazli cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1186	1186	93%	0.0	99%	JQ979164.1
☐	Pseudorasbora parva voucher Ex53D10 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	KM287041.1
☐	Pseudorasbora parva voucher Ex53D12 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	KM287039.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0066 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1182	1182	92%	0.0	99%	HQ960448.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0330 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960572.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0510 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960568.1
☐	Pseudorasbora parva voucher IFCZE0347 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1177	1177	92%	0.0	99%	HQ960580.1

Ushbu tasvirdagi birinchi raqamda (1) bizning nukleotidlar ketma-ketligiga mos kelgan bazadagi organizmlarning nomi yozilgan. E'tibor bersangiz deyarli barcha natijalarda **Pseudorasbora parva** organizmiga tegishli ko'rsatkichlar keltirilgan. Ikkinchi raqamda (2) bizning nukleotidlarimiz bazadagi nukleotidlarning qancha foizi bilan o'zaro mos tushganligini ko'rsatadi. Uchinchi raqam (3) esa biz tekshirayotgan turning aniqlanish foizini ko'rsatadi. To'rtinchi raqam (4) esa bazadagi organizm ma'lumotlarining raqami, bu xuddi bizning passport raqamimizga o'xshaydi. Bazadagi har bir organizm ma'lumotlari xuddi mana shunday raqam bilan belgilanadi. E'tibor bersangiz deyarli barcha ko'rsatkichlar (3-raqamdagisi) 98-99 foizni ko'rsatmoqda. Biz tekshirayotgan baliq juda ham yuqori ehtimollik bilan **Pseudorasbora parva** ekanligi ma'lum bo'ladi.

Natijalar tahlili

Oynaning yana bir pastrog'iga tushsak, mana shu har bir natija ko'rsatkichi bilan bizdagi ko'rsatkich qanday solishtirilgani ko'rsatiladi.

Download GenBank Graphics				
Pseudorasbora parva cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, complete cds; mitochondrial				
Sequence ID: KJ415113.1 Length: 1551 Number of Matches: 1				
Range 1: 23 to 725 GenBank Graphics Next Match Previous Match				
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1227 bits(664)	0.0	691/704(98%)	1/704(0%)	Plus/Minus
Query 1	TCTGGGTGGCCAAAGAATCAAAATAGATGTTGATATAGGATTGGGTCTCCTCCCCAGCC	60		←
Sbjct 725	TCTGGGTGGCCGAAAAATCAAAATAGATGTTGATATAGGATTGGGTCTCCTCCCCAGCC	666		→
Query 61	GGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTTCGGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCT	120		
Sbjct 665	GGGTCAAAGAAGGTAGTATTAAGATTTTCGGTCTGTAAGAAGCATTGTAATGCCAGCTGCT	606		
Query 121	AGGACCGGTAGCGATAGTAGAAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAG	180		
Sbjct 605	AGGACCGGTAGCGATAGTAGAAGAAGTACTGCTGTTACAAGCACAGCTCATACAAATAAG	546		
Query 181	GGCGTTTGATATTGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTA	240		
Sbjct 545	GGCGTTTGATACTGGGAAATAGCTGGAGGTTTTATATTAATGGTTGTAGTAATAAAATTA	486		
Query 241	ATTGCGCCTAGAAATTGATGAGACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAAATAGTTAAGTCTACT	300		
Sbjct 485	ATTGCGCCTAGAAATTGATGAAACACCTGCTAGGTGAAGTGAAAAAATGTTAAGTCTACT	426		
Query 301	GATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGATAAACCGTTTCAGCCCGTTCTCT	360		
Sbjct 425	GATGCTCCTGCATGGGCGAGGTTGCCTGCGAGAGGGGGATAAACCGTTTCAGCCCGTTCTCT	366		
Query 361	GCCCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGAAAGAGGGGAAGTAGTCAG	420		
Sbjct 365	GCTCCAGCCTCTACTCCGGAAGAGGCTAAGAGTAGGAGGAAAGAGGGGAAGTAGTCAG	306		
Query 421	AAGCTTATATTATTCATACGGGGGAATGCTATGTCAGGGGCCCAATCATTAAAGGGACC	480		
Sbjct 305	AAGCTTATATTATTTATACGGGGGAATGCTATGTCAGGGGCCCAATCATTAAAGGGACC	246		
Query 481	AGTCAATTTCCGAAGCCCCAATGAGAATCGGCATTACTATAAGAAAATTATAACAAAG	540		
Sbjct 245	AGTCAATTTCCGAAGCCCCAATGAGAATCGGCATTACTATAAGAAAATTATAACAAAG	186		
Query 541	GCGTGGGCGGTAAACAATAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGG	600		
Sbjct 185	GCGTGGGCGGTAAACAATAACATTATAAATTTGGTCATCTCCGAGGAGTGATCCGGGTTGG	126		
Query 601	CTTAATTCAGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACTATATCCGGCTCAGGCACC	660		
Sbjct 125	CTTAATTCAGCTCGGATAAGGAGGCTTAAAGCAGTCCCCACTAT - TCCGGCTCAGGCACC	67		
Query 661	AAATACAAGATAAAGGGTGCCAATGTCTTTGGGGTTGGTTGAAA	704		
Sbjct 66	AAATACAAGATAAAGGGTGCCAATGTCTTTGTGATTAGTAGAAA	23		

Birinchi qatorda bizning nukleotidlar (qizil ko'rsatkich) ikkinchi qatorda bazadagi organizm nukleotidlari (ko'k ko'rsatkich) o'zaro birma-bir solishtirib ko'rsatilgan. Yuqoridagi qizil to'rtburcha ichida **691/704 (98%)** deb yozib qo'yilibdi. Bu degani solishtirilgan 704 ta nukleotiddan 691 tasi aynan bir xil va

tekshirilayotgan organizm aynan mana shu tur ekanligining ehtimoli 98% degan ma'noni bildiradi. Yuqorida biz COI genini teshirayotganimizni aytib o'tgan edik. COI geniga xos bo'lgan xususiyatlardan biri shuki, barcha organizmlarda ushbu gen tarkibida bo'shliqlar (gap) mavjud bo'lmaydi. Ya'ni DNK ning biror qismi nukleotidsiz bo'lmaydi. Qizil yumaloq aylanada esa 704 ta solishtirilgan nukleotidlar ichida bitta mana shunday gap mavjud deyilmoqda. O'sha bo'shliq (gap) pastda ko'rsatilgan. U bazadagi namunada turibdi. O'sha bo'shliq yuqorisida bizning namunada adenin (A) turibdi. Bu shundan dalolat beradiki, bizning namunadagi aynan o'sha A ortiqcha. U qayerdan paydo bo'lib qoldi? Buni ishning boshida **ContigExpress Project**dasturida ishlayotganimizdagi jarayondan topib olamiz. Deyarli yuqori ehtimollik bilan biz DNK zanjirini noto'g'ri o'qish natijasida uni qo'shib olgan bo'lib chiqamiz. Chunki bazadagi ma'lumotlarda bunday kamchiliklar bo'lmaydi. Demak xulosa sifatida biz tekshirayotgan organizm *Pseudorasbora parva* ekanligini bilib oldik. Ushbu baliqni to'g'ri aniqlaganimizni **fishbase.org** sayti orqali tekshirib ko'ramiz. U yerdagi bizga quyidagi baliqning ma'lumotlari ko'rsatilmoqda.

Pseudorasbora parva (Temminck & Schlegel, 1846)
Stone moroko

Upload your [photos](#) and [videos](#)

[Pictures](#) | [Google image](#)



Pseudorasbora parva

Picture by [Lorenzoni, M.](#)

Classification / Names

[Common names](#) | [Synonyms](#) | [Catalog of Fishes \(gen., sp.\)](#) | [ITIS](#) | [CoL](#) | [WoRMS](#) | [Cloffa](#)

Actinopterygii (ray-finned fishes) > [Cypriniformes](#) (Carps) > [Cyprinidae](#) (Minnows or carps) > [Gobioninae](#)
Etymology: *Pseudorasbora*: Greek, pseudes = false + Rasbora, an Indian word for a fish, also used in Malay peninsula.

Environment: milieu / climate zone / depth range / distribution range

[Ecology](#)

Freshwater; benthopelagic; pH range: ? - 7.0; dH range: ? - 15. Temperate; 5°C - 22°C (Ref. [2060](#)); 54°N - 22°N, 110°E - 141°E

Distribution

[Countries](#) | [FAO areas](#) | [Ecosystems](#) | [Occurrences](#) | [Point map](#) | [Introductions](#) | [Faunafr](#)

Asia: Amur to Zhujiang [Pearl River] drainages in Siberia, Korea and China (Ref. [59043](#)). Introduced to various areas in Europe and Asia. Several countries report adverse ecological impact after introduction (Ref. [1739](#)).

Men tutgan kichik baliq ham taxminan ayni rasmdagidek edi. Ma'lumotni yanada aniqlashtirish uchun ushbu baliq tarqalgan mamlakatlar ro'yxatini tekshiraman va u yerda O'zbekiston ko'rsatilgan. Demak hammasi to'g'ri ketmoqda.

Savol yuzaga keladi!

BLAST ko'rsatgan ko'rsatkichlar rostdan ham aniqmi? Men tutgan baliq aniq *Pseudorasbora parva* mi? BLAST menga aniqlik darajasi 98-99% deb ko'rsatmoqda. Bu deyarli aniq degan gap. Agar o'xshashlik ko'rsatkichi 96 foizdan past bo'lsa demak bu yuqori ehtimollik bilan boshqa tur bo'lib chiqar edi. Lekin turni aniqlash, natijani tasdiqlash bu bilan yakunlanmaydi. Oldinda MEGA dasturida tekshirib ko'rish turibdi. MEGA dasturi yordamida turlarning o'zaro genetik masofasi K2P (Kimura-2-parameter) usulida tekshiriladi. Qolaversa u yerda filogenetik daraxt tuzish yordamida ham bu turlarning genetik jihatdan qay darajada bir-biriga yaqin yoki uzoq ekanligini tekshirish mumkin. Bir nechta bioinformatik dasturlar yordamiga mana shunday biz ko'zlagan maqsadga erishamiz.

Bundan tashqari yana juda ko'p savollar yuzaga kelayotgan bo'lishi mumkin. Masalan, ular quyidagicha bo'lishi mumkin: *Biz tekshirayotgan organizm turning ma'lumotlari bazada bo'lmasachi? Biz qaysi tur ekanligi aniq bo'lgan organizmning nukleotidlari tekshirilganda butkul boshqa tur ko'rsatilsachi? Umuman hech qanday natija chiqmasa nima qilinadi? Tekshirilayotganda natija masalan 80 foiz chiqib qolsa, nima qilinadi?* Bunga o'xshash savollarning har biriga atroflicha javob berish mumkin, lekin ular boshqa maqolaning mavzusi bo'lib qoladi. Keyinchalik BLASTning bu jihatlariga yana to'xtalishga harakat qilamiz.

BLAST ning boshqa funksiyalari

BLASTning funksiyalari men ko'rsatgan misol bilan yakunlanib qolmaydi. Men bugungi maqolada ularning atigi yarmiga yaqinini ko'rsatib berdim xolos. Uning boshqa funksiyalari haqida mana bu yerda yanada ko'proq ma'lumotlarni o'qishingiz mumkin.

4-amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. Molekulyar filogenetika.

Biologik ketma-ketliklarni taqqoslash. NCBI ma'lumotlar bazasi.

Bugungi kunda kompyuterlar biologik tadqiqot ishlarini ajralmas qismi hisoblanadi. Kompyuterlar biologik xajmi o'sib borayotgan va murakkab ma'lumotlarni boshqarish ishlarida qo'o'lanilmoqda. Internet xalqaro tarmoqlarining paydo bo'lishi aloqa sohasida revolyutsiyani sodir etdi va "Xalqaro o'rgimchak to'ri" internet tarmoqlarining rivojlanishiga butun jaxonda asos soldi.

Kompyuter bu hisoblash mashinasi bo'lib, ikkilamchi hisoblash rejimida ma'lumotlarni qayta ishlaydi va saqlaydi. EXMLar matematik operatsiyalar bilan birga, belgilar bilan ish olib borish xususiyatlariga ega. Kompyuterlar ko'p sonli tranzistorlar, tkondensatorlar va rezistorlardan tashkil topgan. Bioinofmatika paydo bo'lishi albatta kompyuter jixozlarining konstruksiyalash va dasturiy ta'minotsiz amalga oshmas edi. Ma'lumotlar saqlash uchun yuqori tezlikka ega bo'lgan va xajmga ega bo'lgan tashuvchilar zarur bo'ladi. To'plamlarni hosil qilish va ma'lumotlarni tahlil qilishda maxsus dasturlar kerak bo'ladi.

Ushbu xamma tarmoqlar bazalar bo'yicha, ketma-ketliklarning tahlili dasturi, molekulyar modellashtirishning turli xil vositalari, genom tahlili, genlarni xaritalash bo'yicha zamonaviy xizmatlar ko'rsatadi.

Abbreviatura Davlatlar Adres

IBBM Argentina <http://sol.biol.unlp.edu.ar/>

ANGIS Avstraliya <http://www.angis.su.oz.au/>

CBI Xitoy <http://www.cbi.pku.edu.cn/>

CIGB Kuba <http://bio.cigb.edu.cu/>

CDFD Indiya <http://salarjung.embnet/>

SANBI Janubiy Afrika <http://www.sanbi.ac.za>

Ketma-ketliklar tanlanmasini tizimini (KTT)-(SRS-Sequence Retrieval System) moleklur biologiya uchun ma'lumotlar bazasi uchun tarmoq sharxlovchisi hisoblanadi. Bu tarmoq YeMBnet foydalanuvchilari uchun qo'shimcha xizmatlar ko'rsatish maqsadida ishlab chiqilgan.

3. Molekulyar filogenetika.

DNK yoki oqsillar ketma-ketligi ko'rinishidagi molekulyar ma'lumotlar mavjud organizmlarning juda foydali evolyutsion istiqbollari ham ta'minlaydi, chunki organizmlar rivojlanib borishi bilan genetik materiallar vaqt o'tgani sari mutatsiyalarni fenotipik o'zgarishlarga olib keladi. Genlar to'plangan mutatsiyalarni qayd qilish uchun vosita bo'lganligi sababli, ular molekulyar qazilmalar bo'lib xizmat qilishi mumkin. Bir qator o'zaro bog'liq organizmlarning molekulyar qoldiqlarini qiyosiy tahlil qilish orqali genlarning va hatto organizmlarning evolyutsion tarixi aniqlanish imkonini beradi. Ammo filogeniyaning inkor etish juda mashaqqatli ishdir, chunki ma'lumotlar va tadqiqotlar shunchalik darajada ko'p, ammo hisoblash va qator bioinformatika vositalarini ishlab chiqish va ulardan foydalanish bilan amaliy hisoblash vaqtlarida katta ma'lumotlar to'plamini tahlil qilish va yuqori ehtimollik bilan eng maqbul yoki eng maqbul yechimlarni topish imkoniyati mavjud. Ushbu tendentsiyaga javoban, filoinformatika (ya'ni, hisoblash filogenetikasi) bo'yicha olib borilayotgan izlanishlarning aksariyati samaraliroq evristik yondashuvlarni ishlab chiqishga qaratilgan.

Filogeniya – biologiyaning bir qismi bo'lib, organizmlarni bir-biridan kelib chiqish muammolarini o'rganadi. Filogeniya odatda sistematik nomlar yoki «evolyutsion shajara» ko'rinishida tasvirlanadi.

Molekulyar filogenetika-polimer makromolekulalar-DNK, RNK va oqsillarning tuzilishini o'rganish asosida tirik organizmlar o'rtasidagi munosabatlarni o'rnatish usulidir. Molekulyar filogenetik tahlil natijasi tirik organizmlarning filogenetik daraxtini qurishdir.

Molekulyar filogenetika tirik organizmlarning ilmiy tasnifiga kuchli ta'sir ko'rsatdi. Makromolekulalar bilan ishlash usullari turli ixtisosdagi biologlar uchun mavjud bo'lib, bu tirik organizmlar haqida yangi ma'lumotlar yig'ilishiga olib keldi. Bu ma'lumotlar asosida tirik organizmlar evolyutsiyasi haqidagi eski taxminlar qayta ko'rib chiqilmoqda. Ular yangi guruhlarini, shu jumladan faqat molekulyar filogenetik ma'lumotlar asosida aniqlangan guruhlarini ta'riflaydilar.

Tirik organizmlar tuzilishiga qarab o'xshash va farqlarga ega bo'lgan guruhlarga bo'linadi. Agar ikki xil organizm bir biri bilan juda bog'liq bo'lsa, ularning ajdodlari bitta deb qabul qilinadi.

Filogenetik tahlil bu evolyutsion munosabatlarni baxolashga kiradi. Evolyutsion tarix esa filogenetik tahlil asosida shoxlangan, daraxtsimon diagrammalar asosida shakllantiriladi, unda taqribiy avlodlar o'rtasidagi nasliy munosabatlar keltiriladi. Bunday munosabatlar molekulalar, organizmlar o'rtasida keltirilishi mumkin. Turli xil organizmlar o'rtasidagi filogeniyalar ular o'rtasidagi gomologiyalarni taxmin qiladi va klassifikatsiyaga bog'liq bo'ladi. Filogeniya bir necha belgilar to'plamiga ko'ra, yoki klassifikatsiya asosida munosabatlar topologiyasini o'rnatadi, yoki bu munosabatlarda evolyutsion jarayonlar modelini tuzadi.

Evolutsion daraxt. Organizmlar, populyatsiyalar, turlar va genlar o'rtasidagi munosabatlar tom ma'noda ularning qarindoshligiga yoki genealogiyasiga qarab, ya'ni bitta ajdoddan kelib chiqishiga qarab quriladi. Natijalar ko'pgina holatlarda daraxt diagrammasi shaklida beriladi. Agar oxirida

keltirilgan avlodlar hammasi bitta ajdoddan rivojlangan bo'lsa, bunga ildizli asosli deb ataladi. Evolyutsion daraxtlar genetik ma'lumotlar asosida ham shakllantiriladi. Bir biriga qarindosh bo'lgan nukleotidlar ketma-ketligi yoki oqsillar ketma-ketligining filogenetik tahlili evolyutsiya davomida oilalar rivojlanishining yo'nalishlarini aniqlashda katta ahamiyatga egadir. Ketma-ketliklarning evolyutsion munosabatlarini shakllantirishda tashqi shoxlanish diagrammasidan foydalaniladi. Bunda daraxt asosidagi shoxlangan bog'lanishlar ketma-ketliklar o'rtasidagi munosabatlar shakllanishini aks ettiradi. Filogenetik tahlilning asosiy maqsadi, daraxtdagi shoxlangan bog'lanishlarni aniqlash va shoxlarning uzunligini aniqlashga qaratiladi. Nuklein kislotalar va oqsillarning ketma-ketliklarning tahlilida ko'pincha qo'shni shoxlarda joylashgan bir biriga yaqin bo'lgan pozitsiyalarga qarab aniqlanadi. Agar organizmlarda yoki organizmlar guruhida genlar guruhi aniqlansa, bu oila genlarining o'rtasidagi filogenetik munosabatlar ularning ekvivalent funksiyalari to'g'risida ma'lumot berishi mumkin.

Fenetik va kladistik yondashuvlar. Molekulyar ma'lumotlar asosida filogeniya qurish usullari juda ko'p. Ularni ikki turga bo'lish mumkin: fenetik yondashuv turlar fenotipik o'xshashligiga qarab guruhlanadi, bunda xamma belgilar hisobga olinadi. Filogenetik munosabatlar evolyutsion tarixga kirmaydi. Kladistik yondashuvga asosan guruhlariga faqat umumiy orttirilgan belgilar kiritiladi, ya'ni ajdodlarda bo'lmagan belgilar bo'yicha guruhlanadi. Kladistik yondashuv genealogiyaga yondashadi va filogenetik tahlil uchun eng yaxshi uslublardan hisoblanadi, hozirgi evolyutsion nazariyani hisobga oladi va yangi turlar evolyutsion shaxlanish natijasida kelib chiqadi deb taxmin qiladi, ya'ni kladogeneza asosida. Kladistik yondashuv xamma imkoni bo'lgan evolyutsiya yo'nalishlarini o'z ichiga oladi, har bir tugunda ajdodlar tasniflarini ishlab chiqadi, va hosil bo'lgan optimal daraxtni tanlab oladi va evolyutsion modelini tuzadi.

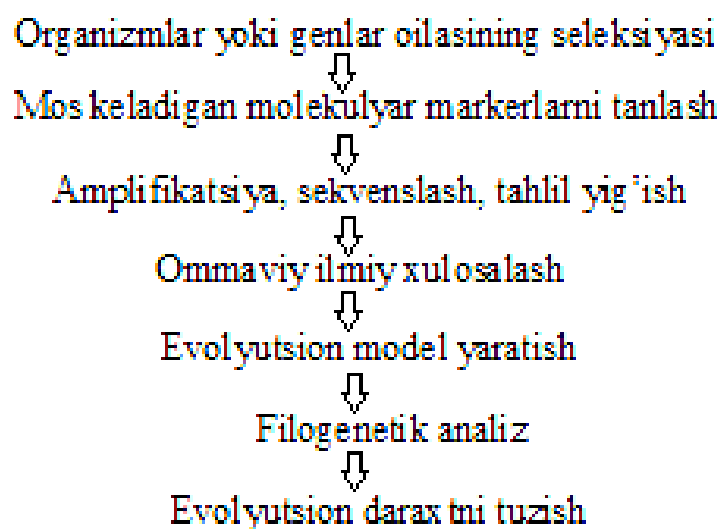
Uzoq ajdodlarida bo'lmagan belgilariga qarab, umumiy xarakterli belgilariga ko'ra guruhlanadi. Bunday orttirilgan belgilariga vizual jixatdan tasvirlanadigan turli xil belgilar kiritiladi. Kladistik tahlil fenotipik belgilar yoki aminokislotalar, nuklein kislotalar asoslarining ketma-ketligiga qarab olib boriladi.

Kladistikada uch xil mumkin bo'lgan xolatlar mavjud:

4. Organizmlar uzaro umumiy ajdoddan kelib chiqishiga qarab bog'liq bo'ladi.
5. Evolyutsion chiziqlar vaqt oralig'ida shoxlanadi.
6. Vaqt o'tishi bilan avlodlarda xarakteristikalarda o'zgarishlar sodir bo'ladi.

Klad, takson va tugun. Klad deb monofiletik takson tushuniladi. Klad -bu umumiy ajdodga ega bo'lgan yaqin guruhlar va ular a'zolarining organizmlari va genlari kiradi. Klad so'zi grekcha so'zdan kladosdan olingan bo'lib, shox degan ma'noni bildiradi. Takson organizmlarning klassifikatsiyasidagi xoxlagan guruhlar tushuniladi. Tugun evolyutsion chiziqning shoxlanish nuqtasi tushuniladi, ya'ni turlarning bir biridan ajralishini anglatadi.

Filogenetik tahlil bosqichlari:



- *Ma'lumotlar bazasini yig'ish va tekislash*

✓ Birinchi qadam protein yoki DNKning qiziqish ketma-ketligini aniqlash va boshqa tegishli ketma-ketlikdan iborat ma'lumotlar to'plamini yig'ishdir.

✓ DNK qiziqishlarining ketma-ketligini NCBI BLAST yoki shunga o'xshash qidirish vositalaridan foydalanib olish mumkin.

✓ Agar ketma-ketliklar tanlangan va olingan bo'lsa, bir nechta ketma-ketlik hizalanmasi yaratiladi.

✓ Bu matologiyada gomologiyani aniqlash uchun ketma-ketliklar to'plamini tashkil qilishni o'z ichiga oladi.

✓ ClustalW, MSA, MAFFT va T-Coffee kabi ko'plab veb-saytlar va dasturlar mavjud bo'lib, ular ma'lum bir molekulyar ma'lumot to'plamida bir nechta ketma-ketlikni bajarish uchun mo'ljallangan.

- *Hisoblash usullari va stoxastik modellar yordamida ketma-ketliklardan filogenetik daraxtlarni qurish (baholash)*

✓ Filogenetik daraxtlarni qurish uchun daraxtlar topologiyasini aniqlash va ma'lumotlar to'plamidagi hizalanadigan ketma-ketlikning filogenetik aloqalarini eng yaxshi tavsiflaydigan filial uzunligini hisoblash uchun statistik usullar qo'llaniladi.

✓ Qo'llaniladigan eng keng tarqalgan hisoblash usullari orasida masofaviy-matritsa usullari va maksimal parsimoniya va maksimal ehtimollik kabi diskret ma'lumotlar usullari mavjud.

✓ Ushbu eng mashhur usullarni qo'llaydigan Paup, PAML, PHYLIP kabi bir nechta dasturiy paketlar mavjud.

- *Hisoblangan daraxtlarni statistik ravishda sinab ko'ring va baholang.*

✓ Daraxtni baholash algoritmlari bitta yoki bir nechta eng yaxshi daraxtlarni yaratadi.

✓ Mumkin bo'lgan daraxtlarning ushbu to'plami bitta daraxtning boshqasidan yaxshi yoki yo'qligini va agar taklif etilgan filogeniya maqsadga muvofiq bo'lsa, baholash uchun bir qator statistik sinovlardan o'tkaziladi.

✓ Daraxtlarni baholashning keng tarqalgan usullari Bootstrap va Jackknife Resampling usullari va parsimoniya, masofa va ehtimollik kabi analitik usullarni o'z ichiga oladi.

Filogenetik tahlil uchun bioinformatika vositalari.

Filogenetik tahlil uchun ishlatilishi mumkin bo'lgan bir nechta bioinformatika vositalari va ma'lumotlar bazalari mavjud. Bularga PANTHER, P-Pod, PFam, TreeFam, UPGMA, PhyloFacts, MEGA-7 va Clustaw2_phylogeny dasturi tarkibiy filogenomik entsiklopediyasi kiradi. Ushbu ma'lumotlar bazalarining har biri turli xil algoritmlardan foydalanadi va ketma-ketlik ma'lumotlarini olish uchun turli xil manbalardan foydalanadi va shuning uchun PANTHER tomonidan hisoblangan daraxtlar, masalan, P-Pod yoki PFam tomonidan yaratilgan daraxtlardan sezilarli farq qilishi mumkin. Ushbu turdagi barcha bioinformatika vositalarida bo'lgani kabi turli xil usullarni sinab ko'rish, natijalarni taqqoslash, keyin har xil ma'lumotlar to'plamini jalb qilgan tadqiqotlar uchun qaysi ma'lumotlar bazasi yaxshi ishlashini aniqlash (konsensus natijalariga ko'ra) muhimdir.

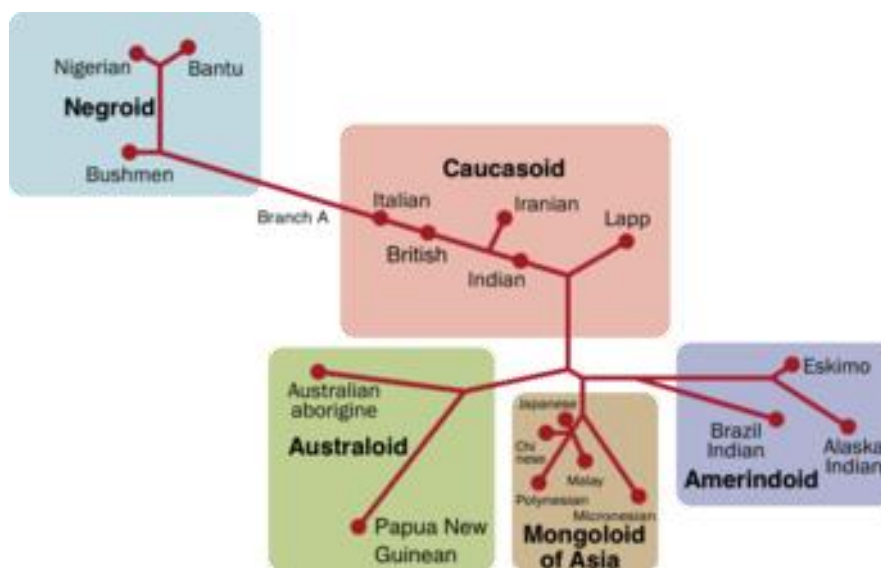
UPGMA juftliklar guruhi usuli. Pairwise intra-group unweighted (arifmetik o'rtacha, UPGMA juftliklar guruhi usuli) usuli eng oddiylaridan hisoblanadi. Uning hozirgi shaklida, usul 1973 Singh va Sokal tomonidan taqdim qilingan. Dastlab uslubni filogenetikada qo'llash morfologik xususiyatlar asosida fenogrammlar qurish bilan bog'liq. Metoddan foydalanishning zaruriy sharti o'rganilayotgan nukleotid ketma-ketliklarining doimiy evolyutsiya tezligi hisoblanadi. Agar ketma-ketlik evolyutsiyasi tezligi notekis bo'lsa (molekulyar soat modeli mos kelmasa), UPGMA usuli daraxt topologiyasida xatoliklarga olib kelishi mumkin.

Algoritm usuli. Birinchi bosqichda masofa matritsasida eng kichik masofa qiymatiga ega bo'lgan ikkita takson topiladi. Bu ikki takson bitta klasterga (yoki kompozitsion taksonga) birlashtiriladi. Bu usul molekulyar evolyutsiyaning yagona tezligini nazarda tutgani uchun shoxlanish

(divergensiya) nuqtasi ikki takson orasidagi genetik masofaning yarmini tashkil etadi. Kelajakda bu ikki taksonning klasteri bir butun hisoblanadi. Masofa matritsasi kompozitsion takson bilan boshqa takson orasidagi masofa ga teng deb faraz qilib, qayta hisoblanadi:

$$d_{uk} = (d_{u1k} + d_{u2k})/2$$

qaerda d – genetik masofa bo'lsa, u kompozit ketma-ketlik, u_1 va u_2 kompozit ketma-ketlik ebo'lib, kompozit ketma-ketlikka kiritilmagan takson bo'ladi. So'ngra eng kichik genetik masofaga ega bo'lgan ikkita onyana tanlab olinib, klasterga birlashtiriladi va yangi masofa matritsasi quriladi va hokazo.



Qoshnilarni qoshish usuli. Genetik masofalar xaritasi 2002 yilda tuzilgan bo'lib, qo'shnilarni qo'shish orqali 18 ta insonlar guruhi baxolangan, 23 xil genetik ma'lumotlar baxolangan. Xarita Yaponiya Milliy Genetika instituti professori Naruya Saytou tomonidan yaratilgan.

PANTHER – Evolyutsion aloqalar orqali oqsillarni tahlil qilish.

Ushbu sahifani qanday ishlatish bo'yicha batafsil ko'rsatmalar uchun iltimos, bizning [tabiat protokollaridagi](#) maqolamizga murojaat qiling .

**Yordamni
rejalashtirish
bosqichlari:**

1. Tahlil qilish
uchun ro'yxat va
ro'yxat
turini
tanlang
2. organizmni
tanlang
3. operatsiyani
tanlang

1. Kontentni yuklash uchun identifikatorlarni va fayllarni kiriting yoki tanlang. ID yoki boshqa havolalar ro'yxatiga taqqoslash uchun ish maydonidan fayllar ro'yxatini kiriting yoki tanlang.

ID-larni kiriting:

Qo'llab-
quvvatlanadigan
ID-lar

Yuklash

identifikatorlari:

Fayl formati

Выберите файл

Файл не выбран

ID-larni bo'sh joy yoki vergul bilan ajratning

Iltimos, [kiring](#) ish sizning ro'yxatlarini tanlash imkoniyatiga ega bo'lish uchun.

Ro'yxat turini

tanlang:

☒ id ro'yxati

☐ Ilgari eksport qilingan matn qidirish natijalari

☐ Ish joylari ro'yxati

☐ PANTHER onlayn xaritasi

☐ Ushbu ro'yxat uchun Proteome Genome organizmining ma'lumotnomasi

☐ VCF faylining

yon-atrofidagi hudud

20 Kb

2. Organizmni tanlang.

homo sapiens

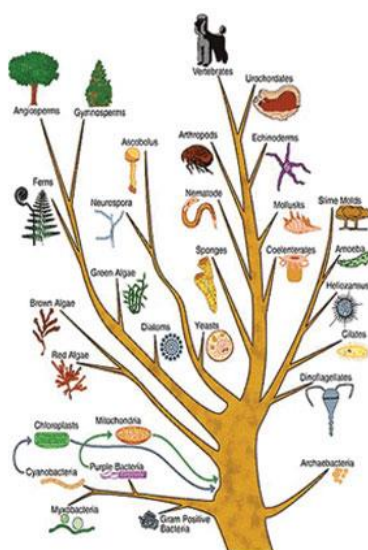
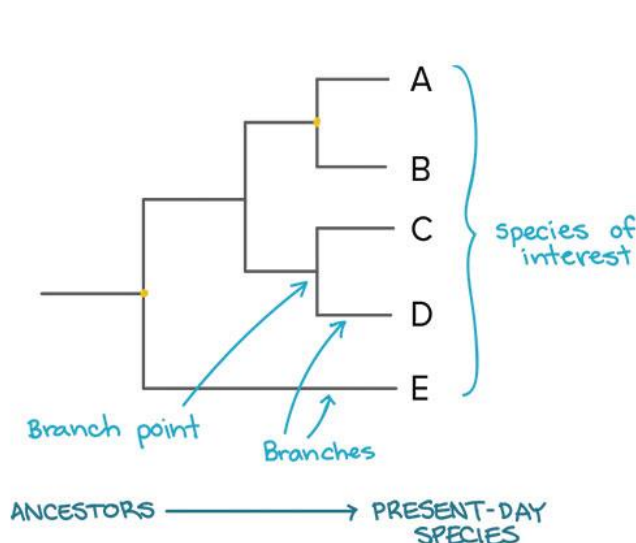
Sichqoncha mushaklari

Norvegiya rat

10-rasm. PANTHER ma'lumotlar bazasining oynasi.

PANTHER-(Protein ANalysis THE Evolutionary Relationships) tasniflash tizimi oqsillar uchun mo'ljallangan. Proteinlar quyidagicha tasniflangan:

- ✓ Oilalar evolyutsiyaga bog'liq bo'lgan oqsillar guruhi.
- ✓ Molekulyar funksiyasiga bog'liq bo'lgan oqsillar guruhi: oqsilning o'z-o'zidan yoki bevosita biokimyoviy darajada ta'sir qiladigan oqsillarning funksiyasi, masalan, protein kinaza.
- ✓ Biologik jarayon: hujayra yoki organizm darajasida, masalan mitozda, jarayonni bajarish uchun o'zaro ta'sir qiladigan oqsillar guruhi.



11-rasm. Filogenetik darxtrlarning ko'rinishi.

PANTHER-filogenetik daraxt xizmatlari. Bitta turdan kelib chiqqan genlar o'zgacha bo'lib tuyulishi mumkin, ammo PANTHER ularni yashirin Markov modellari asosida guruhlariga birlashtirdi va hayot daraxtidan foydalanib filogenetik daraxtlarning oilalarini yaratdi. Molekulyar filogenetik tahlil natijasi filogenetik daraxtda namoyon bo'ladi.

Nukleotidlar ketma-ketligini Genbank bazasiga joylashtirish.

***Clustaw2-phylogeny* dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish.**

Tahlil uchun olingan ketma-ketliklarni tuzish.

✓ Alohida matnli faylga (Microsoft Word) filogenetik daraxt tuzish uchun xizmat qiluvchi organizmlarning (FASTA formatida), ketma-ketligini kiritiladi.

✓ Ketma-ketlikni raqamlang. Boshqa matnli faylga organizm nomlariga mos keluvchi raqamlar ketma-ketligini yozib chiqiladi.

✓ Clustal Omega dasturi yordamida nukleotid kislotalar va oqsillar ketma – ketligini aniqlab olinadi, so'ngra ularni ko'p marotabali to'g'irlashga mo'ljallanadi.

✓ Clustal Omega guruhli satr yoki onlayn tarzda ishlaydi.

✓ Ko'p marotabali to'g'irlash uchun Clustal Omega sahifasiga kiriladi: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/index.html>.

✓ Clustal Omega bosh sahifasida to'rt ilovali menyu bor:

✓ Step 1 (Qadam 1) – ilova ketma-ketlikda FASTA formatida Microsoft Word dokumentiga tahlil qilinayotgan nukleotidlar ketma-ketligini kirituvchi oynani o'zida saqlaydi. Grafada Enter or paste da DNA tanlanadi.

✓ Step 2 (Qadam 2) – ilova (Pairwise Alignment Options) juft to'g'irlash variantlarini o'zida saqlaydi: sekinroq (Slow) yoki tezroq (Fast). Parametrlarni o'zgartiriladi (Slow);

✓ Step 3 (Qadam 3) – ilova ko'plab to'g'irlash variantlarini o'zida saqlaydi (Multiple Sequence Alignment Options): kiritish formatini aniqlanadi PHYLIP;

✓ Step 4 (Qadam 4) – natijalarni elektron manzil orqali yuborish uchun oyna (o'zingizning elektron manzilgizni grafada EMAIL ko'rsating).

✓ To'g'rilashni ishga solish uchun SUBMIT tugmasini bosiladi. To'g'irlash natijalarini bir necha daqiqadan so'ng elektron manzilga yuboriladi.

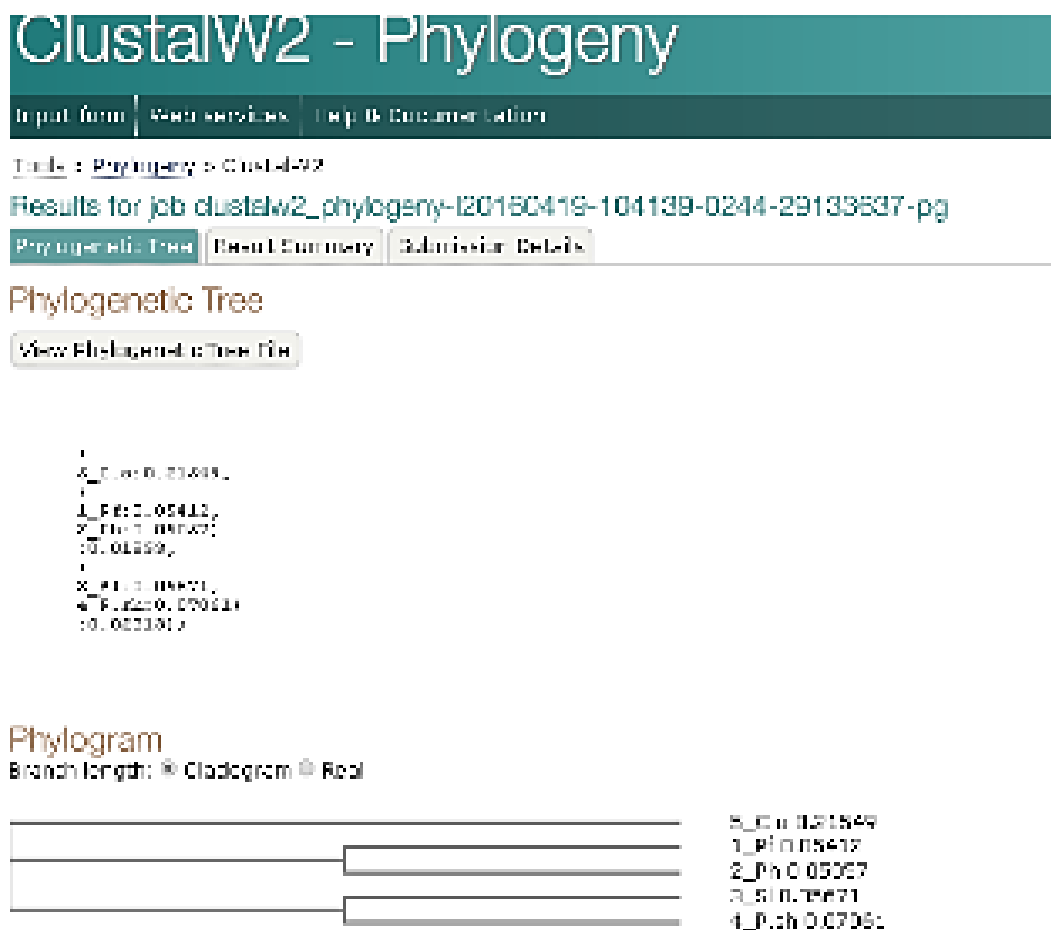
Clustaw2_phylogeny dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish

✓ Step 5 (Qadam 5) – Alignments oynasining o'ng tarafida filogeniya tuzish uchun ilova saqlanadi. (Send to ClustaW2_Phylogeny)

✓ Send to ClustaW2_Phylogeny tugmasini bosing, boshqa oynada filogeniya tuzish uchun ketma – ketlik ochiladi.

✓ Clustal W – Phylogeny dasturi bilan filogenetik malumotlarni tayyorlash

✓ Boshqa oynada Submit tugmasini bosing, bir necha daqiqa mobaynida fayllar va filogrammalar birdan filogenetik daraxt ochiladi.



13-rasm. Filogenetik daraxt terminlari:

- *Uzel, tugun (node)* – ikkita alohida evolyutsiyalanuvchi ajdodlar ketma-ketligining bo'linishi (tur, populyatsiya).

- *Yaproq, barg (leaf)* – real (zamonaviy) ob'ekt; grafaning tashqi uchi.

- *Tarmoq (branch)* – uzel orasidagi, uzel va yaproq orasidagi aloqa, grafa yoyi.

Ildiz (root) – o'rganilayotgan ob'ektlarning faraz qilingan umumiy ajdodi.

- *Klada (clade)* – ilgari mavjud bo'lgan ob'ektlarning hamma ajdodlarining guruhi.

MEGA 7 dasturi yordamida filogenetik daraxtni tuzish. Filogenetik daraxtni tuzish uchun MEGA 7 dasturidan foydalanamiz (www.megasoftware.net).

Dasturni ishlab chiqaruvchi korxona sahifasidan bepul ko'chirib olishimiz mumkin. Dastur tuzilayotgan daraxtning statistik ahamiyatini baholaydi va butstrep-tahlil imkoniyatini beradi. Maksimal tejamlash metodi yordamida minimal sondagi mutatsiyalangan daraxt tanlanadi.

V.GALASSARIY

Gen va mahsulotning kollinearligi: gen kodonlari ketma-ketligi va oqsil mahsulotidagi aminokislotalar ketma-ketligining (prokaryotik hujayralarda topilgan) chiziqli mosligi.

Qopqoq (qalpoqcha) - bu odatiy bo'lmagan asos (7-metilguanosa), u transkriptning 5' uchiga (pre-mRNA) eukaryotik hujayralarga birikadi. O'zgargan mRNKning 5'-uchi tarjimaning boshlanishini ta'minlaydi, mRNKning umrini uzaytiradi, uni sitoplazmadagi 5'-ekzonukleazalar ta'siridan himoya qiladi.

mRNK (mRNA) transkripsiya paytida DNK shablonida sintezlanadi, so'ngra tarjima paytida oqsil sintezi uchun shablon sifatida ishlatiladi. mRNK gen ekspressionida muhim rol o'ynaydi.

Meyoz - hujayralar hujayralarining bo'linish jarayoni, natijada qiz hujayralardagi xromosomalar soni diploiddan (juft) dan gaploidgacha (bitta) kamayadi. Jinsiy hujayralar shakllanishining asosiy bosqichi.

Mutatsiyalar - bu DNK ketma-ketligining har qanday o'zgarishi.

Konservativ mutatsiyalar - kodlangan aminokislota sinfining o'zgarishiga olib kelmaydigan nukleotid o'rnini bosish.

Radikal mutatsiyalar - bu kodlangan aminokislota sinfining o'zgarishiga olib keladigan nukleotid o'rnini bosish.

Okazaki fragmenti - bu nisbatan qisqa DNK fragmentlari (5'-uchida RNK astar bilan), ular orqada qolgan DNK zanjirining replikasi paytida hosil bo'ladi.

Operator - bu repressor transkripsiyaning oldini olib, maxsus bog'langan genning (operon) tartibga soluvchi mintaqasi.

Operon - bu prokaryotik hujayralardagi odatda bog'liq funktsiyalarni boshqaradigan birgalikda transkripsiyalangan genlar to'plamidir.

Oridjin (inglizcha kelib chiqishi - boshlanishi, sayt ori) - DNK molekulasida replikasiya boshlanadigan joy.

Plazmidlar - bakteriyalar hujayralarining umumiy tarkibiy qismi bo'lgan barqaror merosxo'rlikdan tashqari genetik elementlar (DNK) hisoblanadi. Ular pastki eukariotlarda ham uchraydi.

Primer (primer) - RNK primazalari fermenti ishtirokida replikatsiya jarayonida hosil bo'lgan va shablon DNK bilan bog'langan qisqa RNK sekanslari (oligoribonukleotid).

Prokaryotlar - hujayralarida yadro bo'lmagan bir hujayrali organizmlar.

Promotor - bu kodlash ketma-ketligi oldida joylashgan transkripsiyani boshlash signalidir (5'-yonma-yon ketma-ketlik). U ikkita konservalangan ketma-ketlikka ega: tanib olish va RNK polimeraza bilan yaqin bog'lanish uchun. Transkripsiyani boshlash uchun RNK polimeraza biriktirilgan genning (operon) boshqaruvchi mintaqasi.

Induktiv promouterlar - ularning ishi uchun boshqa molekulalarning mavjudligini talab qiladigan promouterlar.

Oqsillarni qayta ishlash - oqsilning polipeptid zanjirini katlamasi (katlama) va oqsilning ribosomada sintezidan so'ng uning kovalent kimyoviy modifikatsiyasi (translyatsiyadan keyingi modifikatsiya).

Genetik rekombinatsiya - bu genlarning yangi birikmalarining paydo bo'lishiga olib keladigan DNK juft spirallarining alohida segmentlari almashinishidan kelib chiqadigan genetik materialni qayta tashkil etish.

Rekombinant DNK - tabiiy yoki sintetik DNK fragmentlarini hujayrada ko'payishi mumkin bo'lgan molekulalar bilan birlashtirib, tirik hujayradan tashqarida olingan DNK molekulalari.

Joyga xos rekombinatsiya - prokaryotlarda va pastki eukaryotlarda keng tarqalgan. Parcha almashinuvi turli xil DNK molekulalari orasida faqat gomologik mintaqalarga ega bo'lgan (15-30 bp) aniq belgilangan qisqa nukleotidlar ketma-ketligi bo'lgan mintaqalarda sodir bo'ladi.

Reparasiya (lotincha reparatio - tiklash) - barcha tirik organizmlar hujayralarining maxsus funktsiyasi bo'lib, u hujayralardagi normal DNK biosintezi paytida zararlangan kimyoviy ziyonni va DNK molekulalaridagi tanaffuslarni hamda jismoniy ta'sir qilish (ultrabinafsha nurlanish, nurlanish) yoki kimyoviy vositalar.

Replikatsiya (lotincha replikatsiya - takrorlash) - bu genetik ma'lumotlarning aniq nusxasini olish va avloddan avlodga etkazishni ta'minlaydigan nuklein kislotalarning o'z-o'zini ko'paytirishidir.

Replikatsiya vilkasi - DNKning bir qismi, unda dupleks ochilib, bir qatorli ketma-ketliklar DNK bilan bog'langan oqsillarni beqarorlashtirishi bilan bog'lanadi.

Replikon - bu replikatsiyaning funktsional birligi - replikatsiya kelib chiqishi (sayt ori) bilan chegaralangan DNKning segmenti (mintaqasi) va replikatsiya to'xtaydigan so'nggi nuqta.

Repressor - bu gen faolligini bostiradigan oqsil.

Qabul qiluvchilar hujayrasi - bu boshqa hujayradan donor deb ataladigan genetik materialni qabul qiladigan hujayra.

Somatik hujayralar - bu ko'p hujayrali organizmlarning tanasini (somasini) tashkil etadigan va jinsiy ko'payishda qatnashmaydigan hujayralar. Shunday qilib, ularning barchasi hujayralar, faqat jinsiy hujayralar (gametalar) bundan mustasno.

Splitsing - mRNKdan oldingi molekuladan intronlarni olib tashlash orqali eukaryotik hujayralarda etuk mRNK hosil bo'lish jarayoni.

Transduksiya - DNKni bakteriofaglar yordamida bir hujayradan (donordan) boshqasiga (qabul qiluvchiga) o'tkazish.

Transkripton - bu transkripsiya birligi, 3'-uchidan promotor bilan chegaralangan DNK mintaqasi, 5'-uchidan terminatorlar qatori.

Transkripsiya (lotincha transcriptio - qayta yozish) - bu genetik ma'lumotni DNKdan RNKga o'tkazish, ya'ni. barcha tirik hujayralarda paydo bo'ladigan shablon sifatida DNK yordamida RNK sintezi jarayoni.

Translokatsiyalar - bu xromosomalarning qayta tashkil etilishi (mutatsiyalar), buning natijasida xromosomaning bir qismi o'sha xromosomadagi boshqa joyga yoki boshqa xromosomaga ko'chiriladi, ammo genlarning umumiy soni o'zgarmaydi.

Translyasiya (1) - bu oqsil biosintezi jarayoni, natijada mRNKdagi nukleotidlar ketma-ketligi tilidan ma'lumotlar polipeptid molekulasidagi aminokislotalar ketma-ketligi tiliga tarjima qilinadi (tarjima qilinadi). MRNKning tarjimasi 5' → 3' yo'nalishda amalga oshiriladi.

Translyasiya (2) - bu mRNKdagi nukleotidlar ketma-ketligi tilidan olingan ma'lumotlar oqsil molekulasidagi aminokislotalar ketma-ketligi tiliga tarjima qilingan (tarjima qilingan) jarayon.

Transpozonlar - bu genomdagi joylashishini o'zgartirishi mumkin bo'lgan DNK qismlari; harakatlanuvchi (ko'chma) genetik elementlar (PGE, MGE).

Transkripsiya omillari - bu eukaryotlarda transkripsiyani tartibga soluvchi o'ziga xos oqsillar.

Fenotip - bu organizm xususiyatlarining tashqi namoyon bo'lishi.

Xromosomalar - bu hujayra yadrosidagi nukleoprotein tuzilmalari bo'lib, ular ichida uni saqlash, amalga oshirish va etkazish uchun mo'ljallangan.

Eksonlar - eukaryotik genlarning kodlash ketma-ketliklari (mRNKda taqdim etilgan).

Gen ekspressioni - bu gendan nasldan naslga o'tadigan ma'lumotni funktsional mahsulot - RNK yoki oqsilga aylantirish jarayoni.

Eukaryotlar - hujayralarida yadro bo'lgan bir yoki ko'p hujayrali org

VI. FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Safarova R va b. O'quvchilarda o'zaro do'stona munosabatlarga asoslanib hamkorlikda faoliyat ko'rsatish ko'nikmalarini shakllantirish strategiyasi // Fan va texnologiya . – T.: - 2014. – B.13.

2. Ibragimova G. Interfaol o'qitish metodlari va texnologiyalari asosida O'quvchilarning kreativlik qobiliyatlarini rivojlantirish. Ped. fan. fal. dok. ... diss. –T. : 2017. – B. 7.

3. Tolipov O'., Usmonboeva M. Pedagogik texnologiyalarning tadbqiqiy asoslari – T.: 2006. – 163 b.

4. Asqarov I.R., To'xtaboyev N.X., G'ofurov K.G. 7-sinf uchun darslik. Toshkent. 2017

5. Mutalboyev A., E. Murodov, S. Masharipov., H. Islomova.10-sinf uchun darslik. Toshkent. 2017

I. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining asarlari

1. Mirziyoyev Sh.M. “Erkin va farovon, demokratik O'zbekiston davlatini mard va olijanob xalqimiz bilan birga quramiz” mavzusidagi O'zbekiston Respublikasi Prezidenti lavozimiga kirishish tantanali marosimiga bag'ishlangan Oliy Majlis palatalarining qo'shma majlisidagi nutqi. – T.: “O'zbekiston”, 2016. – 56 b.

2. Mirziyoyev Sh.M. Tanqidiy tahlil, qat'iy tartib-intizom va shaxsiy javobgarlik – har bir rahbar faoliyatining kundalik qoidasi bo'lishi kerak. –T.: “O'zbekiston”. -2017.– 102b.

3. Mirziyoyev Sh.M. “Buyuk kelajagimizni mard va olijanob halqimiz bilan birga quramiz”. – T.: “O'zbekiston”, 2017. – 488 b.

4. O‘zbekiston Respublikasi Prezidenti Shavkat Mirziyoyevning Oliy Majlisga Murojaatnomasi. 29.12.2020.

5. Karimov I.A. “Yuksak ma’naviyat – yengilmas kuch”. –T.: “Ma’naviyat”, 2008.–176 b.

II. Normativ-huquqiy hujjatlar

1. O‘zbekiston Respublikasining Konstitutsiyasi. – T.: O‘zbekiston, 2017.

2. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2017-yil 7-fevraldagi “O‘zbekiston Respublikasini yanada rivojlantirish bo‘yicha Harakatlar strategiyasi to‘g‘risida”gi PF – 4947-son Farmoni.

3. O‘zbekiston Respublikasining Ta’lim to‘g‘risida”gi Qonuni 2020-yil 23-sentabr O‘RQ – 637-son.

4. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2018-yil 5-sentabrdagi “Xalq ta’limini boshqarish tizimini takomillashtirish bo‘yicha qo‘shimcha chora-tadbirlar to‘g‘risida”gi 5538-son Farmoni.

5. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2018-yil 5-sentabrdagi “Xalq ta’limi tizimiga boshqaruvning yangi tamoyillarini joriy etish chora-tadbirlari to‘g‘risida”gi PQ – 3931-son Qarori.

6. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019-yil 29-apreldagi “O‘zbekiston Respublikasi Xalq ta’limi tizimini 2030-yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to‘g‘risida”gi PF – 5712-son Farmoni.

7. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2020 yil 6 noyabrdagi “Ta’limtarbiya tizimini yanada takomillashtirishga oid qo‘shimcha chora-tadbirlar to‘g‘risida”gi PQ –4884-son qarori

8. “Kimyo va kimyo yo‘nalishlarida uzluksiz ta’lim sifatini va ilm-fan natijadorligini oshirish chora-tadbirlari to‘g‘risida”gi 2020-yil 12-avgustdagi PQ – 4805-son qarori

9. O‘zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining 2017-yil 6 apreldagi “Umumiy o‘rta va o‘rta maxsus, kasb-hunar ta’limining davlat ta’lim standartlarini tasdiqlash to‘g‘risida”gi № 187-sonli Qarori.

III. Maxsus adabiyotlar

1. De Leon G.P.P., Nadler S.A. What we don't recognize can hurt us: a plea for awareness about cryptic species// J. Parasitol. - 2010. -V. 96. - P. 453-464.
2. De Ley P., Blaxter M. Systematic position and phylogeny // The biology of nematodes / Ed. by D.L.Lee. L.; N.Y.: Taylor and Francis, 2002. P. 1-30.
3. Eckert G.L. Effects of the planktonic period on marine population fluctuations// Ecology. - 2003. -V.84. -P. 372-383.
4. Green M.R. Molecular cloning: a laboratory manual / Michael R. Green, Joseph Sambrook. – 4th ed. by Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 2012.
5. Harris D.J., 2003. Can you bank on GenBank? // Trends Ecol. Evol. V. 18. № 7. P. 317-319.
6. Hebert P. D. N., Penton E. H., Burns J. M., Janzen D. H., Hallwachs W. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrapes fulgerator*// Proc. Natl. Acad. Sci. USA. - 2004a. - V.101. -P. 14812-14817
7. Hebert P. D. N., Stoeckle M. Y., Zemlak T. S., and Francis C. M. Identification of birds through DNA barcodes// PLoS Biology. - 2004b. - V.2. -P.1657-1663.
8. Hebert P.D.N., Ratnasingham S., de Waard JR., 2003a. Bar-coding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species // Proc. R. Soc. Lond. B. V. 27. P. 96-99.
9. Hebert P.D.N., Cywinska A., BallS.L., de Waard JR., 2003b. Biological identifications through DNA barcodes // Proc. R. Soc. Lond. B. V. 270. № 1512. P. 313-321.
10. Inoue, H. Enhanced separation of DNA sequencing products by capillary electrophoresis using a stepwise of electric field strength / H. Inoue, M. Tsunako, Y. Baba // Chromotogr. - 1998. - V.802. - P.179-184.
11. James, T.Y. Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny /T.Y. James, F. Kauff, C.L. Schoch et al. // Nature. – 2006. – V.443. – P.818-822.
12. Kimura M. Evolutionary rate at the molecular level// Nature. - 1968. -V. 217. - P. 624-626.
13. Kuchboev A.E., Krucken J., Ruziev B.H., von Samson-Himmelstjerna G. Molecular phylogeny and diagnosis of species of the family Protostrongylidae from caprine hosts in Uzbekistan// Parasitology Research 2015, 114 (4). - P 1355-1364.
14. Moore W.S., Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial- gene trees versus nuclear-gene trees// Evolution. - 1995. -V. 49. -P. 718 - 726.
15. Nygren A., Norlinder E., Panova , M., Pleijel F. Colour polymorphism in

- the polychaete *Harmothoe imbricate* (Linnaeus, 1767) // Marine Biology Research. - 2011. - V. 7. - P. 54-62.
16. Paggi, L., Nascetti G., Cianchi R., Orecchia P., Mattiucci S., D'amelio S., Berland B., Bratney J., Smith J. W., Bullini L.. 1991. Genetic evidence for three species within *Pseudoterranova decipiens* (Nematoda, Ascaridida, Ascaridoidea) in the North Atlantic and Norwegian and Barents Seas. In. J. Parasitol. 21: 195–212
 17. Patterson D. J. (1994) Protozoa: evolution and systematics. In: Progress in Protozoology: Proceedings of the IX International Congress of Protozoology, Berlin, 1993, (Eds. K. Hausmann, N. Hülsmann). G. Fischer, Stuttgart, 1-14
 18. Patwardhan A., Ray S., Roy A. Molecular markers in phylogenetic studies- A review // J Phylogen Evolution Biol 2014, 2:2
 19. Szymanski M, Barciszewska MZ, Erdmann VA, Barciszewski J. 2002. 5S Ribosomal RNA Database. Nucleic Acids Res. 30 (1): 176–8
 20. Abramotov M.B., Amirov O.O., Kuchboev A.E., Khalilov I.M., Abdurakhmanov I.Y. Morphological and Molecular characterization of species *Haemonchus contortus* and *H. placei* (Nematoda: Trichostrongylidae) from Uzbekistan by sequences of the second internal transcribed spacer of ribosomal DNA// Sci Parasitol., Sluj-Napoca, Romania, 2013. 14 (4): 1-7.
 21. Amirov O.O., Kuchboyev A.E. *Ostertagia ostertagi* va *O. lyrata* (Trichostrongylidae) turlarining molekulyar-geNetik tahlili // GulDU xabarlari. - Guliston. 2014a, № 3. B.28-32.
 22. Kuchboyev A.E., Amirov O.O., Karimova R.R. PoliMerazali zanjirli reaksiyada ishlatish uchun hayvonlarning o'pka va ichak nematodalari to'qimalaridan DNK ajratish usullari // ZooVeterinariya. - Toshkent, 2015. №4. 24-26 b.
 23. Kuchboyev A.E., Karimova R.R., Ruziyev B.X., Salaxutdinov I.B., EgamBerdiyev Sh.Sh. Morfologicheskaya i molekulyarnaya xarakteristika nekotorykh vidov nematod semeystva Protostrongylidae Leiper, 1926// Rossiyskiy parazitologicheskiy jurnal, 2015. - № 3. - S. 7-14.
 24. Osterman L. A. - Metody issledovaniya belkov i nukleinovykh kislot: Elektroforez i ultrasentrifugirovaniye, M.: Nauka, 1981. 288 s.
 25. Zagoskina, N. V. Geneticheskaya injeneriya : uchebnik i praktikum dlya vuzov / N. V. Zagoskina, L. V. Nazarenko. — Moskva : Izdatelstvo Yurayt, 2024. — 118 s.

