



**O'ZBEKISTON MILLIY UNIVERSITETI
HUZURIDAGI PEDAGOG KADRLARNI
QAYTA TAYYORLASH VA ULARNING
MALAKASINI OSHIRISH TARMOQ
(MINTAQAVIY) MARKAZI**

BIOLOGIK MAKROMOLEKULALAR VA ULARNING AHAMIYATI

**MODULI BO'YICHA
O'QUV – USLUBIY
MAJMUUA**

2026

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

**OLIY TA’LIM TIZIMI KADRLARINI QAYTA
TAYYORLASH VA MALAKASINI OSHIRISH INSTITUTI**

**O‘ZBEKISTON MILLIY UNIVERSITETI HUZURIDAGI PEDAGOG
KADRLARNI QAYTA TAYYORLASH VA ULARNING MALAKASINI
OSHIRISH TARMOQ (MINTAQAVIY) MARKAZI**

**“BIOLOGIK MAKROMOLEKULALAR VA
ULARNING AHAMIYATI”**

**MODULI BO‘YICHA
O‘QUV–USLUBIY MAJMUUA**

Toshkent - 2026

Mazkur modulning o‘quv-uslubiy majmuasi Oliy ta’lim, fan va innovatsiyalar vazirligining 2024-yil “27” dekabrda 485-sonli buyrug‘i bilan tasdiqlangan o‘quv reja va namunaviy dastur asosida tayyorlandi.
tayyorlandi.

Tuzuvchi: O‘zMU, “Biokimyo” kafedrasida professori, b.f.d.
M.Abdullayeva

Taqrizchi: O‘zbekiston Milliy universiteti, “Genetika”
kafedrasida mudiri b.f.d., prof. S.G‘.Boboyev,
O‘zbekiston Milliy universiteti, “Biofizika”
kafedrasida professori b.f.d.-Pozilov Ma’murjon
Komiljonovich

***O‘quv-uslubiy majmua Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti
Kengashining qarori bilan nashrga tavsiya qilingan
(2025- yil “28” noyabrda 3-sonli bayonnoma).***

MUNDARIJA

<u>I. ISHCHI DASTUR</u>	5
II. MODULNI O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA’LIM METODLARI.	15
III. NAZARIY MASHG‘ULOT MATERIALLARI	19
<u>IV. AMALIY MASHG‘ULOT MATERIALLARI</u>	97
<u>V. MUSTAQIL TA’LIM MAVZULARI</u>	116
<u>VI. GLOSSARIY</u>	117
VII.ADABIYOTLAR RO'YXATI.....	122

I. ISHCHI DASTUR

Kirish

Ushbu dastur O‘zbekiston Respublikasining 2020-yil 23-sentabrda tasdiqlangan “Ta’lim to‘g‘risida” 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” PF-4732-son, 2019-yil 27-avgustdagi “Oliy ta’lim muassasalari rahbar va pedagog kadrlarining uzluksiz malakasini oshirish tizimini joriy etish to‘g‘risida” PF-5789-son, 2019-yil 8-oktabrdagi “O‘zbekiston Respublikasi oliy ta’lim tizimini 2030-yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to‘g‘risida” PF-5847-son, 2020-yil 29-oktabrdagi “Ilm-fanni 2030-yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to‘g‘risida” PF-6097-son, 2022-yil 28-yanvardagi “2022-2026 yillarga mo‘ljallangan Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi to‘g‘risida” PF-60-son, 2023-yil 25-yanvardagi “Respublika ijro etuvchi hokimiyat organlari faoliyatini samarali yo‘lga qo‘yishga doir birinchi navbatdagi tashkiliy chora-tadbirlar to‘g‘risida” PF-14-son, O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2023-yil 11-sentabrdagi ““O‘zbekiston—2030” strategiyasi to‘g‘risida” PF-158-son Farmonlari, shuningdek, O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2024-yil 21-iyundagi “Aholi va davlat xizmatchilarining korrupsiyaga qarshi kurashish sohasidagi bilimlarini uzluksiz oshirish tizimini joriy qilish chora-tadbirlari to‘g‘risida” PQ-228-son, O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2021-yil 17-fevraldagi “Sun‘iy intellekt texnologiyalarini jadal joriy etish uchun shart-sharoitlar yaratish chora-tadbirlari to‘g‘risida” PQ-4996-son qarorlari va O‘zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining “Oliy ta’lim muassasalari rahbar va pedagog kadrlarining malakasini oshirish tizimini yanada takomillashtirish bo‘yicha qo‘shimcha chora-tadbirlar to‘g‘risida” 2019-yil 23-sentabrdagi 797-son hamda O‘zbekiston Respublikasi Vazirlar Mahkamasining “Oliy ta’lim tashkilotlari rahbar va pedagog kadrlarini qayta tayyorlash va malakasini oshirish tizimini samarali tashkil qilish chora-tadbirlari to‘g‘risida” 2024-yil 11-iyuldagi 415-son Qarorlarida 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 bo‘yicha tegishli bilim, ko‘nikma, malaka va kompetensiyalarni rivojlantirishga yo‘naltirilgan.

Modulning maqsadi va vazifalari

Oliy ta'lim muasasalari pedagog kadrlarini qayta tayyorlash va ularning malakasini oshirish kursining **maqsadi** pedagog kadrlarning innovatsion yondoshuvlar 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'yicha tinglovchilar quyidagi yangi bilim, ko'nikma, malaka hamda kompetensiyalarga ega bo'lishlari talab etiladi:

Tinglovchi:

- “Yangi O'zbekiston” konsepsiyasi, uning mazmun mohiyati va asosiy tamoyillarini;

- O'zbekiston Respublikasi Konstitutsiyasida inson va fuqaroning asosiy huquqlari, erkinliklari va burchlarini;

- O'zbekiston Respublikasining “Ilm-fan va ilmiy faoliyat to'g'risida” hamda “Innovatsion faoliyat to'g'risida” Qonunlarini;

- O'zbekiston Respublikasining zamonaviy konstitutsionalizmini;

- aholi talablariga va xalqaro standartlarga to'liq javob beradigan ta'lim, tibbiyot va ijtimoiy himoya tizimini tashkil qilishni;

- “Yashil” va inklyuziv iqtisodiy o'sish tamoyillariga asoslangan yuqori iqtisodiy o'sish dasturlari va ularning amaliyotga tadbiq etish istiqbollari;

- O'zbekiston Respublikasi Konstitutsiyasida ma'muriy-hududiy va davlat tuzilishi masalalarini;

- jamiyatning iqtisodiy negizlarini;

- “Xavfsiz va tinchliksevar davlat” tamoyiliga asoslangan siyosatni;

- 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;

- oliy ta’lim tizimida korrupsiya va korrupsiyaga oid huquqbuzarliklarga qarshi kurashish vazifalari, mazmun-mohiyati, yuzaga kelish sabablari, ijtimoiy-huquqiy omillarini;

- 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;
- meta texnologiyalar tushunchasi, avzalliklari va kamchiliklarini;
- zamonaviy ta’lim tizimida sun’iy intellekt (AI) ning ahamiyatini;
- ta’limda sun’iy intellektningdan foydalanish istiqbollari va xavflarini;
- bilimlarni sinash va baholashning aqlli tizimlarini;
- jahonda oliy ta’lim rivojlanish tendensiyalari: umumiy trendlar va strategik yo‘nalishlarni;

- zamonaviy ta’limning global trendlarini;
- inson kapitalining iqtisodiy o‘rishning asosiy omili sifatida rivojlanishida ta’limning yoshdagi 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;

- zamonaviy biologiya fanining yutuqlarini;

- oqsillarning tuzilish darajalarini;

- replikasiya jarayonida ishtirok etuvchi fermentlarni;

- biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rnini;

- biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlarni;

- rekombinat DNK texnologiyasi, genomika asoslarini;

- fanning rivojlanish bo'qichlari, uning mazmuni va vazifalarini;

- gen muxandisligidagi yutuqlarini;

- amplifikatsiya va amplifikator reaksiya komponentlariga ta'sir etuvchi omillarni **bilishi** kerak.

Tinglovchi:

- "O'zbekiston-2030" strategiyasining mazmun-mohiyati va ahamiyatini yoritib berish;

- O'zbekistonning xalqaro maydondagi siyosiy va iqtisodiy aloqalarini tahlil etish va baholash;

- yangi O'zbekistonning ma'naviy va madaniy tiklanish dasturlari asoslarini o'zlashtirish;

- 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;

- korrupsiyaga qarshi kurashish ichki tizimining huquqiy asoslarini shakllantirishda xalqaro tajribaning ahamiyatini yoritib berish;

- multimedia va infografika asosida interaktiv didaktik materiallar 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;

- pedagogik jarayonda sun'iy intellektning rolini tahlil qilish va ahamiyatini ochib berish;

- ta'lim sohasida sun'iy intellektdan foydalanishning afzalliklari va kamchiliklarini aniqlash;

- 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;
- polimeraza zanjirli reaksiya (PZR)larni qo'llash;
- nuklein kislotalarning tarkibi, strukturasi, xossalari va funksiyasini tahlil qilish;
- NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish;
- Nukleosomlarning tuzilishini o'rganish;
- bioinformatsion ba'zalar va ularning ahamiyatini izohlash;
- lipidlar va ularning muhim funksiyalari va ahamiyatini o'zlashtirish;
- tirik organizmdagi biologik makromolekulalar va ularning ahamiyatini tahlil etish va baholash *ko'nikmalariga* ega bo'lishi lozim.

Tinglovchi:

- O'zbekiston Respublikasi Konstitutsiyasidagi asosiy o'zgarishlarni tahlil qilish va ularning zarurligini muhokama etish;

- O'zbekiston Respublikasida ilm-fanni 2030-yilgacha rivojlantirish konsepsiyasining mazmun-mohiyati va ahamiyatini ochib berish;

- mamlakatimizning raqamli va harbiy-tibbiy infratuzilmasini takomillashtirishga oid chora tadbirlar bilan ishlash;

- davlat hokimiyatining tashkil etilishining konstitutsiyaviy asoslarini o'zlashtirish;

- 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;

- korrupsiyaviy xavf-xatarlarni aniqlash, ularni majburiy baholash, korrupsiya xavfi yuqori hisoblangan lavozimlar ro'yhatini shakllantirish, xavflar darajasini pasaytirish chora tadbirlarini amalga oshirish tartibidan samarali foydalanish;

- 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;
- meta texnologiyalarni ta'limga samarali integratsiya qilish yo'llaridan foydalanish;

- ta'limdagi sun'iy intellektning xususiyatlarini muhokama qilish;
- 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 istiqbollari tahlil etish;

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

- pedagog kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish hususiyatlarini 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, professor-o'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;

- BLAST dasturi asoslarini amaliyotga tadbiq etish;

- zanjirli polimeraza reaksiyaning amaliyotdagi ahamiyatini tahlil etish va baholash;
- DNK replikasiyasi, transkripsiya, translyatsiya va oqsil biosintezini tahlil etish;
- ORFinder ochiq ramkasi orqali oqsillar na'munalarini bashorat qilish;
- uglevodlar va ularning organizmdagi rolini izohlash;
- bioinformatsion dasturlar turlaridan samarali foydalanish;
- denaturatsiya, otjig, inisiatsiya, elongatsiya bosqichlarini o'rganish;
- bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish, tahlil qilish, darslarda foydalanish **malakalariga** ega bo'lishi zarur.

Tinglovchi:

- 2030-yilgacha O'zbekiston Respublikasining yashil iqtisodiyotga o'tish va ekologik barqarorlikga erishish strategiyasi mohiyati bilan tanishish;
- "Yashil" va inklyuziv iqtisodiy o'sish tamoyillariga asoslangan yuqori iqtisodiy o'sish dasturlarini amaliyotga tadbqiq etish;
- yoshlar ma'naviyatini oshirish bo'yicha davlat dasturlari yuzasidan muhokama tashkil etish va ulardan samarali foydalanish;
- 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;
- oliy ta'lim tizimida manfaatlar to'qnashuviga yo'l qo'yilganlik holatlarini aniqlash, manfaatlar to'qnashuvi yuzaga kelishi mumkin bo'lgan sohalarni oldini olish va bartaraf etish uchun chora-tadbirlar ishlab chiqish, fuqarolarni ishga qabul qilish jarayonlarini nazoratga olinishini ta'minlash (nomzodlarni tekshirish tartibi), ushbu sohada qo'llanishi lozim bo'lgan xorij tajribasidan foydalanish;
- 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;
- meta texnologiyalarni tahlil qilish va ularning ta'limdagi ta'sirini ochib berish;
- sun'iy intellektning asosiy xususiyatlarini asoslab berish;
- universitetlarning xalqaro va milliy reytingini baholash;
- OTMlarda talim, ilmiy va innovatsion faoliyatni rivojlantirish, ilmiy tadqiqot natijalarni tijoratlashtirish yo'llarini tahlil etish va amaliyotga tadbqiq etish;
- «Amaliyotchi professorlar» (PoP, Professor of Practice) modelini qo'llash;
- professor-o'qituvchilarning tadqiqotchi sifatidagi nashr faolligini rivojlantirish istiqbollari yoritib berish;
- pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning nazariy asoslarini amaliyotga tadbqiq etish;
- pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning pedagogik-psixologik

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;

- biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzishni tadbiq etish;

- bioinformatsion dasturlar turlarini ajratish va foydalanish;

- polimerazali zanjirli reaksiyaning bosqichlarini amalda qo‘lash;

- polimerazali zanjirli reaksiyalarning amaliyotdagi ahamiyatini yoritib berish;

- bioinformatsion texnologiyalardan dars mashg‘ulotlarida foydalanish usullarini tadbiq etish;

- DNKning qo‘sh spiralli tuzilishini asoslab berish;

- Chargoffning komplementarlik xossasi asosida nukleotidlarning sintezlanishi mexanizmini qo‘llash **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, ekspress-so‘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

“Biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati” moduli mazmuni o‘quv rejadagi “Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi va jamiyatning ma’naviy asoslari”, “Oliy ta’limning normativ huquqiy asoslari hamda tizimda korrupsiya va manfaatlar to‘qnashuvining oldini olish”, “Pedagogik faoliyatda raqamli kompetensiyalar”, “Ilmiy va innovatsion faoliyatni rivojlantirish”, “Pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirish” “Ta’lim sifatini ta’minlashda baholash metodikalari” ,“Biologiya fanini o‘qitishda IT (information texnologiyalar) ma’lumot materiallardan foydalanish” 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 tirik organizmdagi biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati, DNK replikatsiyasi va Rekombinant DNK texnologiyasi ma'lumotlar bazasi tizimlaridan foydalanish va amalda qo'llashga doir kasbiy kompetentlikka ega bo'ladilar.

“Biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati” moduli bo'yicha soatlartaqsimoti

№	Modul mavzulari	Auditoriya uquv yuklamasi		
		Jami	jumladan	
			Nazariy	Amaliy mashg'ulot
1.	Tirik organizmdagi biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati. Lipidlar va ularning muhim funksiyalari va ahamiyati.	4	2	2
2.	DNK replikatsiyasi, transkripsiya, translyatsiya va oqsil biosintezi. Replikasiya jarayonida ishtirok etuvchi fermentlar	4	2	2
3.	Rekombinant DNK texnologiyasi, genomika asoslari. Gen muhandisligidagi yutuqlar.	6	2	4
4.	Polimeraza zanjri reaksiyasi. Polimerazali zanjirli reaksiyalarning amaliyotdagi ahamiyati.	4	2	2
Jami:		18	8	10

NAZARIY VA AMALIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1- mavzu: Tirik organizmdagi biologik makromolekulalar va ularning ahamiyati (2 soat)

Reja:

1.1. Nuklein kislotalarning tarkibi, strukturasi, xossalari va funksiyasi.

1.2. Oqsillar. Xromatin. Nukleosomlarning tuzilishi. Oqsillarning tuzilishdarajalari.

1.3. Uglevodlar va ularning organizmdagi roli.

2- mavzu: DNK replikatsiyasi, transkripsiya, translyatsiya va oqsil biosintezi. (2 soat)

Reja:

2.1. DNKning qo'sh spiralli tuzilishi.

2.2. Chargoffning komplementarlik xossasi asosida nukleotidlarning sintezlanishi va nukleotidlarning sintezlanishining mexanizmi.

3-mavzu: Rekombinat DNK texnologiyasi, genomika asoslari. (2 soat)

Reja:

- 3.1. Rekombinat DNK texnologiyasi, genomika asoslari.
- 3.2. Fanning rivojlanish boqichlari, uning mazmuni va vazifalari.

4-mavzu: Polimeraza zanjirli reaksiya (PZR). (2 soat)

Reja:

- 4.1. Polimerazali zanjirli reaksiya (PZR). Zanjirli polimeraza reaksiyaning amaliyotdagi ahamiyati.
- 4.2. Amplifikatsiya va amplifikator reaksiya komponentlari. Praymerlari.
- 4.3. Polimerazali zanjirli reaksiyaning bosqichlari. Denaturatsiya. Otjig. Inisiatsiya. Elongatsiya.

AMALIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1-amaliy mashg'ulot: Lipidlar va ularning muhim funksiyalari va ahamiyati.

(2 soat)

2- amaliy mashg'ulot: Replikasiya jarayonida ishtirok etuvchi fermentlar.

(2 soat)

3- amaliy mashg'ulot: Gen muxandisligidagi yutuqlar. (4 soat)

4- amaliy mashg'ulot: Polimerazali zanjirli reaksiyalarning amaliyotdagi ahamiyati. (2 soat)

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).

II. MODULNI O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA’LIM METODLARI.

“KWL” metodi

Metodning maqsadi: Mazkur metod tinglovchilarni yangi axborotlar tizimini qabul qilishi va bilimlarni tizimlashtirishi uchun qo‘llaniladi, shuningdek, bu metod tinglovchilar uchun mavzu bo‘yicha qo‘yidagi jadvalda berilgan savollarga javob topish mashqi vazifasini belgilaydi.

Izoh. KWL:

Know – nimalarni bilaman?

Want – nimani bilishni xohlayman?

How - qanday bilib olsam bo‘ladi?

Learn - nimani o‘rganib oldim?

“KWL” metodi	
1. Nimalarni bilaman: -	2. Nimalarni bilishni xohlayman, nimalarni bilishim kerak: -
3. Qanday qilib bilib va topib olaman: -	4. Nimalarni bilib oldim: -

“W1H” metodi

Metodning maqsadi: Mazkur metod tinglovchilarni yangi axborotlar tizimini qabul qilishi va bilimlarni tizimlashtirishi uchun qo‘llaniladi, shuningdek, bu metod tinglovchilar uchun mavzu bo‘yicha qo‘yidagi jadvalda berilgan oltita savollarga javob topish mashqi vazifasini belgilaydi.

What?	Nima? (ta’rifi, mazmuni, nima uchun ishlatiladi)	
Where?	Qaerda (joylashgan, qaerdan olish mumkin)?	
What kind?	Qanday? (parametrlari, turlari mavjud)	
When?	Qachon? (ishlatiladi)	
Why?	Nima uchun? (ishlatiladi)	
How?	Qanday qilib? (yaratiladi, saqlanadi, to‘ldiriladi, tahrirlash mumkin)	

“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 – (strength)	• kuchli tomonlari
W – (weakness)	• zaif, kuchsiz tomonlari
O – (opportunity)	• imkoniyatlari
T – (threat)	• xavflar

2.1-rasm.

“VEER” metodi

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

Metodni amalga oshirish tartibi:



trener-o‘qituvchi ishtirokchilarni 5-6 kishidan iborat kichik guruhlariga ajratadi.



trening maqsadi, shartlari va tartibi bilan ishtirokchilarni tanishtirgach, har bir guruhga umumiy muammoni tahlil qilinishi zarur bo‘lgan



har bir guruh o‘ziga berilgan muammoni atroflicha tahlil qilib, o‘z mulohazalarini tavsiya etilayotgan sxema bo‘yicha tarqatmaga yozma



navbatdagi bosqichda barcha guruhlar o‘z taqdimotlarini o‘tkazadilar. Shundan so‘ng, trener tomonidan tahlillar umumlashtiriladi, zaruriy axborotlar bilan to‘ldiriladi va mavzu yakunlanadi.

2.2-rasm.

Muammoli savol					
1-usul		2-usul		3-usul	
afzalligi	kamchiligi	afzalligi	kamchiligi	afzalligi	kamchiligi
Xulosa:					

“Keys-stadi” metodi

«**Keys-stadi**» - inglizcha soʻz boʻlib, («case» – aniq vaziyat, hodisa, «stadi» – oʻrganmoq, tahlil qilmoq) aniq vaziyatlarni oʻrganish, tahlil qilish asosida oʻqitishni amalga oshirishga qaratilgan metod hisoblanadi. Mazkur metod dastlab 1921 yil Garvard universitetida amaliy vaziyatlardan iqtisodiy boshqaruv fanlarini oʻrganishda foydalanish tartibida qoʻllanilgan. Keysda ochiq axborotlardan yoki aniq voqea-hodisadan vaziyat sifatida tahlil uchun foydalanish mumkin.

“Keys metodi” ni amalga oshirish bosqichlari

Ish bosqichlari	Faoliyat shakli va mazmuni
1-bosqich: Keys va uning axborot taʼminoti bilan tanishtirish	✓ yakka tartibdagi audio-vizual ish; ✓ keys bilan tanishish (matnli, audio yoki media shaklda); ✓ axborotni umumlashtirish; ✓ axborot tahlili; ✓ muammolarni aniqlash
2-bosqich: Keysni aniqlashtirish va oʻquv topshirigʻni belgilash	✓ individual va guruhda ishlash; ✓ muammolarni dolzarblik ierarxiasini aniqlash; ✓ asosiy muammoli vaziyatni belgilash
3-bosqich: Keysdagi asosiy muammoni tahlil etish orqali oʻquv topshirigʻining yechimini izlash, hal etish yoʻllarini ishlab chiqish	✓ individual va guruhda ishlash; ✓ muqobil yechim yoʻllarini ishlab chiqish; ✓ har bir yechimning imkoniyatlari va toʻsiqlarni tahlil qilish; ✓ muqobil yechimlarni tanlash
4-bosqich: Keys yechimini shakllantirish va asoslash, taqdimot.	✓ yakka va guruhda ishlash; ✓ muqobil variantlarni amalda qoʻllash imkoniyatlarini asoslash; ✓ ijodiy-loyiha taqdimotini tayyorlash; ✓ yakuniy xulosa va vaziyat yechimining amaliy aspektlarini yoritish

“Assesment” metodi

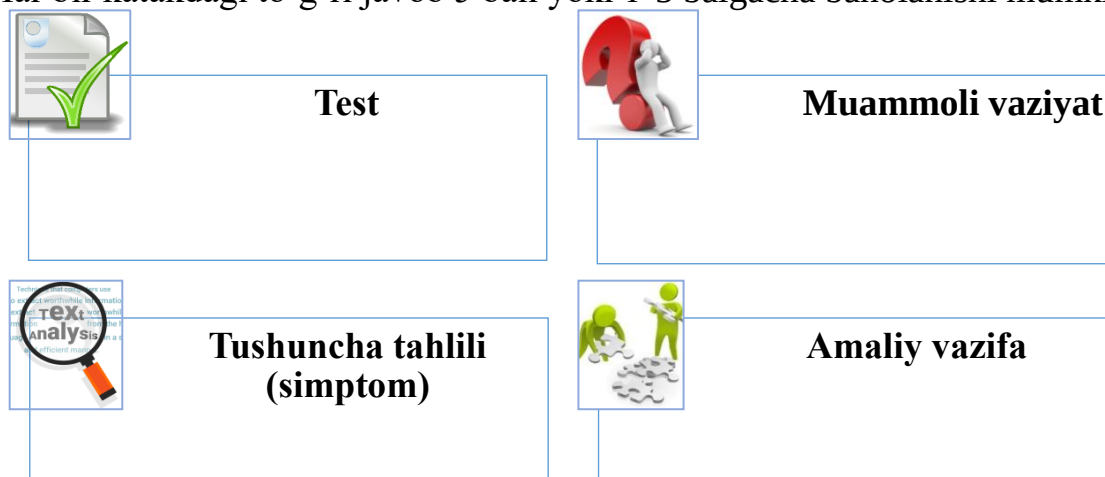
Metodning maqsadi: mazkur metod taʼlim oluvchilarning bilim darajasini baholash, nazorat qilish, oʻzlashtirish koʻrsatkichi va amaliy koʻnikmalarini tekshirishga yoʻnaltirilgan. Mazkur texnika orqali taʼlim oluvchilarning bilish faoliyati turli yoʻnalishlar (test, amaliy koʻnikmalar, muammoli vaziyatlar mashqi, qiyosiy tahlil,

simptomlarni aniqlash) bo'yicha tashhis qilinadi va baholanadi.

Metodni amalga oshirish tartibi:

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

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



2.3-rasm.

“Insert” metodi

Metodni amalga oshirish tartibi:

- o’qituvchi mashg’ulotga qadar mavzuning asosiy tushunchalari mazmuni yoritilgan matnni tarqatma yoki taqdimot ko’rinishida tayyorlaydi;
- yangi mavzu mohiyatini yorituvchi matn ta’lim oluvchilarga tarqatiladi yoki taqdimot ko’rinishida namoyish etiladi;
- ta’lim oluvchilar individual tarzda matn bilan tanishib chiqib, o’z shaxsiy qarashlarini maxsus belgilar orqali ifodalaydilar. Matn bilan ishlashda talabalar yoki qatnashchilarga quyidagi maxsus belgilardan foydalanish tavsiya etiladi:

Belgilar	Matn
“V” – tanish ma’lumot.	
“?” – mazkur ma’lumotni tushunmadim, izoh kerak.	
“+” bu ma’lumot men uchun yangilik.	
“-” bu fikr yoki mazkur ma’lumotga qarshiman?	

Belgilangan vaqt yakunlangach, ta’lim oluvchilar uchun notanish va tushunarsiz bo’lgan ma’lumotlar o’qituvchi tomonidan tahlil qilinib, izohlanadi, ularning mohiyati to’liq yoritiladi. Savollarga javob beriladi va mashg’ulot yakunlanadi

III. NAZARIY MASHG'ULOT MATERIALLARI

1- MAVZU : TIRIK ORGANIZMDAGI BIOLOGIK MAKROMOLEKULALAR VA ULARNING AHAMIYATI.

Tirik materiya strukturaviy va funksional tuzulishining yukori darjasi, birinchi navbatda, asosan biopolimerlar ishtirokida ta'minlanadi, bunda oqsillar va nuklein kislotalar asosiy o'rin tutadi. Xar bir individual biopolimer uchunturli tipdagimonomer xalqalarning muayyan ketma-ketlik tartibixos bo'lib, oqsillar uchun bu –yigirmata turli aminokislotalardan tashkil topadi, nuklein kislotalar uchun esa –to'rtta turli nukleotidlardan iborat. Bu xolat bunday biopolimerlarning cheksiz rang-baranglik asosini yaratadi. Bundan tashkari, ikkala gurux biopolimerlardagi polimertizimlar katta mikdordagi oddiy bog'larni tutadilar, va shu sababli xar bir individual biopolimer behisob konformerlar ko'rinishida mavjud bo'lishi mumkin. Ammo, polimer asosining fragmentlari va turli yondosh radikallar ishtirok etuvchi, ko'pginanokovalent o'zaro ta'sirlar natijasida, tirik organizmlarning mavjud bo'lish sharoitlarida konformatsiyalarning muayyan mikdori saqlanib koladi. Shu sababli, xar bir biopolimer nafaqat noyob ketma-ketlikdagi xalqalarning navbatiga, balki noyob fazoviy struktura yoki bunday strukturalarning kichik to'plamiga ham egadir. Aloxida xujayralar va tirik organizmlarning fazoviy tuzulishi va biokimyoviy jarayonlarning sodir bo'lishida asosiy (fundamental) o'rin – oqsil molekulalari va nuklein kislotalarni muayyan belgilangan sheriklarini tanib olish qobiliyati yotadi, va bu xolat aynan shu sheriklar bilan komplekslarni shakllantirishd namoyon bo'ladi. Komplekslarning spetsifik shakllanish ehtimoli, biopolimerda, tanishmolekuladagi mos guruxlar to'plami bilan o'zaro aloqaga kilish uchun mo'ljallangan, funksional guruxlar to'plamining mavjudligi bilan ta'minlanadi.

Biopolimerning fazoviy strukturasi, bunday o'zaro ta'sirlashish uchun optimal bo'lgan, bunday funksional guruxlarning o'zaro joylashuvini ta'minlaydi.

Funksional biokimyofani tomonidan o'rganiladigan kimyoviy o'zgarishlar –bu asosan fermentlar tomonidan katalizlanadigan jarayonlardir. Fermentlar va shunga o'xshash reaksiyalar tizimi bilan amalga oshadigan xamda muayyan

kimyoviy natijaga olib keluvchi reaksiyalarga *biokimyoviy o'zgarish* termini ko'llaniladi.

Biopolimerlar, oqsillar va nuklein kislotalar yangi molekularining sintezini amalga oshiruvchi fermentlar nisbatan yukori shakllangan fermentlar hisoblanadi. Bu fermentlar nafakat peptidli yoki nukleotidlararo bog'lar shakllanishini katalizlaydi, balki maxsus informatsion molekular ko'rinishida (nuklein kislotalar) kirib keluvchi ma'lumotlarni ham qabul kila oladi. Zanjir o'sishining muayyan boskichida, ferment qaysi monomerni tanlab olishi va sintezlanayotgan zanjirga ko'shishini, nuklein kislotalar dasturlab beradi. Bunday informatsion molekular *matritsa* deb ataladi, matritsalar tomonidan beriladigan dastur bo'yicha sintezni katalizlovchi fermentlar esa – *matritsa biosintezining fermentlari* deb ataladi. Tirik tabiatda sodir bo'layotgan kimyoviy reaksiyalarning yakuniy maksadi, ko'pincha, yoki tirik organizmga kulay bo'lgan oddiy moddalardan murakkab organik molekularni sintez qilish, yoki organizmdan chiqadigan bunday murakkab molekularni parchalashdir. Organizm hayot faoliyatini energiya bilan ta'minlashda kimyoviy o'zgarishlar muxim o'rin tutadi, va bu energiya ularga turli ishlarni bajarish uchun zarurdir. Boshkariladigan katalitik reaksiya tizimlari ko'rinishidagi kimyoviy o'zgarishlarning tashkiliy tuzulishi – tirik organizmlar kimyosining muxim o'ziga xos xususiyatidir.

Bir qator xolatlarda bunday tizimlarning samarali ishlashi tarkibiy elementlarning maxsus fazoviy tuzulishga ega ekanligi sababli amalga oshadi. Masalan, ketma-ket o'zgarishlar zanjirini katalizlovchi fermentlar guruxi yagona bir kompleksga birlashishi mumkin, va bu bir reaksiya maxsulotini fermentga yetib kelishini osonlashtiradi, va bu ferment keyingi o'zgarishlar uchun substrat sifatida bu maxsulotdan foydalanadi. Signallarni qabul qilish va o'zgartirish, xamda energiyaning turli o'zaro o'zgaruvchan shakllar bilan bog'liq bo'lgan jarayonlarda, biokimyoviy tizimlarning maxsus fazoviy tuzulishi katta ahamiyatga ega.

Oqsillar, ularning stukturasi va biokimyoviy xususiyatlari

Oqsillar, proteinlar – hamma tirik mavjudotlar tarkibiga kiradigan murakkab, azot tutuvchi organik moddalar. Oqsillar tirik materiyaning tuzilishida, shuningdek,

uning hayot faoliyatida muhim ahamiyatga ega. Hujayra tarkibida bir necha ming xil oqsillar mavjud bo'lib, ularning har biri ma'lum bir vazifani bajaradi. Shu bois ular proteinlar (yun. protos – birinchi, eng muhim) deb ataladi. Ular hujayra quruq vaznining 3/4 qismini tashkil etadi.

Oqsillar oddiy oqsillar — p r o t y e i n l a r g a va murakkab oqsillar — p r o t y e i d l a r g a bo'linadi. Proteinlar faqat aminokislotalar qoldig'idan iborat va gidrolizlanganida faqat aminokislotalar hosil bo'ladi. Proteidlar oqsillar bilan oqsilsiz moddalardan tuzilgan bo'ladi va ular gidrolizlanganida aminokislotalardan tashqari boshqa moddalar, masalan, fosfat kislota, glyukoza, geterotsiklik birikmalar va boshqalar hosil bo'ladi.

Proteinlar o'z navbatida kichik gruppalariga bo'linadi.

1. A l b u m i n l a r suvda yaxshi eriydigan oqsillardir, qizdirilganda erimaydigan va yumshamaydigan holatga o'tib qoladi, eritmalariga tuzlarning to'yingan eritmalari qo'ishlsa cho'kmaga tushadi. Albuminlar tuxum oqida (tuxum al'bumini), qon zardobida (zardob albumini), sutda (sut albumini) bo'ladi. Albuminlarning molekulyar og'irligi unchalik katta bo'lmaydi.

2. G l o b u l i n l a r suvda erimaydi, tuzlarning suyultirilgan eritmalarida zriydi. Eritmasiga tuzlarning kovsentrangan eritmalari ta'sir ettirilganda globulinlar cho'kadi, qizdirilganda burishib qoladi. Globulinlar molekulasiga albuminlar molekulasiga qaraganda birmuncha yirik. Globulinlar sutda, qon zardobida bo'ladi. Zardob globulinining molekulyar og'irligi taxminan 150000 va undan oshiq-roq bo'ladi, zardob al'buminini esa undan ikki marta kam — 70000. Globulinlar tuxumda, muskullarda va o'simliklar urug'ida (kanop, no'xat urug'ida) ham bo'ladi.

3. P r o l a m i n l a r suvda erimaydi, 60—80 protsentli spirt-da eriydi, tarkibida prolin bo'ladi. Prolaminlar o'simlik oqsillari (bug'doy gliadini, arpa gordeini, makkajuxori) tarkibida uchraydi.

4. P r o t a m i n l a r kuchli asoslar hisoblanadi, tarkibida oltingurgurt bo'lmaydi, ular oddiy aminokislotalardan tuzilgan, molekulyar og'irligi kam. Baliqlar spermasi va ikrasida uchraydi.

5. G i s t o i n l a r unchalik kuchli asoslar emas, murakkab oqsillar tarkibida uchraydi.

6. S k l y e r o p r o t a i n l a r suvda, tuzlar, ishqorlar, kislotalar eritmalarida erimaydi, gidrolizga chidamli. Bu oqsillar jumlasiga qayvonlar organizmida muhim rol o'ynaydigan bir qancha oqsillar kiradi. Teri, soch, tirnoq, shox tarkibiga kiruvchi keratin, ipak tarkibiga kiruvchi fibroin va boshqalar skleroproteinlar vakilidir. Skleroproteinlar molekulasida ko'p oltingugurt bo'ladi.

Murakkab oqsillar—proteidlar tarkibidagi oqsilsiz moddalarining xiliga qarab quyidagi gruppachalarga bo'linadi.

1. X r o m o p r o t y e i d l a r — bu gruppada oqsillari- oqsil qismdan va biror xil bo'yoq moddasidan iborat. Xromoproteidlar gruppasining vakili gemoglobin — organizmida kislorod tashuvchi sifatida muhim rol o'ynaydi. U globin oqsili va bo'yoq modda — gemdan iborat. Gem murakkab tuzilishga ega va uning tarkibida azot hamda temir atom-lari bo'ladi.

2. N u k l y e o p r o t y e i d l a r gidrolizlanganda oddiy oqsilga (ayniqsa, tistonlarga yoki protaminlarga) va nuklein kislotalarga parchalanadi. Nuklein kislotalar o'z navbatida gidrolizlanib uglevod, fosfat kislota va geterotsiklik asosga (purin hamda pirimidinga) parchalanadi. Nukleoproteidlar ishqorlarda eriydi, kislotalarda erimaydi, protoplazma, hujayra yadrolari, viruslar tarkibida bo'ladi.

3. F o s f o r p r o t y e i d l a r gidrolizlanganda oddiy oqsil bilan fosfat kislotaga ajraladi (nukleoproteidlardan farq qilib, gidrolizlanganda purin asoslari hosil qilmaydi), kuchsiz kislota xossasiga ega, qizdirilganda emas, kislota ta'sir ettirilganda buri-shib qoladi. Bu oqsillarning vakili sut kazeinidir.

4. G l y u k o p r o t y e i d l a r gidrolizlanganda oddiy oqsilga va uglevodga parchalanadi, suvda erimaydi, suyultirilgan ishqor eritmalarida eriydi, neytral, qizdirilganda burishib qolmaydi. Glyukopro- 9 teidlar vakili so'lakda bo'ladigan muiindir.

Bulardan tashqari, proteidlarning boshqa gruppalari ham bor. Keyingi yillarda oqsillarning yuqorida keltirilgan klassifikatsiya-si bilan bir qatorda boshqacha

klassifikatsiyadan ham foydalana boshlandi. Bu klassifikatsiyaga ko'ra, oqsillar molekulalarining shakliga ko'ra ikki katta gruppaga:

- a) tolali yoki fibrillyar oqsillar va
- b) globulyar oqsillarga bo'linadi.

Tolali yoki fibrillyar oqsillarning molekulalari uzun, ipsimon shaklda bo'ladi. Jundagi keratin, muskullardagi miozin va boshqalar fibrillyar oqsillardir. Globulyar oqsillarning molekulalari sharsimon shaklda bo'ladi. Albuminlar, globulinlar, shuningdek, proteidlar globulyar oqsillardir. Globulyar oqsillar molekulalari fibrillyar oqsillar molekulalariga qaraganda ancha murakkab tuzilgan.

Oqsillarning vazifalari. Oqsillar xujayrada boshqa birikmalarga qaraganda ancha ko'p jarayonlarda xilma-xil funksiyalarni bajaradilar. Hamma proteinlarning struktura elementlari bir xil aminokislotalardan iborat bo'lsa ham, ularning oksil msshekulasidagi nisbiy miqdorlari va joylanish o'rinlari turlichadir. Ko'p minglab oqsillarni sistematik va mantiqiy klassifikatsiyasi ularning ximiyaviy strukturasiga asoslangan bo'lishi kerak. Ammo bu vazifa juda mushkul va xozircha bajarilishi mumkin bo'lmagani uchun, klassifikatsiya soddaroq prinsiplar — ularning funksiyasi, kelib chikishi, joylanishi, erish xususiyati sodda yoki murakkabligi asosida tuzilgan. Proteinlar bajaradigan funksiyalar fakat oksil molekulalari uchungina xos bo'lib, aksari takrorlanmasdir. Eng muhimlari quyidagilar:

1 **Kattalik funksiyasi** — shu vaqtgacha kashf etilgan barcha biologik katalizatorlar — fermentlar oqsillardir. Bir xujayrada ularning soni 2000 dan ortik. Bu funksiya fakat oqsillar uchungina xosdir.

2. **zaxira ozika moddasi sifatida** oqsillar chegaralangan miqdorda konda, ba'zi to'kimalarda, ko'p miqdorda o'sayotgan homilada, o'simliklar donida, tuxumda va sutda bo'lib, zarur bo'lgan sharoitda sarflanadilar.

3. **Transport funksiyasi** — konda kislorodni tashish tamomila oksil — gemoglobin tomonidan bajariladi. Proteinlar konda lipidlar, ba'zi gormonlar, vitaminlar, metall ionlari bilan kompleks xosil kilib, ularni tegishli to'kimalarga yetkazadilar.

4. **Himoya funksiyasi** — barcha immun tanalar oksillardir. Ular organizmga kirgan bakteriyalarni, yot oksillarni yuksak spetsifiklik bilan bogʻlaydilar, parchalaydilar, zararsizlantiradilar.

5. **Qisqarish funksiyasi** — Muskullarning kiskarishi oksillar ishtirokida kechadi. Ularning eng muximlari aktin va miozin kiskaruvchi muskul tolalarini tashkil kiladilar. Miozin yana fermentlik faoliyatiga xam ega.

6. **Oksil gormonlar** — bir kator ichki sekretiya bezlarining maxsulotlari peptid va oksil tabiatiga ega. Masalan, insulin, oʻsish gormoni va boshkalar. Ular organizmda moddalar almashinuvini rostlab turadilar.

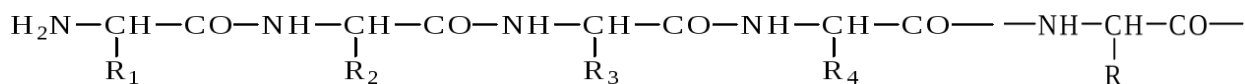
7 **Struktura funksiyasi** — Oksillar biriktiruvchi toʻkimaning asosiy koʻrish materialidir: keratin, kollagen, elastin ana shular jumlasidan. Lekin oksillar xujayra skeleti, xromosomalar, membrana, ribosomalar, retseptorlar tarkibida boshka moddalar bilan birgalikda katnashadilar.

Bu koʻrsatilib oʻtilgan asosiy funksiyalardan tashkari oksillar yana juda kup biologik faol strukturalarning tuzilishida va funksiyasida ishtirok etadilar. Masalan, hayvon zaxarlarining aksari xam oksil tabiatiga ega, koʻrish pigmenti rodopsin, informatsiyani xujayra ichiga uzatadigan membrana yuzasidagi maxsus tuzilma — retseptorlar oksillarni boshka molekulalar bilan bergan kompleksidir, kon oksili-fibrinogen kon ivishida katnashadi.

Oqsillarning tuzilishi. Oqsillarning tuzilishi juda murakkab, Linderstryom-Lang tavsiyasiga koʻra ularning strukturaviy tashkil etilganligini belgilash uchun birlamchi, ikkilamchi, uchlamchi strukturalar kabi terminlar qabul qilingan.

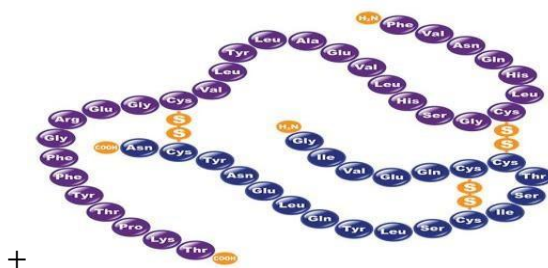
Oqsillarning birlamchi strukturasi deganda ularning molekulalaridagi aminokislotalar ketma-ketligini tushunish kerak. Maʼlumki, aminokislotalar orasidagi bogʻ – peptid bogʻlardan iborat. “Birlamchi struktura” va “aminokislota ketma-ketligi” terminlari bir-birining oʻrnini bosa oluvchi terminlardir. Oqsil molekulasining birlamchi strukturasi N-oxirgi aminokislotadan boshlab S-oxirgi aminokislota tarafga yoʻnalgan holda yozish qabul qilingan. Demak, polipeptid zanjiri vektorlikni namoyon qiladi, yaʼni N-oxiridan S-oxirigacha. Zanjirning N-oxirida erkin α -aminogruppa bor, S-oxirida esa erkin SOON gruppasi bor.

Aminokislotalar ketma-ketligi N-oxiridan boshlab aminokislotalarning uch harfdan iborat qisqartirilgan nomlari bilan belgilanadi, masalan *gli-ala-sis-pro*. Polipeptid zanjirining “skeleti”, ya’ni asosi regulyar qaytariladigan struktura elementlaridan iborat:



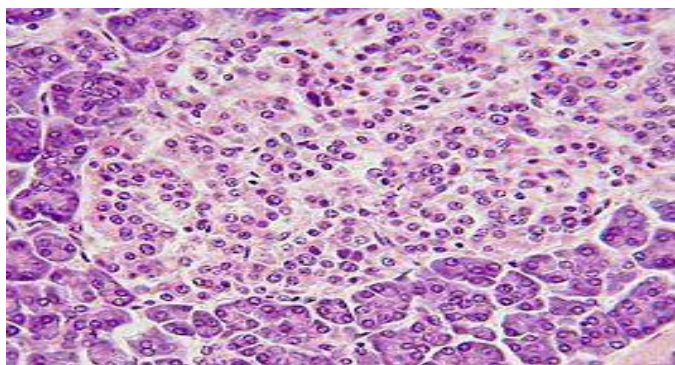
Oqsillar tarkibidagi N- va C-oxirlar modifikatsiyalangan bo‘lishi mumkin, masalan N-oxiridagi aminokislota atsetillangan, formillangan yoki metillangan bo‘lishi mumkin. S-oxiridagi aminokislota amidlangan bo‘lishi mumkin. S-oxiridagi aminokislotaning modifikatsiyalanishi N-oxiridagi aminokislotaning modifikatsiyalanishiga qaraganda kamroq uchraydi.

Har bir individual oqsil unikal birlamchi strukturaga ega. Birlamchi strukturasi aniqlangan birinchi oqsil 51 ta aminokislota qoldig‘idan iborat bo‘lgan (30+21) insulin edi (Senger). U dastlab ikkita polipeptid zanjirini ajratib oladi. So‘ngra ularni spetsifik fermentativ parchalab, kichikroq peptidlarni oladi. 1-ftor-2,4-dinitrobenzol bilan peptidlarga ishlov berib ularning N-oxirgi kislotasini aniqlaydi. U barcha ajratib olingan peptidlarning aminokislota qoldiqlarini, ulardagi o‘xshash ketma-ketliklarni solishtirgan holda, aniqlaydi. Natijada insulin molekulasining birlamchi strukturasi aniqlanadi (1958-yil Nobel mukofoti), *1-rasm*.



1-rasm. Insulin molekulasi modeli

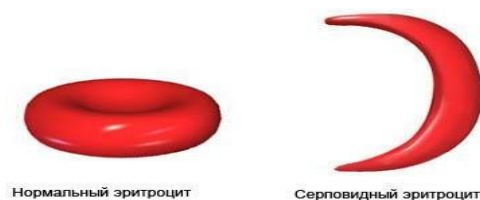
Insulin (lot. insula “orol”) – oqsil tabiatiga ega bo‘lgan gormon, oshqozon osti bezining Langergans orolchalarining beta-hujayralarida hosil bo‘ladi (2-rasm). Deyarli barcha to‘qimalarda modda almashinuvi jarayoniga ko‘p faktorli ta’sir o‘tkazadi. Insulinning asosiy ta’siri qonda glyukoza konsentratsiyasini pasaytirishdan iborat. Eng ko‘p o‘rganilgan gormon hisoblanadi. Beta-hujayralarning destruksiya natijasida insulinning sekretiya buziladi – bunda insulinning absolyut yetishmovchiligi yuzaga keladi – bu 1-tip qandli diabet kasalligidir. Insulinning to‘qimalarga ta’sirining buzilishi – nisbiy insulin yetishmovchiligi – 2- tip qandli diabetni keltirib chiqaradi.



2-rasm. Oshqozon osti bezi Langergans orolchalarining tuzilishi

Hozirgi vaqtga kelib o‘n minglab turli oqsillarning birlamchi strukturasi aniqlangan, va bu fakt kimyo va bioqimyo fanlarining yutuqlaridan biridir. Ammo, bu raqam juda kichik ko‘rsatkichdir, chunki tabiatda taxminan 10^{12} ga teng bo‘lgan turli-tuman oqsillar bor va ular hali o‘rganilmagan. Shunday qilib, oqsillarning birlamchi strukturasi polipeptid zanjirida aminokislota qoldiqlarining joylashish tartibi, ketma-ketligini bildiradi. Birlamchi strukturani, har bir aminokislota joylashgan o‘rnini bilgan holda oqsil molekulasining struktura formulasini aniq yozib berish mumkin. Oqsillarning birlamchi strukturasi genetik belgilangandir, ya’ni oqsil molekulasidagi aminokislotalar ketma-ketligi DNK molekulasidagi nukleotidlar ketma-ketligi bilan belgilanadi (har uchta nukleotid bitta aminokislota sintezini bildiradi). Nukleotidlar ketma-ketligining buzilishi oqsil sintezining, va oqibatda uning strukturasi buzilishiga olib keladi. Natijada biologik

xususiyatlari anomal bo'lgan oqsillar sintez bo'lib qoladi. Masalan, o'roqsimon hujayra anemiyasining (serpovidnokletochnaya anemiya, 3-rasm) sababi gemoglobin oqsilining α -zanjirini nazorat qiluvchi genning aynishi – mutatsiyaga uchrashi bilan bog'liq.



3-rasm. O'roqsimon hujayra anemiyasida eritrotsitlar shaklining o'zgarishi

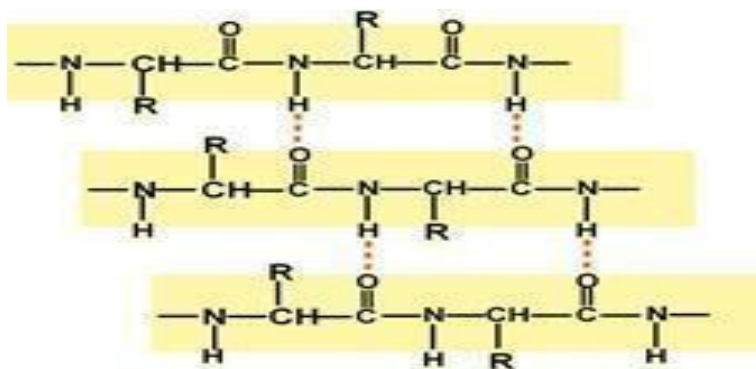
Bunda α -zanjirdagi 6-o'rindagi glutamat o'rnini valin egallagan bo'ladi. Bunday o'zgarish ikkala α -zanjirdagi manfiy zaryadning yo'qotilishiga olib keladi, bu esa gemoglobin konformatsiyasini o'zgartirib yuboradi, va oqibatda uning biologik funksiyasining yo'qotilishiga sabab bo'ladi. Oqsillarning birlamchi strukturasi, strukturaviy tashkil etilganlikning eng oddiy darajasi bo'lgani uchun, keyingi yuqori darajalarni qanday tashkil etilishi mumkinligini belgilaydi.

Oqsillarning ikkilamchi strukturasi – aminokislotalar qoldiqlaridan tuzilgan zanjirlar vodorod bog'lari orqali bog'lanib, kay tarzda fazoviy strukturalarni (halqa, barg, sferoidlar) hosil qilishi bilan belgilanadi. Polipeptid zanjirining alfa-spiral (4-rasm) yoki β -strukturani hosil qilishiga oqsillarning ikkilamchi strukturasi deyiladi. Polipeptid zanjirining hamma qismi bir xilda spirallangan bo'lmay oz qismi to'g'ri amorf holda bo'lishi mumkin. Oqsillarning ikkilamchi strukturasi polipeptid molekulasining fazodagi konfiguratsiyasini (joylashuvini) belgilaydi.



4-rasm. Oqsil molekulasining ikkilamchi strukturasi - α -spiral

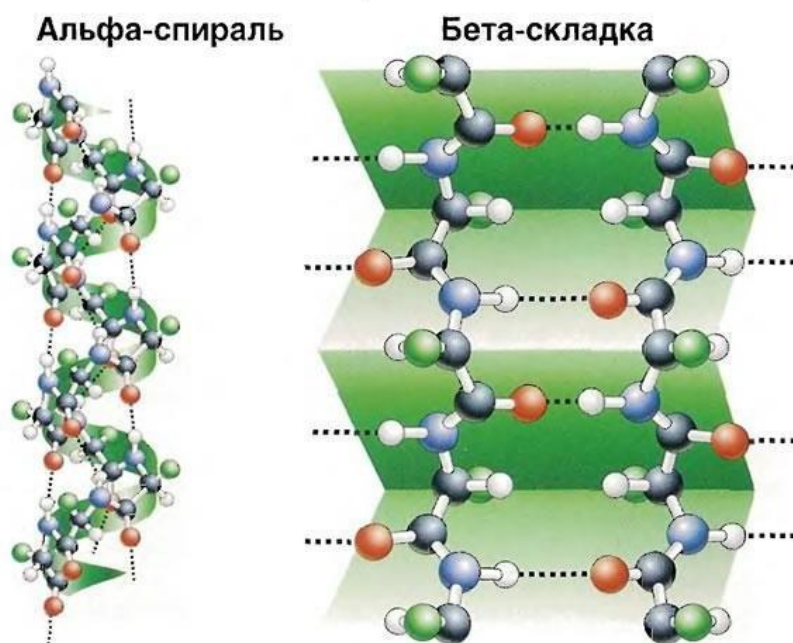
Oqsil molekulasining ikkilamchi strukturasi hosil bo'lishida karbonil gruppaning kislorodi va imin guruhlari o'rtasida vodorod bog'larining hosil bo'lishi ahamiyatlidir. Vodorod bog'lari kovalent bog'ga nisbatan kuchsiz bo'lib, lekin, ular sonining ko'p bo'lishi natijasida hosil bo'lgan spiral prujinadek mustahkam bo'ladi (5-rasm).



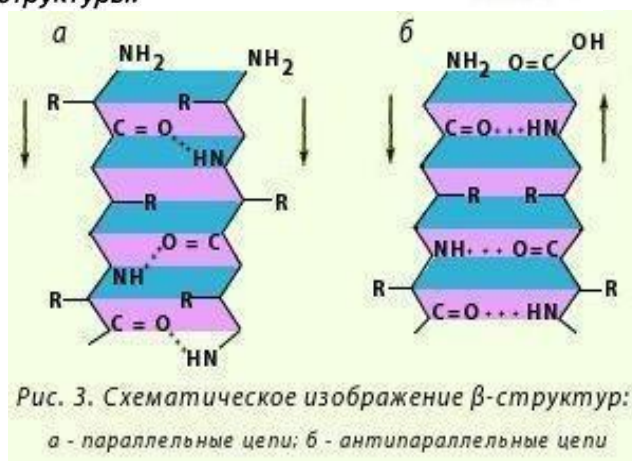
5-rasm. Ikkilamchi struktura hosil bo'lishida vodorod bog'larining ishtiroki

Spiral hosil bo'lishiga prolin va gidroksiprolin aminokislotalari halal beradi. Ular o'zlarining siklik tuzilishlari oqibatida zanjirning "sinishiga", yoki "burilishiga" sabab bo'ladilar. Spiralning bir o'ramining balandligi 0,54 nm ni tashkil etadi va 3,6 aminokislota qoldig'iga to'g'ri keladi. Beshta to'lik o'ram spiralda 18 ta aminokislota to'g'ri keladi va 2,7 nm ni tashkil etadi. α -Spiral (6-rasm) polipeptid zanjirining juda zich joylanishi bilan xarakterlanadi. Polipeptid zanjirining zich o'ralgan tizmasi sterjen – o'q hosil qiladi. Aminokislotalarning qoldiqlari tashqariga qaragan bo'lib, sterjendan har tarafda joylashgan bo'ladi. Oqsillar quyidagi ikkilamchi strukturalarni namoyon qila oladi: α - spiral, β - burma qavatlar (7-rasm), β -burilish. α -Spiral o'ng va chap tomonga buralgan holda bo'lishi mumkin. Laynus Poling v Elayas Kori oqsillarning β -burma qavatli strukturaga ega

bo'lishini isbotlaganlar. Ikkilamchi strukturaning bu varianti o'zining yassi tuzilishi bilan farq qiladi va polipeptid zanjirlari yonma-yon joylanishi natijasida hosil bo'ladi. Vodorod bog'lari parallel yoki antiparallel holda joylashgan polipeptid zanjirining peptid bog'lari o'rtasida hosil bo'ladi (7-rasm). Natijada polipeptid zanjirlari takrorlanib qavatma-qavat bo'lib joylashib "burma"larni yoki lentarlarni hosil qiladi:



▲ В зависимости от последовательности аминокислот белковая молекула приобретает вторичную структуру в виде α -спирали или β -складчатой структуры.

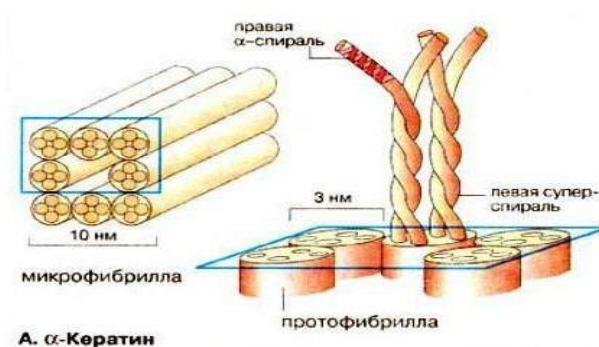


7-rasm. β -burma qavatli strukturaning sxematik tasvirlanishi: a – parallel zanjirlar, b – antiparallel zanjirlar

6-rasm.
Aminokislotalar
ketma-ketligiga
qarab oqsil
molekulasi
 α -spiral yoki β -
burma qavatli
strukturaga ega
bo'ladi

Polipeptid zanjirining α -spirallanishida spiralning har bir aylanishiga 3,6 ta aminokislota qoldig'i to'g'ri keladi. Spiral qismining to'liq takrorlanishi 18 ta aminokislota qoldig'idan keyin ro'y beradi. Ularning uzunligi 0,5 nm va 2,7 nm ga teng va har bir aminokislota qoldig'iga to'g'ri keladigan masofa 0,15 nm ga teng. Oqsillar α -strukturadan β -strukturaga o'tishi mumkin va u holda vodorod bog'lari qayta tuziladi. Bu holat sochdagi keratin oqsilida ko'zatilgan. Sochlar ishqoriy eritmalar bilan yuvilganda oqsilning spiral strukturasi buziladi. β -keratin α -keratinga aylanadi. Oqsilning ikkilamchi strukturasi (α -spiral va β -struktura) kizdirish natijasida buziladi bunda polipeptidlar o'rtasidagi vodorod bog'lari uziladi, polipeptid zanjiri esa tartibsiz holatga keladi.

Keratinlarda peptid zanjirining bir qismi o'ngga buralgan α -spiraldan iborat. Ikkita peptid zanjiri yagona chapga buralgan α -spiralni tashkil etadi. Keratinning superspirallangan dimerlari tetramerlarga birlashadi, ular esa o'z navbatida diametri 3 nm bo'lgan protofibrillalarga agregatlanadi. Va, nihoyat, sakkizta protofibrilla diametri 10 nm bo'lgan mikrofibrillani tashkil etadi (8-rasm).

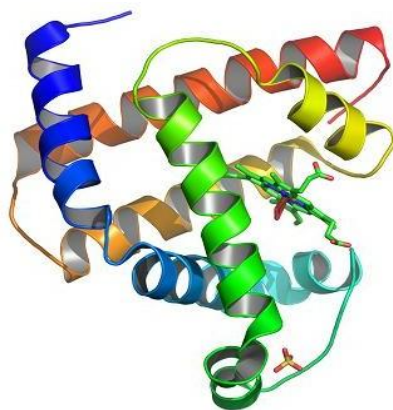


8-rasm. α -Keratinning tuzilishi

Shunday qilib, oqsillarning ikkilamchi strukturasi – polipeptid zanjiri alohida qismlarining fazoda tartibli joylashishi, ya'ni konformatsiyasidir. Oqsillarning ikkilamchi strukturasi turg'unligi polipeptid va vodorod bog'lari yordamida ta'minlanadi. Bundan boshqa bog'lar (disulfid bog'idan tashqari) ishtirok etmaydi. Ko'pchilik oqsillarda bir vaqtda α -spiral va β -struktura qismlari bo'ladi. Polipeptid zanjirining ba'zi qismlari tartibli tuzilishga ega bo'lmasligi mumkin, bunday qismlarga amorf yoki strukturasiz qismlar deyiladi. Ikkilamchi strukturaning u yoki

bu ko‘rinishda bo‘lishi birlamchi struktura bilan belgilanadi va berilgan biologik sharoitlarda termodinamik jihatdan eng qulay (foydali) bo‘lgani uchun mavjud bo‘la oladi.

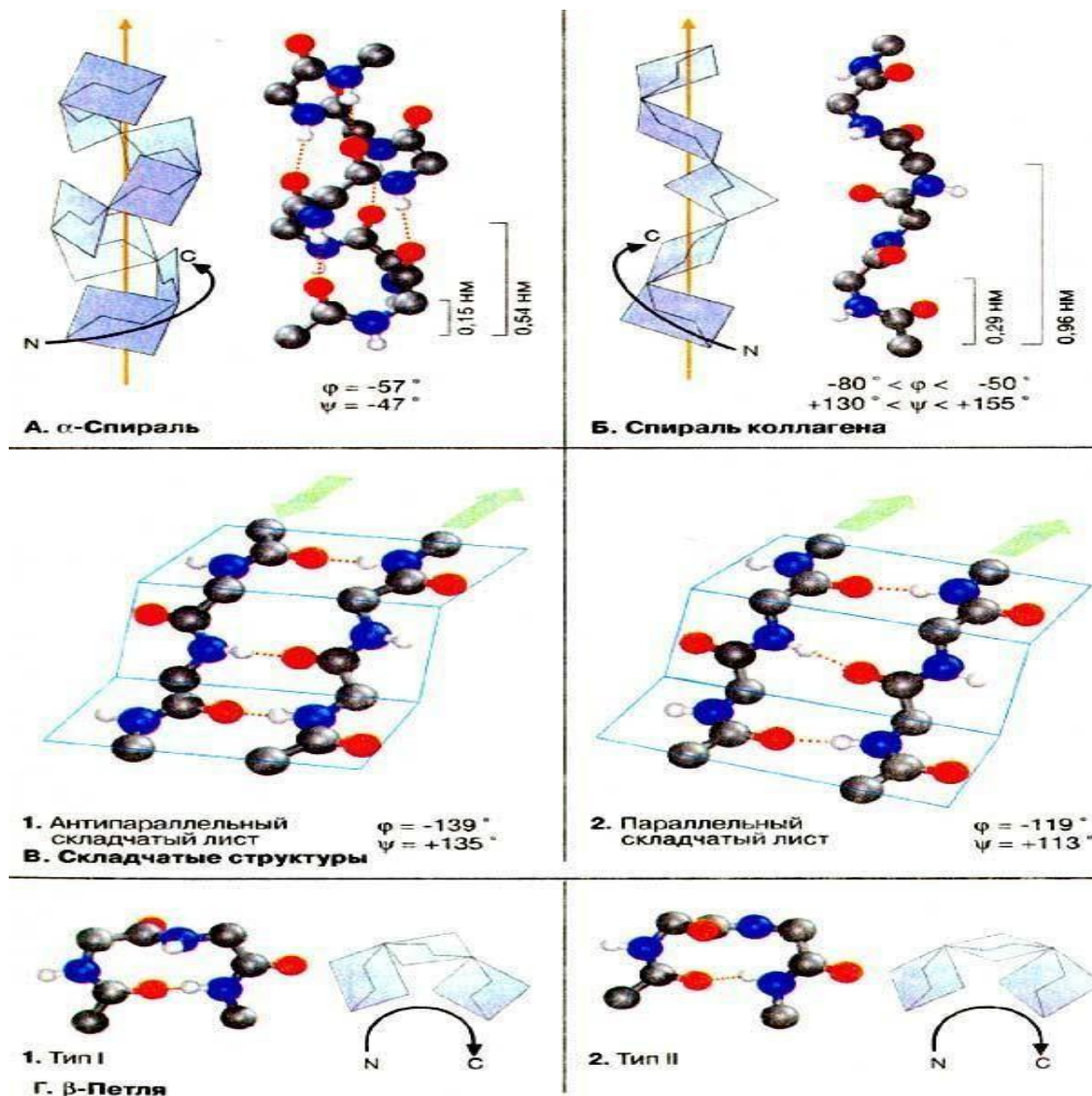
Aminokislota qoldiqlarining qutbsiz radikallari spiralning bir tarafida guruhlangan bo‘ladi, bu o‘z navbatida qutbsiz yoylarning hosil bo‘lishiga va spiralning turli qismlarining bir-biriga yaqinlashishiga olib keladi. Tabiiy oqsillarda faqat o‘ngga buralgan α -spirallar mavjud, bu ularning tarkibida faqat L-aminokislotalarning qoldiqlari borligining natijasidir. α -Spiral strukturasida barcha vodorod bog‘lar spiral o‘kiga tahminan parallel joylashgan. α -Spiral hosil bo‘lishiga *glu*, *ala*, *ley* aminokislotalari yordam beradi. Oqsillarda spirallashtgan uchastkalarining nisbiy qismi har xil. Masalan, mioglobin (9-rasm) polipeptid zanjirlari 80% ga spirallashtgan, insulinda spiral qism 50% ni tashkil etadi, ximotripsinda esa spiral qism umuman yo‘q. Burma qavatli strukturalar (β -struktura) 6 va undan kam qavatlardan iborat bo‘ladi. Burma qavatdagi polipeptid zanjirining qismlari bir xil vektorga (yo‘nalganlikka) ega bo‘lishi mumkin - parallel β -qavat, yoki karama-qarshi vektorlangan bo‘lishi ham mumkin - antiparallel β -qavat. Bunda aminokislotalarning radikallari qavatlarning tekisligiga perpendikulyar joylashgan bo‘ladi. β -strukturaning shakllanishiga *met*, *val*, *gli*, *pro* aminokislotalari yordam beradi.



9-rasm. Mioglobin modeli

β -Burilish – polipeptid zanjirining 180° ga burilishi – aminokislotalar o‘rtasidagi vodorod bog‘lari hosil bo‘lishi natijasida kelib chiqadi (10-rasm). Globulyar oqsillar kompakt sharsimon konformatsiyaga ega bo‘lishining sababi ham polipeptid zanjirining juda ko‘p β -burilish yasashining oqibatidir. β -Burilish hosil bo‘lishi prolin qoldiqlari ko‘p bo‘lganda kuzatiladi.

Kollagen oqsili – birlashtiruvchi to‘qimalarning eng muhim oqsili -ham spiral tuzilishga ega, faqat uning spirali chapga buralgan (10-rasm). Uning spiral o‘rami 0,96 nm ga teng, har bir o‘ram, 3,3 ta aminokislota qoldig‘iga to‘g‘ri keladi, α -spiralga nisbatan “qiya” tuzilgan. α -Spiraldan farqli ravishda bu strukturada vodorod ko‘priklarining hosil bo‘lishi mumkin emas. Uchta peptid zanjirlarining o‘ralib o‘ngga buralgan spiral hosil qilishi bilan barqarorlashgan molekula.

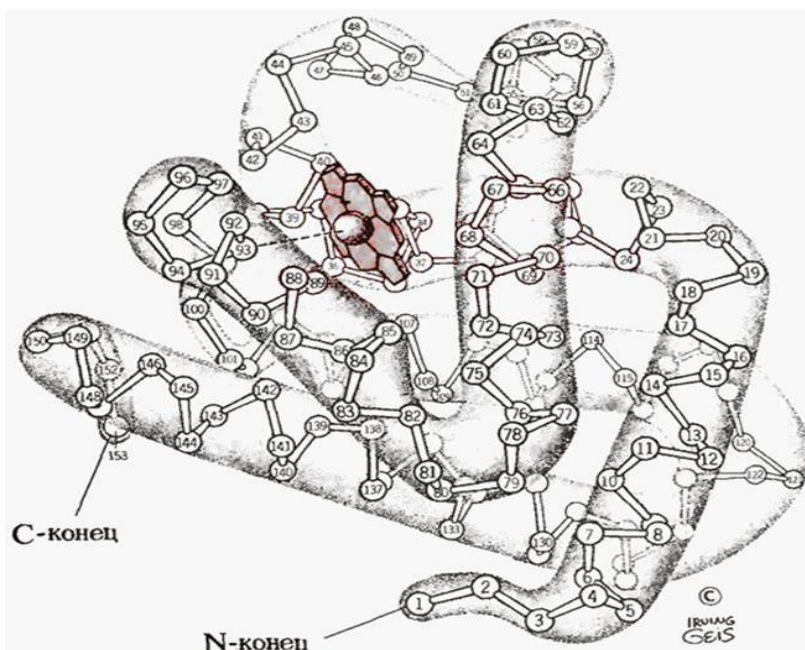


10-rasm. Kollagen molekulasining spiral tuzilishi

Oqsillarning uchlamchi strukturasi – polipeptid zanjirining fazoviy tuzilishi bilan belgilanadi. Bu strukturaning barqaror bo‘lishida vodorod bog‘lardan tashqari kovalent va ion bog‘lar, gidrofob o‘zaro ta’sirlar ham ishtirok etadi. Oqsillarning uchlamchi strukturasi - spiral ko‘rinishidagi polipeptid zanjirining fazoda globulyar (sharsimon) yoki fibrillyar (ipsimon) struktura hosil qilishi bilan belgilanadi. Oqsillarning uchlamchi strukturasi deganda ma’lum hajmda polipeptid spiralining fazoviy oriyentatsiyasini yoki polipeptid zanjirining joylashish (ukladka) usulini tushunish kerak. Birlamchi struktura ham, polipeptid zanjirlarining turlari ham, spiral va chiziqli uchastkalarining o‘zaro nisbati ham molekulaning fazoviy tuzilishi haqida, “hajmi” haqida tasavvur bera olmaydi. Shuning uchun tadqiqotchi oldida har doim oqsilning uchlamchi (uch o‘lchovli) yoki fazoviy konfiguratsiyasini aniqlash vazifasi turadi. Bu vazifalarni yechishda yuqori samarali rentgenostruktura analizi asosiy rolni o‘ynagan. Bu usul oqsillar kimyosidagi 2 ta asosiy muammoning yechimini beradi: polipeptid zanjiridagi aminokislotalar qoldiqlarining ketma-ketligidagi qonuniyatlar va oqsil molekulasi qonuniyatli konfiguratsiyasi. Organik moddalarda atomlar orasidagi masofa 0,1-0,2 nm ni tashkil etadi, zamonaviy analizatorlarning hal qilish qobiliyati esa 0,2 nm ga teng. Shuning uchun, har bir atomning o‘rnini aniq aytish mumkin emas, lekin, atomlarning alohida guruhlarining o‘rnini aniqlasa bo‘ladi, ayniqsa oqsil molekulasi tarkibiga og‘ir metallarning atomlari kiritilganda. Globulyar oqsillarning uchlamchi strukturasi o‘rganishdagi dastlabki muvaffaqiyatlar 50-yillarda Djon Kendryu (Angliya) tarafidan miogloblin oqsilining tuzilishini rentgenstrukturaviy tadqiq etish natijasida olingan, (11-rasm). Uchlamchi struktura polipeptid zanjirining tartibli va amorf sohalarining joylashishini xarakterlaydi, ya’ni oqsil molekulasi fazoviy joylashishi - konformatsiyasini tasvirlab beradi, agar u 1 ta polipeptid zanjiridan iborat bo‘lsa.

Globulyar oqsillar polipeptid zanjirining kompakt ukadkasi bilan xarakterlanadi. Bunda aminokislota qoldiqlarining suvga moyilligi bo‘lmagan qutbsiz radikallari asosan globula ichida joylashadi va oqsil globulasining markazida bir yoki bir nechta gidrofob sohalarini (yadrolarni) shakllantiradi. Ko‘pchilik qutbli

radikallar globula yuzasida gidratlangan holda joylashadi va suvli atrofga burilgan boʻladi.

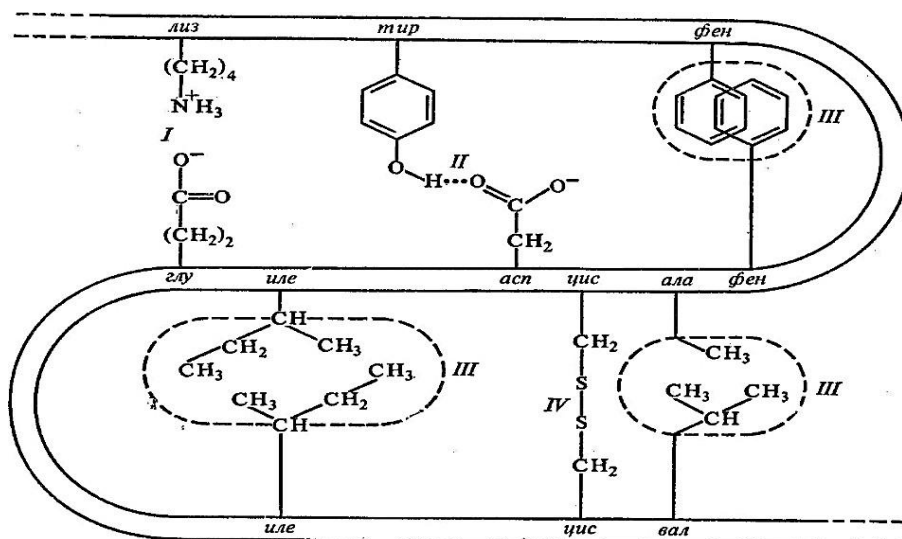


11-rasm. Mioglobin molekulasi uchlamchi strukturasining modeli (Dj. Kendryu)

Globula yuzasida kam miqdorda qutbsiz radikallar ham joylasha oladi, va ular toʻplanib gidrofob klasterlarni yoki “yopishqoq” zonalarini hosil qiladi. Shunday qilib, oqsil globulasining yuzasi mozaikasimon – asosan gidrofil, ammo, qutbsiz sohalarga ham egadir. Oqsillarning uchlamchi strukturasini quyidagi tur bogʻlar barqarorlashtiradi, (12-rasm):

1. Kovalent bogʻlar (disulfid bogʻlar)
2. Kovalent boʻlmagan bogʻlar
 - a) gidrofob bogʻlar
 - b) vodorod bogʻlar
 - v) ion bogʻlar

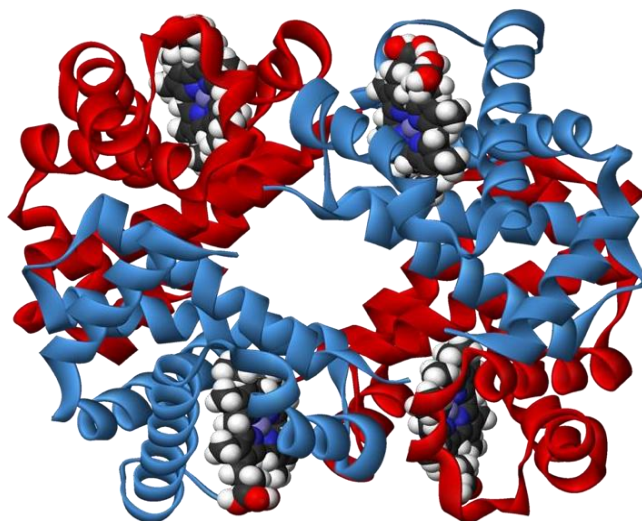
Oqsillarning nativ (tabiiy) konformatsiyasi energetik jihatdan foydali holatdir. Uchlamchi struktura birlamchi struktura bilan belgilanadi, va demak, genetik jihatdan ham belgilangan deb xulosa qilsa boʻladi.



barqarorlashtiruvchi bog‘lar:

I – ionli bog‘, II - vodorod bog‘, III- gidrofob bog‘lar, IV- disulfid bog‘lar

Oqsillarning to‘rtlamchi strukturasi – bir nechta polipeptid zanjirlarining bir-biriga nisbatan o‘zaro joylashishi bilan belgilanadi. To‘rtlamchi struktura ikki yoki undan ortiq, bir-biridan mustaqil ravishda sintezlangan polipeptid zanjirlarining o‘zaro oriyentatsiyasini tasvirlaydi. To‘rtlamchi strukturaga ega bo‘lgan oqsillar – oligomerlar deb ataladi, ularni tashkil etuvchi polipeptid zanjirlari esa protomerlar yoki subbirliklar deyiladi. Subbirliklar bir xil yoki har xil bo‘lishi mumkin. Ularni harflar bilan belgilash qabul qilingan, ko‘pincha oligomerlar tarkibiga juft sondagi subbirliklar kiradi. To‘rtlamchi struktura uni tashkil etuvchi subbirliklarning birlamchi, ikkilamchi va uchlamchi strukturalariga bog‘liq. To‘rtlamchi strukturaning shakllanishi fermentlar ishtirokisiz mustaqil o‘z -o‘zini yig‘ish (samosborka) tipida amalga oshadi. *To‘rtlamchi struktura subbirliklar yuzasida joylashgan gidrofob, “yopishqoq” zonalar borligi tufayli, asosan gidrofob bog‘lar yordamida barqarorlashgan bo‘ladi. To‘rtlamchi strukturali oqsillarga gemoglobin (4 ta subbirlik), immunoglobulinlar (4 ta subbirlik – 2 ta og‘ir va 2 ta yengil), miozin (6 ta subbirlik – 2 ta og‘ir, 4 ta yengil) kabilar kiradi. To‘rtlamchi strukturali fermentlar alohida regulyator funksiyani bajaradilar.*



13-rasm. Gemoglobin molekulasining modeli

Hujayra tarkibida ko‘p sonli turli oligomer oqsillarning mavjudligi undagi osmotik bosimni va qovushqoqlikni pasaytiradi. Oligomer oqsillar turli effektorlar tarafidan yaxshi boshqariladi. Oqsillarning oligomer tuzilishining biologik mazmuni ularni kodlashda genetik materialning kamroq sarf bo‘lishi bilan ham bog‘liq, agar ulardagi ba’zi subbirliliklar bir xil bo‘lsa. Oligomer oqsillarda defektli molekulalarning hosil bo‘lish ehtimoli ham kamroqdir. To‘rtlamchi strukturaga ega bo‘lgan oqsillardan eng ko‘p o‘rganilgani – gemoglobin (13-rasm). Gemoglobin 2 ta α -subbirlilik (141 ta aminokislota qoldig‘i) va 2 ta β -subbirlilikdan (146 ta aminokislota qoldig‘i) iborat. Har bir subbirlilik o‘zida temir saqlagan gem molekulasi bilan bog‘langan.

Nuklein kislotalar tuzilishi va biokimyoviy xususiyatlari

Har bir tirik organizmda nuklein kislotalarning har ikki turi-ribonukleinkislota (RNK) va dezoksiribonuklein kislota (DNK) mavjud. Faqat viruslar bularning bir turini, yo DNK, yoki RNK ni tutadi. Nuklein kislotalar oqsillar bilan birga hayotning moddiy asosini tashkil qiladi. Ular bir-biri bilan har tomonlama uzviy bog‘liq, ammo ularning hujayradagi o‘rni va funksiyasi tubdan farq qiladi: oqsillar asosan qurilish va hujayraning ishchi organlari materiali, nuklein kislota esa informatsion material, u organizmning tuzilishi, o‘sishi, rivojlanishiga

tegishli axborotning saqlanishi, takrorlanishi, almashinuvi va nasldan-naslga o'tishini ta'minlaydi.

Uzoq ajdodlardan milliard yillar davomida uzilmay kelgan axborot biopolimerlar bu ikki turining o'zaro kelishib ishlashi jarayonida amalga oshadi. Hayotning ma'nosi ham naslning saqlash, o'z-o'zini takrorlash bo'lsa, bu jarayon nuklein kislotada nukleotidlarning birin-ketin kelishi tartibi shaklida ximiyaviy tilda yozilgan axborotni oqsil molekulasida aminokislotalar tartibiga o'tkazishda amalga oshiriladi. Demak, nuklein kislotadagi ramziy buyruq organizmning real oqsillarida ifodalanadi. Oqsil esa har qanday hujayraning morfologiyasini ham, funksiyasini ham belgilaydi. Demak, nuklein kislotalarning biologik roli cheksiz buyukdir. Barcha nuklein kislotalar yuksak molekulyar birikmadir. Ular eng kichik vakillarining molekulyar massasi 25 ming atrofida bo'lsa, eng kattalariniki 1 mlrd. ga yetadi. DNK molekulalari hujayradagi eng katta molekulalar qatoriga kiradi.

Nukleotidlar-nuklein kislotalarning stuktura elementlari. RNK ham, DNK ham nukleotidlar deb ataladigan monomerlardan tuzilgan, shuning uchun nuklein kislotalar polinukleotidlar deyiladi. Har bir mononukleotid bir-biridan farq qiladigan uchta ximiyaviy komponentdan: anorganik fosfat, monosaxarid riboza yoki dezoksiriboza va azot asosi: purin yoki pirimidin asosidan tashqari topgan.

DNK va RNK molekulalari tarkibiga kiradigan monosaxarid va azot asoslari birmuncha farq qiladi. DNK tarkibidagi monosaxarid dezoksiriboza bo'lganidan uning mononukleotidlar ham dezoksiriboza mononukleotidlar, DNK ning o'zi dezoksiriboza-polinukleotid; RNK esa ribozomononukleotidlardan tashkil topgan ribozopolinukleotidlar. Azot asoslarida farqi pirimidin asoslariga oid bo'lib, RNK tarkibiga uratsil, DNK tarkibiga esa timin kiradi. Bu farqlar quyidagi jadvalda ko'rsatilgan.

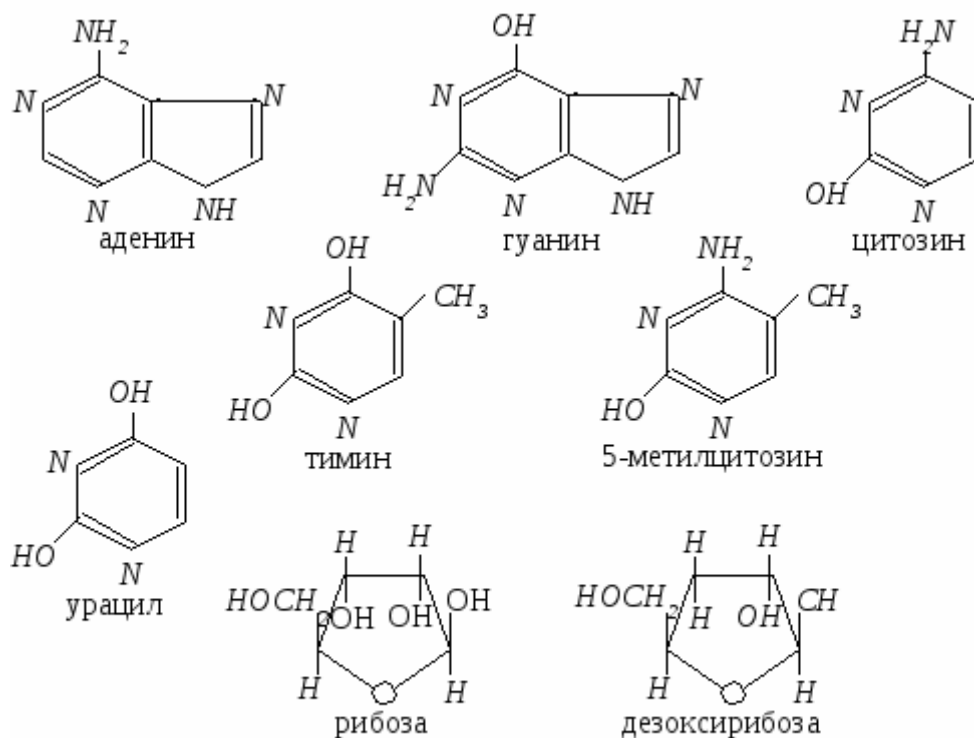
Nuklein kislotalarning tarkibi

Komponentlar	RNK	DNK
Fosfat kislota	Fosfat kislota	Fosfat kislota
Uglevod-monosaxarid: Pentoza Azot asoslari : Purin asoslari Pirimidin asoslari	Riboza Adenin, Guanin Uratsil,Sitozin	Dezoksiriboza Adenin, Guanin Sitozin, Timin

Quyida bu komponentlar va ularning birikishida hosil bo‘ladigan nukleotidlar bilan tanishamiz.

Riboza va dezoksiriboza. Bu ikkala monosaxarid ham beshta uglerod atomi tutadigan pentozalar bo‘lib, aldopentozalar qatoriga kiradi va furanoza strukturasiga ega. Ular orasidagi farq faqat ikkinchi uglerod atomiga tegishli. Ribozada 2-uglerod ON bilan bog‘langan, dezoksiriboza ON guupa o‘rnida N atomi turadi, ya’ni 2-uglerod O atomidan mahrum, shuning uchun ham uning nomiga “dezoksi” prefiksi qo‘shilgan. Ko‘pincha bu strukturalar yozilganda uglerod atomlari halqada ko‘rsatilmaydi.

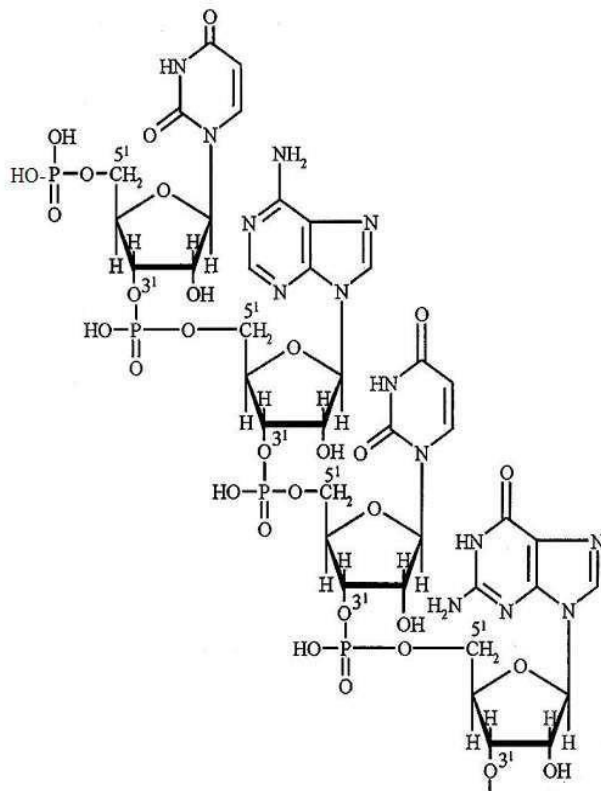
Azot asoslari-purinlar va pirimidinlar. RNK va DNK tarkibiga kiradigan azot asoslari-purinlar-adenin (A) va guanin (G,G) va pirimidinlar-sitozin (S,S), Timin (T) va uratsil (U,U) dir. Ular uchun keto-yenol tautomeriya ma’lum. Asosiy azot asoslaridan tashqari, nuklein kislotalar tarkibida kam miqdorda bir nechta siyrak minor asoslar ham uchraydi. Ular qatorida DNK tarkibida topilgan 5-metilsitozin, 6-metiladenin, 5- gidroksimetitsitozin, transport RNK da topilgan tiouratsil, degidrouratsil, nukleotid, psevdouridinlar kiradi.



Фосфат группа. Нуклеотидлар таркибида ортофосфат кирди. U молекулда бitta (mono-), ikkita (di-) uchta (tri-) bo'lishi mumkin.

Нуклеин кислоталарининг тuzилиш darajalari. DNK va RNK ning birlamchi strukturasi 3' 5'- fosfodiefir bog'lari bilan bog'langan mononukleotidlarning to'g'ri chiziqli polinukleotid zanjiridan iborat. DNK va RNK birlamchi strukturasi tuzilish negizi bir xil: mononukleotid zanjiridagi pentozaning 3'- gidroksil guruhi ikkinchi mononukleotiddagi pentozasining 5'-gidroksil guruhi bilan kovalent bog' orqali bog'langan. Shu sababdan 3' 5'-difosfodiefirli bog'lar deb ataladi. DNK va RNK ning to'g'ri chiziqlari zanjirining uzunligi ular tarkibidagi mononukleotidlar soniga bog'liq va ikkita oxiriga ega: ulardan birinchisi 3'-oxiri, ikkinchisi esa 5'-oxiri. Hujayra nukleин kislotalari zanjirining yig'ilishida 5'-trifosfatlar boshlang'ich material bo'lganligi sababli zanjirning 5'-oxiri tomoni trifosfat, 3'- oxiri tomoni esa erkin gidroksil guruhi tutadi, ya'ni ular $5' \rightarrow 3'$ va $3' \rightarrow 5'$ yo'nalishga ega. Nukleин kislotalar zanjiri qutblidir. DNK ning genetik —matn|| nukleotid tripletlari yordamida tuzilgan kodli —so'zlardan iborat bo'lib, kodogenlar deb ataladi. Barcha turdari RNK ning birlamchi strukturasi to'g'risida ma'lumot saqlovchi DNK

qismlariga strukturali genlar deyiladi. Nuklein kislotalarning birlamchi strukturasi ularning yuqori darajadagi tuzilishini, ya'ni ikkilamchi va uchlamchi strukturalarini belgilaydi.



14-rasm. Ribonuklein kislotaning birlamchi strukturasi.

DNK ning ikkilamchi strukturasi. DNK molekulasi nukleotidlar tarkibi tuzilishida, ularning ajratib olingan manbasidan qat'iy nazar, muhim umumiy qonuniyatlar bor. Bu qonuniyatlarni kashf etgan olim nomi bilan Chargaff qoidalar deb ataladi va ular quyidagilardan iborat:

1. Purin nukleotidlari yig'indisi (A+G) soni pirimidin nukleotidlari yig'indisiga (S+T) teng, ya'ni purinlarni pirimidinlarga nisbati birga teng:

$$A+G/S+T = 1.$$

2. Adenin qoldiqlarining soni timin qoldiqlari soniga teng, ya'ni adeninning timinga nisbati birga teng

$$(A = T \text{ yoki } A/T = 1).$$

3. Guanin qoldiqlarining soni sitozin qoldiqlarining soniga teng

$$(G = S \text{ yoki } G/S = 1).$$

4. DNK tarkibidagi 6 ta aminoguruhlar soni 6 ta ketoguruhlar soniga teng:

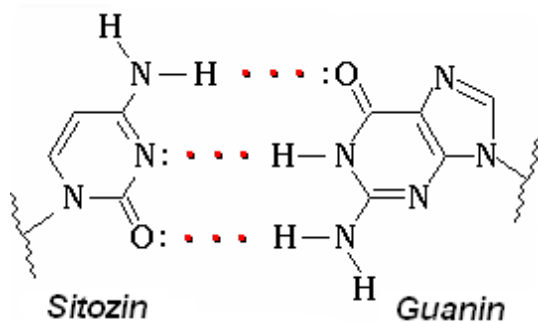
$$G + T = A + S.$$

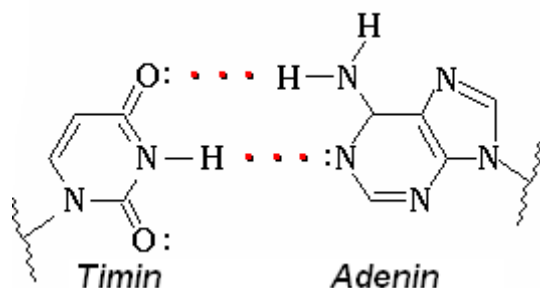
5. Faqat A + T va G + S yig'indilari o'zgaruvchan.

Agar $A + T > G + S$ bo'lsa, bu AT-turdagi DNK;

agar $G + S > A + T$ bo'lsa, bu GS - turdagi DNK bo'ladi.

Bu qoidadan DNK tuzilishi uchun purin va pirimidin asoslarining qat'iy tartibda mos kelishi (juftlashishi) emas, balki umuman timinning adenin bilan sitoziinning guanin bilan mos kelishi nazarda tutilgan. Nukleotidlarning molekulyar massasi 330 ga, qo'sh nukleotidlarniki esa 660 ga teng. 1953-yilda Uotson va Krik DNK ni qo'sh spiral nomini olgan ikkilamchi strukturasi modelini kashf etdilar. Uotson va Krik modeliga binoan, DNK faraz etiladigan o'q atrofida bir-biriga o'ralgan komplementar, ya'ni bir-biriga mos keladigan, ammo bir xil bo'lmagan burama shakldagi ikkita zanjirdan tuzilgan. Bu ikki burama polinukleotid uglevod - fosfat zanjirini hosil qilib, ularga spiral ichida azot asoslari tortilgandir. Ikki zanjir orasidagi azot asoslari vodorod bog'lari orqali ushlab turiladi. Zanjirlar bir-biriga mos kelishi uchun birinchisining purin asosi qarshisida ikkinchisining pirimidin asosi bo'lishi shart. Adenin bilan timin o'rtasida ikkita, guanin bilan sitozin o'rtasida esa uchta vodorod bog'lari bor. Vodorod bog'lari faqat adenin bilan timin va guanin bilan sitozin orasida bo'lganligi, uchun bir zanjirdagi asoslar tarkibi ikkinchi zanjirdagi asoslar tartibini, birin-ketin kelishini belgilaydi. Asoslarning bunday mos kelishiga komplementarlik deyiladi.





15-rasm.DNK qo'sh spiralining sxematik ko'rinishi

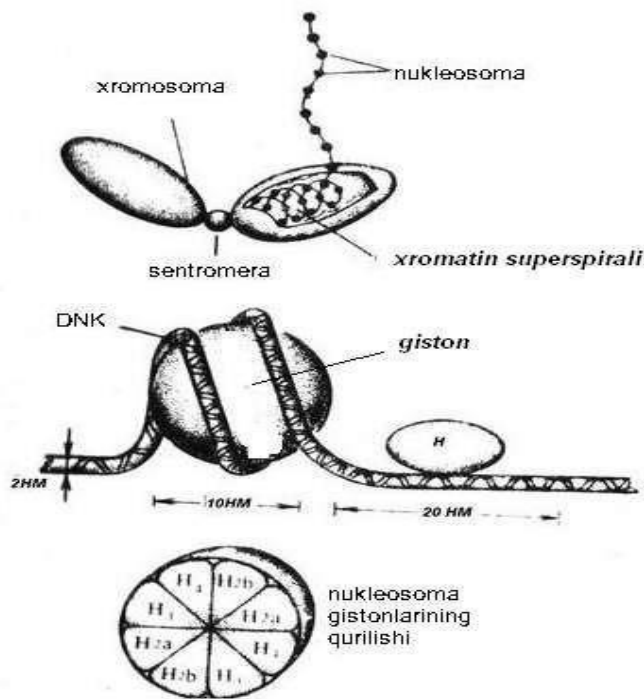
Qo'shni azot asoslari orasidagi o'zak uzunasiga 0,34 nm ga teng va ularning biri ikkinchisiga nisbatan 36° ga buralgan. Binobarin, bitta to'la spiral 10 ta qo'sh asosni, ya'ni 10 ta nukleotidni o'z ichiga oladi va 3,4 nm uzunlikda bo'ladi. Spiralning diametri 2 nm ga teng. Ikki zanjir bir-biriga antiparallel, chunki dezoksiribozalar orasida fosfatdiyefir bog'lari bir zanjirda $5' \rightarrow 3'$ yo'nalishda, ikkinchisida esa $3' \rightarrow 5'$ yo'nalishda o'qiladi. DNK molekulasining boshqa (A va S) shakllari ham kashf etilgan. Ular Uotson va Krik taklif qilgan shakl – strukturadan spiraldagi qo'sh asoslarni faraz etiladigan o'qqa egilish burchagi va ularning soni tomonidan bir oz farqlanadilar. Lekin bunday DNK larning miqdori va bajaradigan funksiyasi bo'yicha hissa katta emas. Ba'zi virus DNK lari yakka zanjirli tuzilishga ega. Yakka va qo'sh zanjirli DNK molekulalari ikki oxiri ulangan halqa shaklida ham bo'ladilar. DNK ning bunday xillari asosan bakteriyalarda va mitoxondriyalarda uchraydi.

DNK ning uchlamchi strukturasi qo'sh spiralli molekulaning qo'shimcha buralishi natijasida hosil bo'ladi. U superspiral yoki egilgan qo'sh spiral ko'rinishiga ega.

Xromosomada DNK ning struktura tuzilishi (nukleosomalar). Yuksak rivojlangan organizmlarda DNK xromosomalarda joylashgan. Xromosomalar shakli murakkab struktura tuzilishiga ega. Har bir xromosomada xromatin asosini tashkil etadigan bitta gigant DNK molekulasini joylashgan, uning molekulyar og'irligi taxminan 10^{11} , uzunligi bir necha sm atrofida.

Xromatin tuzilishi bo'yicha molekuladan yuqori strukturaga ega bo'lib, tarkibida qo'sh zanjirli DNK molekulasi, oqsil, kam miqdorda RNK va anorganik moddalardan tashkil etilgan murakkab kompleks bor. Xromatin komponentlari nisbati foizlarda quyidagicha: DNK 30-45, gistonlar 30-50, giston bo'lmagan oqsillar 4-33 va RNK 1,5-10.

Xromatin tarkibiga zich taxlangan DNK joylashgan bo'lib, asosiy qismi faol emas. Turli hujayralarda faol xromatin 2-11 % ni tashkil etadi. Bosh miya hujayralarida uning miqdori ko'proq – 10-11%, jigarda – 3-4 %; buyrakda – 2-3%. Elektron mikroskopda xromatin munchoq shaklida ko'rinadi: uning sharsimon kengaygan qismlari 10 nm atrofida, bir-biridan ipsimon qismlari bilan ajralgan. Kengaygan sharsimon bo'lagi nukleosomalar deb ataladi. Har bir nukleosoma qo'sh spiralli DNK parchasidan iborat bo'lib, uzunligi 140 juft nukleotid va 8 molekula giston (N2a, N2b, N3, N4) ga teng. Har bir nukleosomada 4 turdagi gistonlarning har biridan ikki molekulasi joylashgan. Qo'sh spiralning ipsimon qismlari 30-60 juft asosdan iborat. Turli xil hujayralarga uning bog'langan N1 gistonini uzunligi har xil. Odam DNK molekulasining uzunligi taxminan 3-5 sm atrofida. Xromosomaning uzunligi atigi bir necha nanometr. Demak, xromosomada DNK zichlashib qisqargan holatda joylashgan. Nukleosomada DNK ning taxlanish darajasi beshga teng, ya'ni uning uzunligi 5-martaga qisqargan. DNK miqdorini taxminan 90 % i nukleosoma tarkibiga, qolgani qismi esa ipsimon qismiga to'g'ri keladi. Nukleosomalar xromatinning —tinchl turgan holatdagi ko'rinishi, ipsimon qismi esa – faol xromatin bo'lagidir.



16– rasm. Xromosoma xromatinidagi DNK ning strukturasi

Nukleosomalar yoyilishi va to‘g‘ri shaklga o‘tishi mumkin. Yoyilgan nukleosomalar faol xromatinga aylanib, funksiyani strukturaga bog‘liqligini bildiradi. Globulyar nukleosomalar tarkibida xromatin qancha ko‘p bo‘lsa, u shunchalik faollashmagan bo‘ladi. RNK ning ikkilamchi va uchlamchi strukturalari. RNK bir zanjirli molekula, shu sababli uning ikkilamchi va uchlamchi strukturalari doimiy emas. RNK ning hamma turlari DNK ning bir zanjirli nusxasiga o‘xshash. Tarkibida palindromlar saqlagan qismlaridan nusxa ko‘chirilganda RNK molekulalarida shpilkalar(to‘g‘nog‘ich) hosil bo‘lishi aniqlangan. mRNK hujayrada biokimyogar G.P.Georgiyev tomonidan kashf etilgan, o‘tmishdoshi – pre-mRNK dan hosil bo‘ladi. mRNK ning kodli elementi nukleotidlar tripletlari yoki kodon deb aytiladi. Har bir kodon ma‘lum bir aminokislotaga mos keladi. mRNK ning ikkilamchi strukturasi egilgan zanjir shaklida, uchlamchi strukturasi esa g‘altakka o‘ralgan ip sko‘rinishida bo‘lib, bunda transport oqsili – informofer alohida o‘rin tutadi.

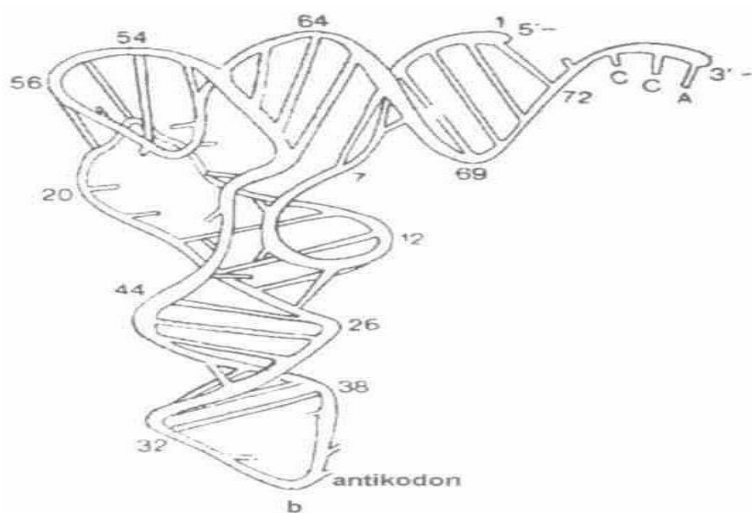
deb taxmin qilinadi. Uning strukturasida pentoza N-C emas, balki C-C bog‘lar orqali birikkan.

4. Digidrouridinli yoki D-halqa odatda 8-12 ta nukleotiddan tashkil topgan bo‘lib, ularning orasida digidrouridinning bir nechta qoldiqlari bor. Aminokislota o‘zining transport RNK sini tanishida aminoatsil – tRNK – sintetaza bilan bog‘lanishida D-halqa ishtiroki zarur deb hisoblanadi.

5. Qo‘shimcha halqa o‘lchami va nukleotidlar tarkibi bo‘yicha turli xil tRNKlarda turlicha bo‘ladi.

tRNK ning uchlamchi strukturasida beda bargi shaklida emas, balki bukilib buralgan shaklda bo‘lib, bunda beda bargining halqali yaproqchalari qo‘shimcha van-der-vaals bog‘lari orqali bog‘langan holda o‘ralgan bo‘ladi.

rRNK ni ikkilamchi strukturasida egilgan zanjir birikishidan hosil bo‘lgan spiralli uchastkalar ko‘rinishiga ega. rRNK ning uchlamchi strukturasida ribosoma skeletsimon tayoqcha yoki kalava shakliga ega. Uning ichki tomoniga ribosoma oqsillari tegib turadi.



18 – rasm. t RNK ning uchlamchi strukturasida

Uglevodlar tuzilishi va biokimyoviy xususiyatlari

Uglevodlar — o‘simlik va hayvon organizmlari tarkibiga kiradigan, uglerod, vodorod va kisloroddan tashkil topgan birikmalar gruppasidir. Uglevodlar va ularning turli xil unumlari, ayniqsa o‘simliklarda ko‘p miqdorda uchraydilar.

Usimliklarning turli kislmlari kuruk moddasining 70—80 % ini tashkil kilib, o'simliklar hayotida muhim rol o'ynaydilar. Odam va xayvonlar organizmida uglevodlar mikdori 2 % ga xam yetmaydi, lekin ular ovkat bilan ko'p mikdorda kabul kilinib, doimo katta mikyosda almashinib turadilar.

Uglevodlar tabiatda keng tarqalgan organik moddalar bo'lib, o'simliklar tanasining quruq og'irligini 70-80% ini, inson va hayvonlar organizmining taxminan 2% ini tashkil etadi. Uglevodlar inson organizmida miqdoran juda oz bo'lsa ham, katta ahamiyatli funksiyalarni bajaradi:

ENERGETIK FUNKSIYASI – uglevodlar inson organizmi uchun asosiy energetik modda, chunki organizmning normal rivojlanishi uchun talab etiladigan energiyaning taxminan 60% uglevodlarning organizmda parchalanishdan hosil bo'ladi. Miya faoliyati uchun esa asosiy energiya manbai glyukoza hisoblanadi.

PLASTIK FUNKSIYASI – uglevodlar hujayra membranasi, nuklein kislotalar, kofermentlar, murakkab oqsillar, biriktiruvchi to'qima va boshqalar tarkibiga kiradi.

HIMOYA FUNKSIYASI – uglevodlarga boy so'lak va boshqa shilliq sekretlar qizilo'ngach, oshqozon, ichak, bronxlarning ichki devorlarining turli mexanik shikastlanishlaridan; patogen bakteriyalar va viruslar kirishidan asraydi.

BOSHQARUV FUNKSIYASI – ovqat tarkibidagi murakkab uglevodlarga mansub kletchatka ichaklarni mexanik ta'sirlantiradi va peristaltikani kuchaytiradi. Shuning uchun ich qotish kuzatilganda tarkibida kletchatkasi ko'p bo'lgan qora non iste'mol qilish tavsiya etiladi.

SPESIFIKLIK FUNKSIYASI – uglevodlarning ayrim vakillari qon gruppalarining spetsifikligini ta'minlash: antitelalarning hosil bo'lishi; nerv impulslarini o'tkazish kabi muhim jarayonlarda qatnashadi.

ZAXIRA OZIQ MODDALIK FUNKSIYASI – kraxmal (o'simliklarda) va glikogen (hayvon va inson organizmida) zahira oziq moddalarga kiradi. Ulardan glikogen jigar va muskul to'qimasida to'planib, lozim bo'lganda sarflanadi. Glikogen glyukozaning vaqtinchalik deposidir.

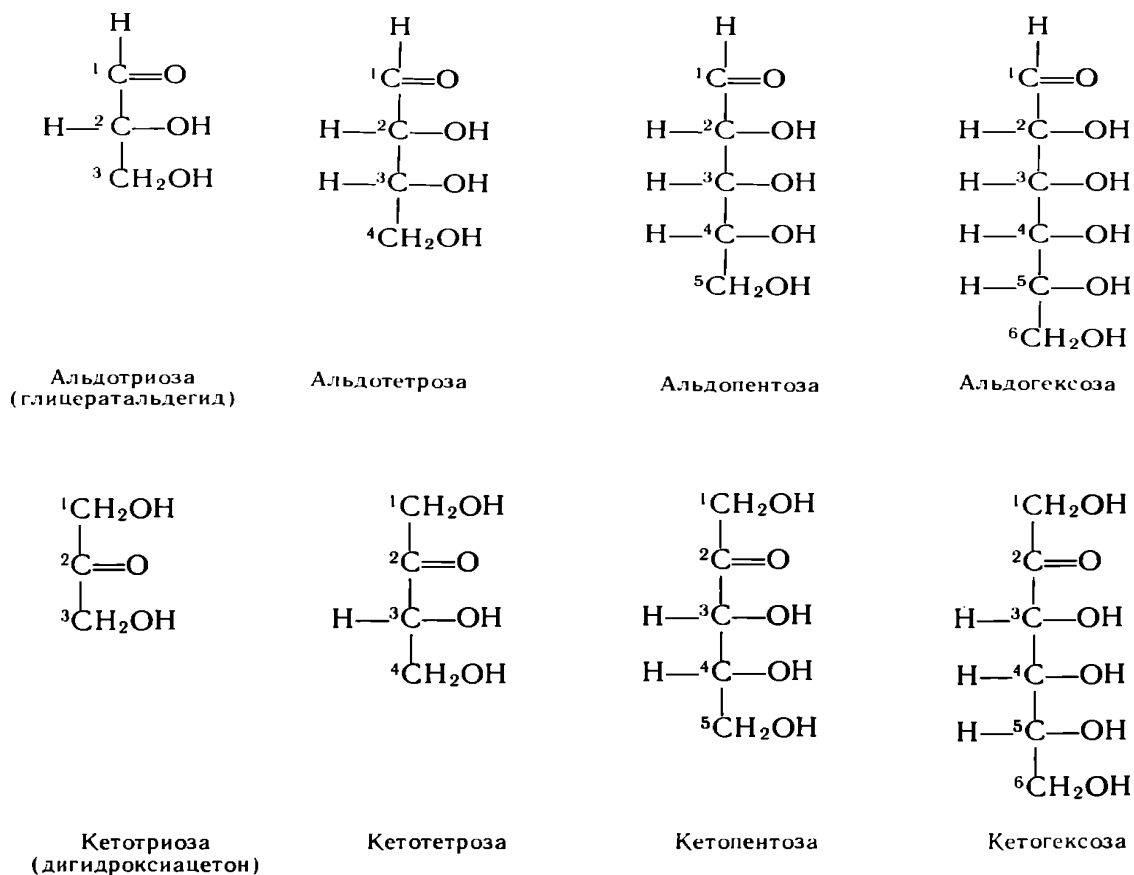
Uglevodlar tuzilishiga ko'ra 3 guruhga bo'linadi:

- a) monosaxaridlar;
- b) disaxaridlar (hamda oligosaxaridlar);
- c) polisaxaridlar

Tarkibidagi uglerod atomlarining soniga karab, t r i o z a $S_3N_6O_3$ (masalan, glitserataldegid), t y e t r o z a $S_4N_8O_4$ (masalan, eritroza), p y e n t o z a $S_5N_{10}O_5$ (masalan, riboza, dezoksiriboza), geksoza $S_6N_{12}O_6$ (masalan, glyukoza, fruktoza), g y e p t o z a $S_7N_{14}O_7$ (masalan, sedogeptuloza) gruppalariga bo‘linadi.

Monosaxaridlar orasida geksozalar biologik jixatdan eng katta ahamiyatga ega. Ular katorida uglevodlar metabolizmining asosiy vakili g lyuk o z a d i r . Uglerod atomlarining sonidan kat’i nazar, barcha monosaxaridlarni aldozalar yoki ketozalar gruppasiga kiritish mumkin.

Aldozalar funksional aldegid gruppasi $\text{—}\overset{\text{O}}{\underset{\text{||}}{\text{C}}}\text{—H}$, ketozalar keton gruppasi $\text{S}=\text{O}$ tutadilar. Eng sodda monosaxarid — triozalarning vakillari glitserat — aldegid — aldosa, digidroksiatseton — ketozadir.

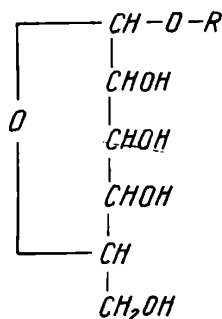


Oligosaxaridlar deb tarkibida ikkitadan o‘ntagacha bo‘lgan monosaxaridlarni glikozid bog‘lari bilan bog‘langan uglevodlarga aytiladi. Miqdor jihatidan keng tarqalgan oligosaxaridlarga misol qilib sut tarkibidagi laktozani, o‘simliklarda keng tarqalgan saxarozani, kraxmalning qisman gidrolik mahsuloti – maltozani, zamburug‘larda uchraydigan tregalozani ko‘rsatish mumkin. O‘simlik mahsuloti hisoblangan ikki molekula monosaxaridlardan tuzilgan disaxarid saxaroza – lavlagi yoki shakar qamish qandi – glyukoza va fruktoza molekulasidan tashkil topgan.

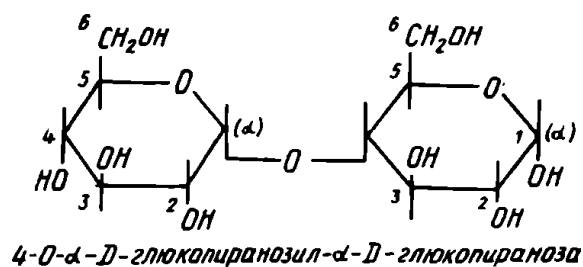
Disaxaridlar ikkita monosaxarid molekulasidan bir molekula suv ajralib chikishi natijasida xosil bo‘ladi. Ular monosaxaridlarning angidridi deb karalishi mumkin. Biologik nuqtai nazardan ahamiyatli bo‘lgan disaxaridlar ikkita geksoza koldig‘idan iborat:



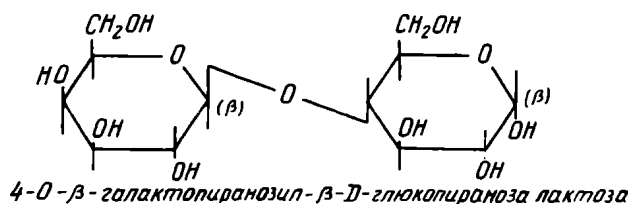
Tuzilishiga ko‘ra, disaxaridlar glikozid xarakteriga ega, fakat ularning tarkibida glikozid gidroksilning vodorod atomi o‘rniga joylashgan radikal R xam monosaxarid koldigidir:



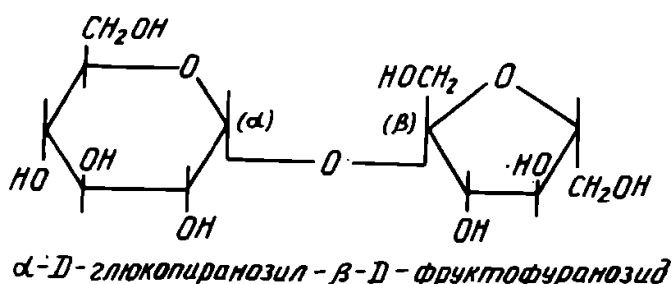
Maltoza – ikki molekula – α va D–glyukozalardan tashkil topib, glikogen hamda kraxmalning asosiy qurilish birligi.



Laktoza – tarkibida glyukoza va galaktoza tutgan sut uglevodi. Laktoza –D–galaktoza va D–glyukozadan iborat –β–galaktopiranozil-(14)- glyukopiranozadir.

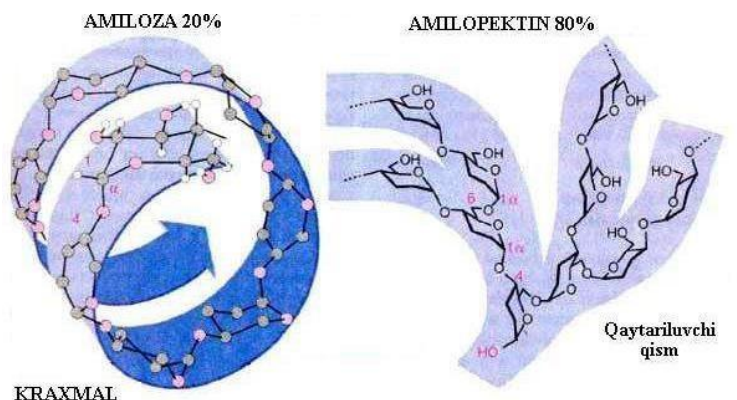


Saxaroza – lavlagi yoki shakar qamish qandi – oziqa mahsulotlarining muhim komponenti, D-glyukoza va D-fruktoza molekulasi qoldig‘idan tashkil topgan o‘simlik mahsuloti – α-glyukopiranozil – (1→2)- β-fruktofuranozid.



Polisaxaridlarning xili juda ko‘p bo‘lib, ularning ko‘pchiligi monosaxarid koldiklaridan tashkil topgandir. Polisaxaridlarning vakillari bir-biridan tuzilishi bilan farqlanadi. Avvalo, ular tarkibiga kiradigan monomerlar bir xil bo‘lish-bo‘lmashligiga karab ikki sinfga bo‘linishi mumkin. Ularning birinchi sinfi gomopolisaxaridlar deb atalib, tarkibidagi barcha koldiklar (monomerlar) identik, to‘la bir xil bo‘ladi. Ikkinchi sinf — geteropolisaxaridlar turli koldiklardan tashkil topganlar. Masalan, kraxmal – gomopolisaxarid, (tarkibida faqatgina D-glyukoza bor); gialuron kislotasi – geteropolisaxarid, tarkibiga birin – ketin joylashgan D- glyukuron kislotasi va N-atsetil-D-glyukozamin kiradi. Tuzilishiga ko‘ra polisaxaridlar to‘g‘ri chiziqli va shoxlangan zanjirlarga bo‘linadi.

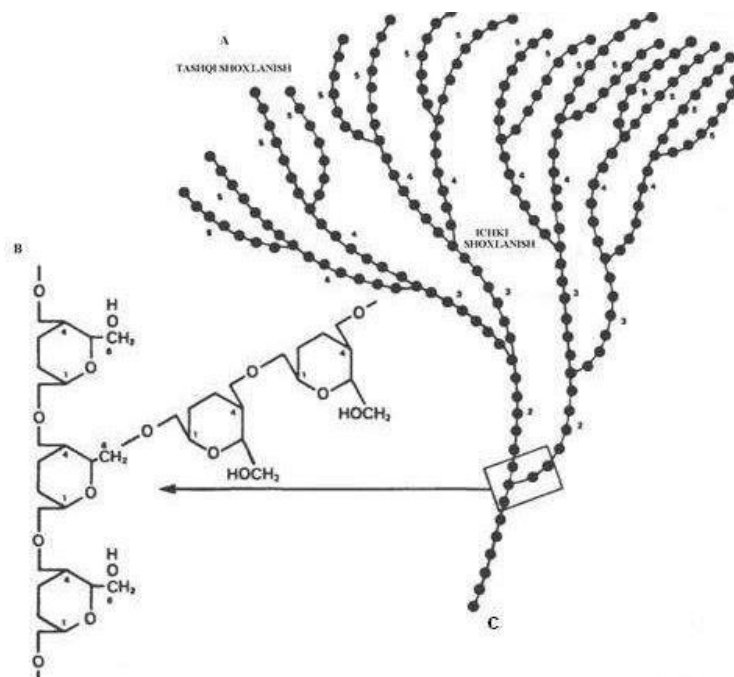
Kraxmal – kimyoviy qurilishi bo‘yicha 10 – 20% amilozadan, 80 – 90% tarmoqlangan amilopektindan iborat.



Amilozada glyukoza qoldiqlari tarmoqlangan zanjir ko‘rinishida bo‘lib, birinchi glyukoza molekulasidagi uglerod atomi ikkinchi molekulaning to‘rtinchi uglerod atomi orasidagi kislorod ko‘prigi orqali ($1 \rightarrow 4$ bog‘) bog‘langan. Amiloza tarkibida 60 dan to 3000 tagacha glyukoza qoldiqlari borligi aniqlangan. Amilopektin glyukozaning $1 \rightarrow 6$ tipdagi tarmoqlangan zanjiridan iborat. Ikkita glyukoza molekulasi birinchisini C-1 ikkinchisini C-6 orasida $1 \rightarrow 6$ tipdagi kislorod ko‘prigi yordamida birikkan.

Glikogen – odam va hayvon organizmining asosiy zahira uglevodi. Glikogen qurilishiga ko‘ra kuchli tarmoqlangan amilopektinni eslatadi, taxminan 30-40 mingta glyukoza qoldiqlaridan tashkil topgan. Katta miqdorda jigar, mushak, yurak to‘qimalarida to‘planadi. Hayvon kraxmali hisoblangan glikogen shoxlangan ko‘rinishga ega, molekulasida glyukozalar o‘zaro $1 \rightarrow 4$ va $1 \rightarrow 6$ glikozid bo‘lari yordamida bog‘langan.

Glikogen tarmoqlangan glyukoza qoldiqlaridan iborat (poliglyukozalar) polimerdir. Glikogendagi shoxlanish nuqtasi $1 \rightarrow 6$ bog‘lar hisobiga taxminan 8 –10 qoldiqlardan so‘ng $1 \rightarrow 4$ zanjirlar yaqinida kuzatiladi.



Glikogen molekulasini qurilishi

A. Tashqi shoxlanishlar –glyukoza qoldig‘ini 1→4 bog‘lari bilan bog‘lanishi; Ichki shoxlanishlar –glyukoza qoldig‘ini tarmoqlanishdagi 1→6 bog‘lari bilan birikishi; B. Glikogenning tarmoqlangan qurilishini ko‘rinishi; C. Glikogen molekulasini.

2-MAVZU: DNK REPLIKASIYASI, TRANSKRIPSIYA, TRANSLYATSIYA VA OQSIL BIOSINTEZI

DNKning tuzilishi

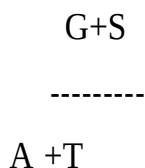
Virus va bakteriyalardan tashqari barcha tirik organizmlardagi DNK hujayra yadrosida joylashgan. DNK xloroplast va mitoxondriylarda ham oz miqdorda bo‘lib yadrodag DNKdan farq qiladi. Hujayralar tarkibidagi DNK miqdori tirik hujayraning fiziologik holatiga emas, balki xujayralardagi xromosomalar soniga bog‘liq.

DNKning molekulyar og‘irligi katta bo‘lib, bir necha o‘n milliondan yuz milliongacha yetadi. DNK tirik organizmlarda irsiy belgilarni saqlash va nasldan-naslga o‘tkazish funksiyasini bajaradi. DNK molekulasida azot asoslari A,G,S,T bo‘lib uglevodlardan dezoksiriboza va fosfat bor.

DNK tarkibidagi nukleotidlarning o‘zaro munosabati malum qonuniyatlarga bo‘ysinadi. Bu qonuniyatni Chargoff qoidasi deb ataladi.

2.Dnk tarkibidagi guanin va sitozinning molyar konsentrasiya yig‘indisining

adenin va timinning molyar konsentratsiyasi yig'indisiga bo'lgan nisbati o'zgaruvchan bo'ladi.



Hayvon, o'simlik va mikroorganizmlarning DNKsidagi bu nisbat har xil bo'lganligi uchun u tur spetsifik koeffitsiyenti deb ataladi.

1953-yili Uotson va Krik DNKning kimyoviy tuzilishi Chargoff qoidalari va rentgen struktura analizi ma'lumotlariga asoslanib, DNKning modelini yaratdilar. Keyingi tekshirishlarda bu modelni to'g'ri ekanligi isbotlandi. Bu modelga asosan DNK molekulasi qo'sh spiral hosil kiluvchi ikkita polinukleotid zanjiridan iborat. Har ikkala zanjir bitta umumiy o'qqa ega bo'lib, diametri 20Å ga teng. Nukleyotidlar qoldig'i bir —biriga nisbati 36° burchak hosil kilib joylashgan. 360° ga teng spiralning bir aylanasi yoki o'rami orasidagi masofa 34Å ga teng bo'lib, har bir nukleotid 3,4Å ni egallaydi.

Polinukleotid zanjirlarning pentoza — fosfat gruppalari spiral—ning tashqi tomonida, azot asoslari esa ichki tomonda joylashgan. Zanjirlar bir-biriga nisbatan teskari yo'nalgan. Azot asoslari qo'sh spiralning ichki qismida bir- biriga kat'iy ravishda mos keladigan juft asoslar yoki komplementar holatda joylashgan. A ga T, T ga esa S mos keladi. Ular o'zaro vodorod bog'lari orqali bog'lanadilar AT juftida 2 ta GS juftida 3 ta bog' bor.

DNK— bir zanjirdan ipsimon holatda bo'lsa uning birlamchi strukturasi deb ataladi. Ikkilamchi strukturasi Uotson Krik modeliga mos kelib u holat yuqori organizmlarda uchraydi.

DNK hujayradagi funksiyasiga qarab A, V, S, T ko'rinishga ega ekanligi aniqlangan. Oxirgi yillarda Z formasi va ya'ni SBS shakllari aniqlangan. DNK — replikatsiya bo'lganda V, transkripsiyada A, S— formasi DNK xromatinda tinch holatda bo'lganda kuzatilgan.

Ikki zanjirni bog'lovchi kuchlar birinchi vodorod bog'lari bo'lsa, ikkinchi esa azot asoslari bo'ylab suv molekulalarini bog'lanishga to'sqinlik qiluvchi gidrofob

guruxlardir.

DNK virus, fag, xloroplast va mitoxondriyalarda shar dumaloq uchlamchi struktura holatda ham bo‘ladi. DNK molekulasida minglab palindromlar uchrashi DNKning zanjirida 300—1200 qo‘sh asoslar tugunchalar xosil bo‘lib, bular ko‘prok eukariotlarda topilgan funksiyasi noma’lum.

Ribonuklein kislotalar

RNK xujayraning hamma qismida uchraydi, ko‘proq ribosomalarda to‘plangan. Molekulalarning og‘irligi, kimyoviy tuzilishi va funksiyasiga qarab bir-biridan farq qiladi. RNK tarkibida A, G, S, U, uglevodlardan riboza va fosfat uchraydi. DNK ikki zanjirli RNK esa bir zanjirli bog‘. Hujayrada uch hil RNK uchraydi.

1. Hujayradagi RNKning 80% ga yaqini ribosoma RNK (r — RNK) tashkil qiladi. R — RNKning molekulyar massasi 1,5 — 2 millionga teng va 4000 — 6000 nuklyeotid qoldig‘idan iborat. R — RNK hujayrada oqsillar bilan birikkan holda uchraydi.

2. RNKning ikkinchi turi transport (t — RNK) deb ataladi. Bu umumiy RNKning 15% ga yaqin. Oqsil sintezida u aminokislotalarni tashish vazifasini bajaradi. Molekulyar massasi 25-30 ming, nukleotid qoldig‘i esa 60 — 90 tadan iborat.

3. RNKning uchinchi turi informatsiya RNK [i-RNK) yoki vositachi RNK deb oksil sintezida DNKdan ribosomaga xabar keltiradi. I — RNK umumiy RNKning 2 — 3% tashkil etib molekulyar massasi 1 millionga yaqin.

RNK molekulasi polinukleotid zanjirlarining ba’zi qismlari bir-biriga yaqin kelib, o‘zaro vodorod bog‘lar bilan birikadi va spiral struktura hosil qiladi.

T-RNKlarning birlamchi va ikkilamchi strukturasi aniqlandi. Ularning bir tomoni G ikkinchi uchi SSA dan iborat bo‘lib aminokislota Adenin ribozasidagi 3‘ S uglerod atomiga bog‘lanib ribosomaga tashiladi. Ikkilamchi strukturali t-RNK vodorod bog‘lari orqali birikadi va “beda bargini” eslatuvchi murakkab konfiguratsiyasi hosil bo‘ladi.

Oqsil biosintezi jarayonida ribosomalar bir butun struktura va ikkita subbirliliklar (30 S, 50 S) shaklida ishtirok etadi.

Intakt kompleks subbirliklarga dissotsilanadi, subbirliklarning o‘zi esa RNK va oqsil molekulalariga ajraladi. Ribosomalar tarkibiga kiradigan barcha oqsil va ribosoma molekulalarning birlamchi strukturasi to‘la o‘rganilgan 5 S r — RNK 120 nukleotid, 16 S r-RNK 1542 va 23 RNK 2904 nukleotid tutadi. Ular ribosoma tuzilmasi kartasini tuzishdan tashqari, oqsil molekulalari bilan spetsifik munosabatda bo‘ladilar. Ribosoma tarkibidagi bu komponentlar, shu jumladan, oqsil molekulalari xam bittadan nusxada mavjud. Ribosomalar rekonstruksiya hujayrada kechadigan tabiiy jarayon, uni “to‘plashi, yig‘ishtirish” ham deyiladi. Sinov savollar.

1. Azotli asoslar.

2. Nukleozid va nukleotidlarga tavsif.

3. DNK —ning tuzilishi. Koperativlik tizimi va uning ahamiyati.

4. Xromasomada DNK — roli.

5. Ribonuklein kislotalar va ularning xillari.

Transkripsiya va translyatsiya. Oqsillar biosintezi.

Transkripsiya -DNK molekulasida yozilgan nukleotidlar joylanishi haqidagi axborotni RNK ga ko‘chirib yozilishi. Translyatsiya – A-RNK-da yozilgan axborotga asosan oqsil molekulasida aminokislotalarni tartib bilan terilishi. 50-yillarda olimlar tomonidan ochilgan oqsil sintezi nazariyasi - bu jarayon murakkab ko‘p bosqichli ekanligini ko‘rsatdi. Bunda DNK, 3 xil RNK va turli fermentlar ishtirok etishi aniqlandi. Har bir oqsil molekulasida maxsus A-RNK tarkibidagi nukleotidlar tartibiga asosan ribosomada sintezlanadi. DNK molekulasida tarkibidagi bir genga mos keluvchi ma’lum bir qismidagi nukleotidlar tartibini A-RNK o‘ziga ko‘chiradi va shu axborotga asosan aminokislotalarni yig‘ishni ta’minlaydi.

Hujayrada oqsil sintezlanishi 4 bosqichda yuz beradi:

Birinchi bosqichda aminokislotalarni ATF ta’sirida aktivlanishi yuz beradi, ya’ni bunda ATF energiyasi aminokislotalarning birikishi maxsus ferment - aminoanil - RNK - ginitaza katalizatorligida boradi. Natijada aktivlashgan aminokislotalar o‘zaro yaxshi ta’sir etib polipeptid zanjiriga qo‘shiladi.

Sitoplazmada oqsil molekulasini sintez qilish uchun

zarur bo'lgan aminokislotalar doim bo'ladi.

Ikkinchi bosqichda aktivlashgan aminokislotalar T-RNK ërdamida, ribosomalarga ya'ni oqsil sintez bo'ladigan joyga tashib boriladi. T-RNK molekulagi A-RNK-ga qaraganda zanjiri kichik, 70-80 nukleotiddan iborat. Aminokislota T-RNK-ni uchki qismiga birikadi. Barcha RNK-larda aminokislota birikuvchi qismi bir xil -SSA iukleotiddan iborat bo'ladi. Xar bir aminokislota tashuvchi aloxida T-RNK mavjud bo'lib, ya'ni 20 xil aminokislota tashuvchi 20 xil T-RNK bor.

Uchinchi bosqichda aminokislotalar DNK tarkibidagi nuleotidlar tartibi bo'yicha ketma-ket joylashadi. Bu tartibda joylashish A-RNK-da yozilgan axborotga muvofiq yuz beradi, Bir necha aminokislotalar birikib bir oqsil molekulasini hosil qiladi, ya'ni R-RNK tarkibidagi ferment ta'sirida murakkab oqsil zanjirini hosil qiladi. Bu jarayon ribosomalarda peptidpolimeraza ferment ta'sirida yuz beradi. Ribosomalar tarkibi oqsil va RNK-dan iborat bo'ladi. Bu RNK ribosomal RNK deyiladn.

To'rtinchi bosqich. Bu davrda oqsil polipeptid zanjiri to'liq shakllanadi. Hosil bo'lgan vodorod bog'lar ta'sirida polipeptid oqsil zanjiri spiral shaklida buralib, biologik aktiv (konfiguratsiya) holatiga o'tadi.. Oqsil biosintezida DNK molekulasi yetakchi vazifani bajaradi va bu jarayonni boshqaradi. DNK molekulasida joylashgan triplet kodlari joylanish tartibiga muvofiq unda axborot RNK molekulasi snntezlanadi. Keyin shu A-RNK-da yozilgan axborotga muvofiq bo'lajak oqsil aminokislotalari yig'iladi. Shunday qilib DNK molekulasi organizm belgi va xususiyatlari haqidagi irsiy axborotni o'zida saqlaydi va irsiyatni oqsil biosintezi orqali boshqaraladi: oqsil sintezi biosintez jarayonlari orasida eng murakkabi bo'lsa kerak, uning ayrim bosqichlarida polipeptid zanjir initsiatsiyasi , uzayishi, tamomlanishi va oqsillarning yetishishida yuzga yaqin fermentlar, maxsus oqsil faktorlar, umuman 200 yaqin makromolekulalar ishtirok etadi. Bu makromolekulalarning ko'pi ribosomalar uch o'lchovli murakkab strukturasi tashkiliy qismlaridir. Oqsil biosintezi apparati shu qadar murakkab bo'lishiga qaramay, jarayon juda katta tezlikda o'tadi. Masalan, e.coli va 100ta

aminokislotadan iborat oqsil zanjirining yaratilishi uchun hujayra ribosomalariga 5 sekundgina kifoya. Ayni shu uchta kashfiyot tezdan oqsil sintezining asosiy bosqichlarini aniqlashga va nixoyasida aminokislotalar uchun genetik ta'minlashga olib keldi. Oqsil sintez m-RNK ni dekodirlash, ya'ni RNK molekulasida to'rt xil asoslarning izchil kelishi yozilgan axborotning 20 xil aminokislotalarning oqsil molekulasida izchil kelish tiliga o'tkazilishidir. Shuning uchun ham bu jarayon translatsiya (tarjima qilish) deyiladi. Oqsil sintezining bosqichlari. Bu jarayon asosan 5 bosqichda o'tadi.

Aminokislotalarning ATR yordamida aktivlanishi va tegishli transport RNK ga ko'chirilishi oqsil biosintezi uchun energetik asos yaratadi. Bu ikki jaryon uzluksiz bog'langan bo'lib bitta enzim Ye-spetsifik aminoatsil-t-RNK –sintetaza ta'sirida kechadi. Frensis Krik bu jarayonda t-RNK adaptorlik rolini o'ynashini aniqladi. Bu bosqich uchun barcha (20) aminokislota, 20 yoki ortiqroq t-RNK, aminoatsil-t-RNK-sintetazalar (Ye), ATR va Mg^{+} mujassam bo'lishi zarur. Mazkur bosqich quyidagi ikki reaksiyada boradi:

Oxirgi reaksiyada aminotsilli qoldiq t-RNK sintetazalar spetsifik fermentlardir. Lekin izoakseptor aminoatsil t-RNK sintetazalar (ATS) ham mavjud, ya'ni bitta aminokislotani bir necha ATS ham tashishi mumkin. Shu bilan birga fermentning o'zi ham bir zanjirli (masalan, Val, Ile, Ley uchun), bir xil bir necha zanjirli (Met uchun), uchinchilar ikkita har xil zanjirlardan tuzilgan (Met uchun), uchinchilar ikkita har xil zanjirlardan tuzilgan (Gli, Trp uchun) bo'ladi.

Polipeptid zanjirining initsiatsiyasi. Initsiatsiya juda murakkab va juda muhim bosqich, boshlab beruvchi reaksiya. Bu bosqichda oqsil sintezi uchun lozim bo'lgan apparat ayrim komponentlardan yig'ilib ish boshlashga tayorlanadi.

Polipeptid zanjiri sintezining initsiatsiyasi aynan bir necha davrlarda o'tadi. Birinchi davrda ribosomaning 30S kichik parchasi initsiatsiya faktori 3 (IF-3) bilan bog'lanadi, bu faktor 30S kichik parchaning 50S kichik parcha bilan bog'lanishiga to'sqinlik qilib turadi. So'ngra F1 faktor (IF-I ning roli to'la aniqlangan emas) bilan bog'langan 30S kichik parcha m-RNK bilan shu tarzda bog'lanadiki, m-RNK ning initsiatsiya qiluvchi kodoni (5,)→AGU←(3,) 30S kichik parchaning tayinli qismiga

ulanadi. Uning to'g'ri o'rnashishi m-RNK da AUG kodoniga yaqin joylashgan initsiirlovchi signal tomonidan ta'minlanadi. Hosil bo'lgan kompleks fMet –fRNK-Met-qo'shiladigan joyni ko'rsatadi. Initsiatsiya jarayonining ikkinchi davrida bu kompleksga 1F-2 yordamida yana 1F-3, GTR faktorlar va N-formil metionil t-RNK birikadi. Initsiatsiyaning uchinchi davrida bu katta kompleks 50 S ribosoma parchasi bilan bog'lanadi; aynan shu vaqtda GTR molekulasida GDR va aR ga gidrolizlanadi. Initsiatsiya faktorlari 1F-3 va 1F-2 ham ribosomadan ajraladi. Mana endi initsiirlovchi kompleks deb ataladigan funksional aktiv 70 S ribosomaga ega bo'linadi.

Ribosomaning 50 S kichik birligida aminokislota va o'sayotgan polipeptid zanjirlar uchun tegishli joylar - saytlar mavjud. Ular aminotsil (A) va peptidli (II) saytlar deb ataladi. Translatsiya davomida avvalo aminokislota (t-RNK_{met}) o'ziga spetsifik transport RNK orqali o'z saytiga o'tiradi. Mana shu shaklda tayyor bo'lgan initsiirlovchi kompleks endi polinukletid zanjirining uzayishidan iborat elongatsiya davriga o'tadi.

Translatsiyaning ayrim bosqichlarida ishtirok etadigan oqsil faktorlari: F1, F2, F3 va energiya manbai vazifasini bajaradigan GTR bu murakkab mexanoximiyaviy jarayonlarda kuzatiladigan tanib olish, harakat hodisalari bilan bog'liq konformatsion o'zgarishlar uchun zarur.

Yelongatsiya takrorlanadigan qaytalma jarayon bo'lib, birinchi bosqichda navbatdagi aminoatsil-t-RNK (aa-t-RNK) elongatsiya faktori Tu (YEG- Tu) va GTR bilan bog'lanadi. Hosil bo'lgan uch komponentli kompleks t-RNK- Tu-GTR 70S initsiirlovchi kompleksga birikadi. Ayni vaqtda GTR parchalanadi, Tu-GDR ribosomadan chetlanadi.

Keyin ribosomaning A uchastkasi bilan yangi aa-t-RNK bog'lanadi. Elongatsiyaning ikkinchi davrida II uchastkadan N-formilmetionin qoldiq uni tashib yurgan t-RNK dan peptidiltransferaza yordamida ko'chirilishi tufayli A uchastkadan dipeptidil-t-RNK hosil bo'ladi. Bu jarayonlarni quyida ko'rish mumkin.

Yendi ribosomaning A uchastkasi bilan yangi aa-t-RNK birikadi va sikl takrorlanaveradi.

Yelongatsiya siklining uchinchi davrida ribosoma RNK bo'ylab 3-uchiga qarab bir qadam masofaga siljiydi. Bunda dipeptidil t-RNK ham A uchastkadan II uchastkaga ko'chib ozod bo'lgan t-RNK sitozolga o'tadi. Bu davr translokatsiya deyiladi. Bu bosqich uchun translokatsiya fraksiyasi (translokaza deb ham ataladi) va yana bir GTR ning gidrolizi lozim.

Translatsiyaning oxirgi davri terminatsiya (tugatish) deb ataladi. Oqsil sintezi polinukleotid zanjirida maxsus terminirlovchi kodonlardan biri – UAA, UAG, UGA tripletlaridan biri tomonidan uziladi.

Polipeptid zanjirining S uchiga oxirgi aminokislota birikkandan keyin ham sintezlangan oqsil ribosoma bilan bog'langan holda qoladi. Poli-peptid zanjirining t-RNK ribosomadan ajralishi spetsifik faktor – maxsus ajratish faktori (R) ta'sirida amalga oshadi.

3- MAVZU : REKOMBINANT DNK TEXNOLOGIYASI, GENOMIKA ASOSLARI. FANNINGRIVOJLANISH BOSQICHLARI, UNING MAZMUNI VA VAZIFALARI. GEN MUHANDISLIGIDAGIYUTUQLAR.

Rekombinant DNK texnologiyasi. Ilk bor 1972-yilda AQSH olimlari **Boyer** va **Koen** tomonidan amalga oshirilgan. Bu olimlar ***E.coli*** bakteriyasining xromosoma DNK siga va shu bakteriya plazmidasiga alohida idishlarda ***EcoRI*** restriktaza fermenti bilan ishlov berganlar. Plazmida tarkibida faqat 1 dona ***EcoRI*** restriktaza fermenti tanib kesadigan maxsus nukleotidlar izchilligi bo'lganligi sababli ferment plazmidaning xalqasimon DNK qo'sh zanjirini faqat bir joydan kesib, plazmidani «yopishqoq» uchli ochiq holatga o'tkazadi. Xromosoma DNK molekulasida ***EcoRI*** restriktaza fermenti taniy oladigan maxsus nukleotidlar izchilligi qanday bo'lsa, bu molekula shuncha bo'lakka bo'linadi.

Turli xil o'lchamga ega bo'lgan DNK molekulasi elektroforez uslubi yordamida ajratib olinadi. Ajratib olingan «yopishqoq» uchli xromosoma DNK si bo'lagi ochiq holatdagi «yopishqoq» uchli plazmida DNK si bilan aralashtirilib ligaza fermenti yordamida tikiladi (ulanadi). Natijada plazmida tarkibiga xromosoma DNK bo'lagi kiritiladi.

Shu boisdan rekombinant DNK ga quyidagicha tarif berish mumkin: har qanday tirik organizm irsiy molekulasi istalgan bo'lagini vektor molekulalariga birikishdan hosil bo'lgan sun'iy DNK - rekombinant DNK deyiladi.

Rekombinant DNK olishning uchta usuli mavjud:

- konnektor usuli: - restriktaza-ligaza; - linker molekulalaridan foydalanish usuli. Konnektor usulida - rekombinatsiyada ishtirok etuvchi

DNK bo'lagining 3' uchiga dezoksinnukleotidil- transferaza fermenti yordamida ma'lum uzunlikdagi oligo (dA) - segmenti ulanadi. Ikkinchi uchiga esa oligo (dT) - segmenti ulanadi. Bu DNK bo'laklari aralashtirilganda dA va dT segmentlarning vodorod bog'lari asosida komplementar birikishi tufayli xalqasimon DNK strukturasi hosil bo'ladi. Hosil bo'lgan DNK dagi bir zanjirli bo'sh joylar DNK-polimeraza I fermenti yordamida to'ldiriladi.

Restriktaza-ligaza usuli.

Restriktaza-ligaza usuli - eng sodda va oson rekombinant DNK olish usuli hisoblanadi. Bu usulda DNK molekulasi va vektor plazmida "yopishqoq" uchlar hosil qiluvchi restriktaza bilan qirqiladi va aralashtirilgan holda ma'lum sharoitda reassotsiatsiya qilinadi. Komplementarlik xususiyatiga ko'ra DNK molekulalari o'zaro vodorod bog'lari yordamida birikib xalqasimon struktura hosil qiladi va DNK zanjirining birikmagan joylari DNK-ligaza fermenti yordamida ulanadi.

Linker molekulalaridan foydalanish usulida – DNK olish.

Linker molekulalaridan foydalanish usulida – DNK molekulasi va vektor plazmidaga T4 fag DNK-ligaza fermenti yordamida maxsus nukleotid ketma-ketligiga ega bo'lgan linker molekula ulanadi. Olingan ikki turdagi DNK molekulasi restriktaza fermenti yordamida qirqilib, aralashtirilgan holda reassotsiatsiya qilinadi. DNK va vektor plazmida molekulalarining birikmagan joylari DNK-ligaza fermenti yordamida ulanadi. Shu yo'sinda rekombinant DNK molekulasi hosil bo'ladi.

Vektor molekulalari.

Rekombinant DNK ni avtonom replikatsiya bo'lishi uchun javob beradigan DNK bo'lagi - **vektor** molekulalari deyiladi. Vektor molekulalar o'z vazifasiga ko'ra ikki tipga

bo'linadi:

Birinchisi -avtonom replikasiya bo'luvchi vektorlar.

Ikkinchisi - xromosomaga integratsiya bo'luvchi vektorlar. Vektor molekulalar gen muxandisligi biotexnologiyasida genlarni klonlashda va transformatsiya qilishda asosiy ish quroli bo'lib xizmat qiladi. Vektor molekulalari vazifasini fag DNK lari, plazmidalar va o'simliklarni xloroplast hamda mitoxondrial DNK lari o'tashi mumkin. Xo'jalik ahamiyati qimmatli bo'lgan genlarni ajratish uchun gen banki (bibliotekasi) tuziladi. Xromosomal DNK asosida gen bibliotekasini tuzish quyidagicha amalga oshiriladi:

DNK va vektor molekulalar restriktaza fermenti yordamida qirqiladi va ma'lum sharoitda reassotsiatsiya qilinadi; Nukleotidlar orasida ulanmay qolgan bo'shliq DNK- ligaza fermenti yordamida o'zaro biriktiriladi; Olingan rekombinant DNK bakteriya hujayrasiga transformatsiya qilinadi. Xromosomal DNK da mavjud genlarni to'la klonlash uchun DNK o'lchamiga va olingan klonlarni soniga e'tibor berish kerak. Bu ko'rsatgich quyidagi formula yordamida hisoblanadi: bunda, x-klonlanayotgan DNK o'lchami, u-gaploid genomning o'lchami va r 0,99 ga teng bo'lsa, 99% xromosomal DNK ning mos qismi klonlanadi.

Genlarni klonlashda ko'pincha kDNK bibliotekasini tuzish maqsadga muvofiqdir. Bu holda maxsus poli (Y) va oligo (dT) kolonkalari yordamida uchlarida poli (A) nukleotidlar ketma-ketligini saqlovchi iRNK, tRNK va pRNK dan ajratib olinadi. Olingan iRNK molekulasini oligo (dT) nukleotidlari bilan aralashtirilib reassotsiatsiya qilinadi. Bunda iRNK molekulasining poli (A) uchida dA-dT qo'sh zanjirli segment hosil bo'ladi. Ushbu ikki zanjirli segmentning oligo (dT) uchi kDNK sintezini amalga oshiruvchi revertaza fermenti uchun praymer (kDNK sintezining boshlanish nuqtasi) vazifasini o'taydi.

Sintez qilingan kDNK molekulasini qisqa uchli ikki zanjirli struktura bilan tugallanadi. kDNK sintezida matritsa vazifasini o'tagan iRNK molekulasini NaOH bilan parchalanadi, natijada qisqa ikki zanjirli va to'liq iRNK molekulasiga komplementar bo'lgan bir zanjirli kDNK

molekulasini hosil bo'ladi. Hosil bo'lgan qisqa ikki zanjirli struktura kDNK ning

ikkinchi zanjirini sintez qilishda praymer vazifasini o‘taydi.

DNK-polimeraza fermenti yordamida kDNKning ikkinchi zanjiri sintez qilinadi. Hosil bo‘lgan kDNK ning bir zanjirli qismi nukleaza fermenti yordamida parchalanadi va ikki zanjirli k DNK molekulasi hosil bo‘ladi. Shu yo‘sinda hosil bo‘lgan kDNK molekulasi vektor molekulalariga ulangan holda klonlanadi.

Har ikki usul bilan yaratilgan genom bibliotekasidan individual genlarni ajratib olish quyidagicha amalga oshiriladi – rekombinat plazmada denaturatsiya qilinadi (100 S xaroratda 5 min., 0,2 n NaON eritmasida 15 min.), bir zanjirli DNK molekulasi stabil qo‘zg‘almaydigan holatda turishi uchun nitrotsellyuloza filtriga biriktiriladi. Olingan filtr ATF nukleotidi bilan nishonlangan iRNK molekulasi bilan gibridizatsiya qilinadi.

Molekulyar gibridizatsiya jarayonida filtrga birikkan rekombinat DNK molekulasiga komplementarlik qonuniyati asosida nishonlangan iRNK molekulalari birikadi.

Hosil bo‘lgan gibrid DNK molekulasi denaturatsiya qilinib, nishonlangan iRNK molekulasi ajratib olinadi (elyutsiya yordamida). Olingan iRNK molekulasi hujayrasiz oqsil sintez qilish tizimida tekshirib ko‘riladi. Hosil bo‘lgan oqsil molekulasini identifikatsiya qilish yo‘li bilan individual genlarni ajratib olish amalga oshiriladi.

Transpozonlarning kashf etilishi genetik muxandislikning rivojlanishida muxim ahamiyatga ega bo‘ldi.

Ko‘chib yuruvchi genetik elementlar-transpozonlarni o‘simlik organizmida AQSH olimasi Barbara Mak Klinton, mikroorganizmlarda AQSH olimi Axmad Buxoriy va xashoratlarda Rossiya olimi Georgiy Georgiyev kashf etgan.

Ko‘chib yuruvchi genetik elementlar ayni vaqtda transpozitsion elementlar yoki transpozonlar deb ham nomlanadi. Transpozonlar xilma-xil strukturaga ega bo‘lsalarda, barcha transpozon molekulalarining ikki chetida maxsus nukleotidlar izchilligi, markaziy qismida esa DNK molekulasining belgilangan joyida “yopishqoq” uchlar hosil qilib, notukis kesuvchi transpozaza fermentini sintez qiluvchi gen mavjuddir.

Transpozaza fermenti hujayradagi DNK molekulasini “yopishqoq” uchlar xosil qilib kesadi va ayni paytda transpozon uchlariga qovushtiradi. Hosil bo‘lgan xromosoma DNK si va transpozon DNK sidan iborat qovushma hujayra DNK bo‘laklarini bog‘lovchi ferment ligaza ta’sirida o‘zaro bog‘lanadi.

Transpozonlarning hujayra DNK siga integratsiyasi quyidagicha amalga oshadi. Transpozonlar xromosomada o‘z o‘rnini o‘zgartirganda irsiyat ham o‘zgaradi. Odatda yashash muxiti keskin o‘zgarganda transpozonlarning ko‘chib yurishi ortadi. Shu sababdan ko‘chib yuruvchi genetik elementlar ishtirokida gen muxandisligiga asolangan ko‘pgina biotexnologik jarayonlar yaratilgan.

Odatda, mikroorganizm irsiy moddasining xromosomasi bir million nukleotid nukleotid juftlari izchilligidan iborat. O‘simlik yoki hayvon genomi bir necha yuz milliondan to 1 milliardgacha nukleotidjuftlari izchilligidan tuzilgan. Bunday yirik molekulani yuqoridaqilingan xilma-xil restriksion endonukleazalardan foydalaniyu, ko‘plab bo‘laklarga bo‘lish mumkin.

Endonukleaza ishtirokida parchalangan DNK bo‘laklari elektrofarez uskunasida maxsus molekulyar “elak” teshiklaridan yuqori kuchlanishli elektr maydoni ta’sirida molekulaning zaryadi va ulchamiga binoan ajratiladi. DNK bo‘lagi maxsus bo‘yoq bilan bo‘yash natijasida ultrabinafsha nurlari yordamida oddiy ko‘z bilan ko‘riladi.

DNK ning mayda bo‘laklari elektr maydonida gel g‘ovaklaridan yirik bo‘laklarga nisbatan tez xarakat qilgani uchun ularning startdan bosib o‘tgan masafasini o‘lchab DNK bo‘lagining katta-kichikligi aniqlanadi. Elektrofarez uskunasida bir-biridan faqat bir nukleotid kam yoki ko‘pligi bilan farqlanuvchi DNK bo‘lagini ajratish mumkin. Restriksion endonukleaza fermentlarining ochilishi va elektrofarez uskunasida DNK bo‘laklarini o‘ta aniqlik bilan bir-biridan ajratishning takomillashuvi, yirik DNK molekulasidan istalgan DNK bo‘lagini ajratib olish imkonini beradi.

Xusa qilib, aytganimizda, gen muxandisligi biotexnologiyasining moddiy asoslariga, bakteriyalarni klonlash, transformatsiya va transduksiya jarayonlari, transpozonlar, plazmidalar va restriksion endonukleaza fermentlarini to‘la

fundamental asoslarini o'rganish kiradi. Yuqorida qayd qilingan biologik faol moddalar gen muxandisligi biotexnologiyasining amaliy jarayonlarida o'ta qimmatli omil hisoblanadi.

Hujayralarni manipulyatsiya (faoliyatiga qandaydir o'zgartirish kiritish) qilish uchun, ularni o'simlikdan ajratib olish, o'simlik organizmidan tashqarida yashashi va ko'payishi uchun sharoit yaratib berish lozim. Ajratib olingan hujayra va to'qimalarni sun'iy oziqa muxitida, steril sharoitda (in vitro) o'stirish usuli ajratilgan to'qimalar kulturasini deb nom oldi va ularni biotexnologiyada ishlatish mumkinligi sababli katta ahamiyat kasb etdi.

Gyenomikaning fan sifatida shakllanish tarixi. XX asrning ikkinchi yarmidan boshlab fizika-matematika, texnika, gumanitar va boshqa fanlarga ham biologik tadqiqotlarning tadbiiq qilinishi hamda ular bilan hamkorlikda ishlashi tobora kengayib bormoqda. O'tgan asrning 60-yillar oxiri 70-yillar boshlarida biologiyada eHM (yelektron hisoblash mashinalari) faol qo'llanila boshlandi: shu bilan birgalikda ularning xotiralari va operatsion tezliklari oshdi va o'lchamlari kichraytirildi. Shu bilan birgalikda biologiya sohasida informatsion tahlillarni talab etuvchi katta miqdordagi eksperimental ma'lumotlar to'planib qoldi. Bunga misol qilib bir qancha davlat olimlari hamkorligida 2003-yildayoq odam genomini sevenirlanishini (tasvirlanishini) keltirish mumkin.

Shunday qilib XXI asr boshlariga kelib bioinformatika sohasi jadal sur'atda rivojlana boshladi. Bu esa o'z navbatida biologik tadqiqotlar bo'yicha olingan ma'lumotlarning shu qadar ko'payib ketganligi va bunda har bir omilning eslab qolinishi va tahlil qilinishida inson imkoniyatlari chegaralanib qolganligi hamda tobora ko'payib borayotgan axborot xajmini sahlash zaruriyati tug'ilganligi bilan bog'lanadi. Ilk ketma-ketliklari aniqlangan bir necha yuz oqsillar haqida ma'lumotlar kitob-atlas shaklida nashr qilingan edi. 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 aniqlandi.¹ Bakteriya genomining o‘qilishi – bu 2-3 tadqiqotchidan tashkil topgan guruhning vaqt hisobida taxminan 1 yildan kam muddatga to‘g‘ri keladigan vazifasidir. Odam genomi qariyb 3 mlrd.ga teng xarflardan iborat bo‘lib bu esa 15000 kitob tomlariga to‘g‘ri keladi.¹ Uni “o‘qib chiqish” esa biologlar uchun 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 algoritim 1970-yilda yaratildi. Kompyuterlar axborotlarni virtual ma’lumotlar bazasida saqlash va ular ustida yuqori tezlikda operatsiyalar o‘tkazish imkonini berdi. Bioinformatika ham boshqa zamonaviy fanlar singari bir qancha fanlar, ya’ni molekulyar biologiya, genetika, matematika va kompyuter texnologiyalari fanlari birlashuvi asosida vujudga keldi. Uning asosiy vazifasi bu biologik molekulalar, eng avvalo nuklein kislotalar va oqsillar struktura va funksiyalari bo‘yicha ma’lumotlarni tahlil qilish va tizimlashtirish uchun hisoblash algoritmlarini ishlab chiqishdir.

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

Bugungi kunga qadar bioinformatikaga turlicha ta’riflar beriladi, biroq asosan bioinformatika turli biologik axborotlarni tahlil qilishda kompyuterdan foydalanish tushuniladi.¹ Shuningdek “bioinformatika” termini maydoni ham juda kengaydi va biologik obektlar bilan bog‘liq barcha matematik algoritmlardan hamda biologik

tadqiqotlarda qoʻllaniladigan axborot-kommunikatsiya texnologiyalaridan foydalanadi. Bioinformatikada informatikdagi singari amaliy matematik, statistika va boshqa aniq fanlar usullari qoʻllaniladi. Bioinformatika shuningdek biokimyo, biofizika, ekologiya, genetika va qator tabiiy fanlar sohalarida foydalaniladi.

Bioinformatika oʻz ichiga quyidagilarni oladi:

- 1) qiyosiy genomikada kompyuter tahlilining matematik usullari (genom bioinformatikasi);
- 2) oqsil strukturalarini bashorat qilish uchun algoritm va dasturlarni ishlab chiqish (strukturaviy bioinformatika);
- 3) muvofiq hisoblash uslubiyatlari strategiyasi tadqiqoti hamda informatsion murakkablikning biologik tizimlar tomonidan umumiy boshqarilishi.

Amaliy maʼnoda bioinformatika – bu biologlar manfaatlari uchun xizmat qiladigan amaliy fandır. Maʼlumotlarni birlamchi tahlil qilish texnik bioinformatika sohasiga tegishlidir. Olingan maʼlumotlarni qayerdadir saqlash va ulardan foydalanish imkoniyatlarini taʼminlash lozim. Bioinformatiklarning eng murakkab va shuning bilan birga eng qiziqarli boʻlgan mashgʻulotlari bu genom haqidagi maʼlumotlar asosida aniq tasdiqlangan natijalar olish, yaʼni masalan; A oqsili qandaydir funktsiya bajaradi, B geni qaysidir jarayonda qatnashadi va h.o.lar. bu esa bioinformatika fanining amaliy ahamiyatidan dalolat beradi.

Genomika va bioinformatika biologiya sohasining quyidagi yoʻnalishlarida qoʻllaniladi:

- genomika
- rivojlanish biologiyasida kompyuter modellashtirish;
- gen tarmoqlarining kompyuter tahlili;
- populatsion genetikada modellashtirish.

Genomika va bioinformatika dori preparatlarini loyihalashtirish muddatini 5-6 yildan bir necha oylarga qisqartirish imkoniyatini yaratib farmakologiya sohasiga ham osongina kirib bordi. Shuningdek bu fan koʻplab boshqa tibbiyotga va biologiyaga oid fanlar bilan integratsiyalandi.

Bugungi kunda genomika va bioinformatikaning quyidagi boʻlimlari mavjud:

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

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

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

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

Genomika kontekstida anotatsiya – bu DNK ketma-ketligida genlarni va boshqa obektlarni markirovkalash (nishonlash, belgilash) jarayonidir. Genomlar annotatsii birinchi dasturiy tizimi Ouyen Uayt (Owen White) tomonidan 1955-yildayoq yaratilgan edi.

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

- 1) barcha DNKdagi o'zgarishlarni o'rgangan holda ko'p sonli organizmlar evolutsiyalarini tadqiq qilishda;
- 2) yanada kompleks evolutsion hodisalarni o'rganish imkonini beruvchi genomlarni bir-biriga taqqoslashda;
- 3) populatsiyalar kompyuter modellarini qurishda;
- 4) ko'p miqdordagi turlar haqida ma'lumotni o'z ichiga oluvchi nashrlarni kuzatib borishda.

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

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

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

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

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

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

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

Har qanday yangidan o'qilgan genom harflarning turli xil kombinatsiyalarida takrorlanuvchi ulkan ketma-ketliklar ko'rinishida namoyon bo'ladi. Bioinformatika bunday xilma-xillikdagi matndan genlarni ajratib olish imkoniyatini beradi. Genomdan genni ajratib olish kabi bunday operatsiya genomni belgilash deb ataladi. Barcha genlar funksiyalarini tajribalar asosida aniqlash yetarli darajada murakkablikni yuzaga keltiradi. Bu holatda bioinformatika funksiyalari allaqachon aniqlangan genlar bilan solishtirib ko'rishga tayangan holda ularni bashorat qilishda

ko‘maklashadi. Oqsil molekulasida biologik vazifalarning har xil turlariga javob beruvchi uchastkalar mavjud. Bioinformatika usullari yordamida ushbu uchastkalarni aniqlash konkret bir oqsilning barcha spektr funksiyasini ochib beradi. Oqsil strukturalarini tajribalar asosida, ya’ni masalan oqsil molekulalaridan tashkil topgan mikroskopik kristalni rentgen nurlari bilan nurlantirish orqali aniqlash mumkin. Bu esa yetarli darajada uzoq va qimmatli jarayon hisoblanadi. Ayrim oqsillar kristall tuzilmalarga ega bo‘lmaganligi sababli ularni tahlil qilishning umuman iloji yo‘q. Bioinformatika kompyuter modellashtirish yordamida hech bo‘lmaganda oqsil strukturasini uzoqroq o‘xshash ketma-ketligi ma’lum bo‘lgan holatlarda oqsilning fazoviy modelini yasashda yordam beradi.

Genomika metodlari asosida olingan molekulaning fazoviy strukturasini bilgan holda uning qanday ishlashini va uning ishlashiga qanday ta’sir etishni bashorat qilish mumkin.

Dori preparatlarini fazoda har xil ximiyoviy bog‘lanishlar bilan oqsil-nishonlarning o‘zaro ta’sirini modellashtirish asosida tayyorlash mumkin. Bunda katta miqdori bog‘lanishlarni saralash va eng maqbullarini tanlab olish kerak bo‘ladi. Biologiya, kimyo, fizika, matematikahamda informatika fanlarini birlashtirish biologik tizimni har tomonlama tavsiflash imkonini beradi. Kompyuter resurslaridan foydalanish tahlil jarayonini bir necha marotaba tezlashtiradi hamda olinadigan natijalarning aniqligini va tezligini oshiradi.

Bioinformatika texnologiyalaridan foydalanib qilingan biologiya sohasidagi yangi kashfiyotlar tez suratda tibbiyot, farmakologiya, kosmetologiya, biotexnologiya, qishloq xo‘jaligi, ekologiya va boshqa sohalarda jalb qilinadi.

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

Bioinformatika bo‘yicha ishning katta qismi biologik axborotni saqlash va uni tahlil qilish uchun ma’lumotlar bazasidan foydalanish texnologiyalari atrofiga jamlangan. Bunday ma’lumotlar bazasi ommabop yoki shaxsiy bo‘lishi mumkin. Ularga ochiq standartlar orqali ommaviy kirish huquqini olish esa muhim ahamiyat

kasb etadi. Garchi ma'lumotlar bazasidan foydalanishga nisbatan bu usullar anchagina keng tarqalgan bo'lsada biologik axborotlarni tahlil qilish uchun ontologiya va mantiqiy usullardan foydalanish rivojlanib bormoqda.

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

Yevropa, Osiyo, AQSH hamda Avstraliya davlatlarida bioinformatika markazlari soni yildan-yilga ko'payib bormoqda. Bioinformatika bo'yicha davlat, akademik hamda ta'lim markazlari bilan bir qatorda so'nggi yillarda sohada olingan tadqiqot natijalardan tijorat maqsadida foydalanishga yo'naltirilgan sezilarli darajadagi tashkilot va loyihalar yuzaga keldi.

Bu eng avvalo genomlarning, shuningdek odam genomining strukturaviy, funksional hamda qiyosiy tahlili bo'yicha faoliyat yurituvchi tashkilotlardir. Genomika sohasi bo'yicha yaratilgan usullarni qo'llash bilan birga amaliy muammolarni yechish yo'lida, xususan farmokologiyada texnik hamda dasturiy bazalar jadal suratda rivojlanib bormoqda. Bunday muammolarni bartaraf etishda dasturiy ta'minot sanoati ham takomillashib bormoqda.

Mamlakatimizda genomika va bioinformatika fanlarining rivojlanishiga qaratilayotgan alohida e'tibor tufayli dunyo fanida o'z o'rniga ega nufuzli ilmiy maktab va muhit shakllantirildi, zamonaviy laboratoriyalar tashkil etilib, keng miqyosda xalqaro ilmiy aloqalar yo'lga qo'yildi. Xususan O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazida sohada anchagina muvaffaqiyatli dasturlar amalga oshirildi. Markazda yetakchi horijiy ilmiy markaz tajribalariga ega, bioinformatsion texnologiyalar bo'yicha bilim va ko'nikmalarni puxta egallagan ilmiy xodimlarning faoliyat olib borishi va shular hisobga olingan holda markazda bioinformatika laboratoriyasining tashkil etilganligi bunga yaqqol

misol bo'la oladi. Markaz ilmiy jamoasi hanuzgacha noaniq bo'lgan g'o'za genomidagi rekombinatsion bloklar (ya'ni, avlod-dan-avlodga ko'chib o'tadigan gen allellari to'plami) o'lchamlarini topib, zamonaviy tezkor "assotsiativ kartalashtirish" usulini kashf etdi. Natijada g'o'za genomidagi genlardan foydalanishning yangi imkoniyatlari ochilib, g'o'zada zamonaviy markerlarga asoslangan seleksiya usullari ishlab chiqildi. Bu sohada O'zbekistonda juda katta ishlar amalga oshirilgan. (Avtonomov, Kanash, Mirahmedov, Abdullayev va boshqalar).

Gen (qadimgi.-yunon. γένος — urug', kelib chiqish) — tirik organizmlar irsiyatining tarkibiy va funksional birligi demakdir. Gen - ma'lum bir polipeptid yoki funksional RNK ketma-ketliklarini yuzaga chiqaruvchi DNK ketma-ketliklari bilan ifodalanadi. Genlar (aniqrog'i, genlar allellari) ko'payish jarayonida organizmirsiy belgilarining ota-ona genotiplaridan avlodlarga o'tishini belgilaydi. Bunda ayrim organellalar (mitoxondriya, plastidlar) o'z belgilarni yuzaga chiqaruvchi organizm genomiga ta'luqli bo'lmagan o'ziga xos DNKlariga egadir.

Odam genomi – bu odam organizmi to'qima hujayralarida mavjud bo'lgan irsiy (genetik) material umumiy yig'indisi hisoblanadi. Odam genomi hujayra yadrosi va shuningek, mitoxondriyalar tarkibida joylashgan 23 juft xromosomalardan tashkil topgan. Bunda xromosomalarning 22 jufti autosomal va bir jufti jinsiy xromosomalardan (X va Y xromosomalari) tashkil topgan.

Odamning har bir somatik xujayra yadrosida 23 juft xromosoma bo'lib: har bir xromosomada bir molekula DNK joylashadi. Odamda bitta xujayradagi 46 molekula DNK uzunligi taxminan 2 metr, nukleotid juftlari soni 6,4 mlrd. Odam tanasidagi hamma xujayralar umumiy DNK uzunligi (taxminan 5×10^{13}) 1011km ni tashkil etadi, bu qarib yerdan quyoshgacha bo'lgan masofadan 1000-marta ko'proqdir. Odamda genlarning soni 30ming dan 40 ming oralig'ida.

Odam genomi loyihasi bo'yicha amalga oshirilgan tadqiqotlar davomida odam genomi tarkibida 20 000 – 25 000 faol holatdagi genlar aniqlangan.

Odam genomi tarkibida 28 000 atrofidagi genlar tavsiflangan.

Irsiyat va o'zgaruvchanlikni muayyan genetik apparat faoliyati taminlaydi. Hozirgi davrda genetik apparat tuzilishi 3 bosqichga ajratiladi: gen, xromosoma va

genom.

Genomning tuzilishi va faoliyatining asosiy prinsiplari to'liq DNK molekulasi xususiyatlari bilan belgilanadi.

Xromasomalarda genlar bir tekis joylashmagan.

Xar bir xromosoma ko'p va kam gen uchastkalaridan tashkil topgan.

Odam genomidagi genlar boshqa oddiy organizmlarga qaraganda ancha ko'proq. Buning sababi odam genomida alternativ splaysing keng tarqalganligidir.

Odam va boshqa sut emizuvchi organizmlar telomerida tandem takrorlar (GGGTTA) ketma-ketlikdan tashkil topgan.

Mikrosatellitlar (yoki oddiy qisqa tandem takrorlar)- DNKdagi 1- 6 juft asos uzunlikdagi takrorlanuvchi fragmentlardir. Mikrosatellitlar nukleotidlar ketma-ketligini yuqori tezlikda o'zgarishi bilan tavsiflanadi, DNK replikatsiyasi nuqtali mutatsiyada ko'chib o'tadi. Mikrosatellitlar minisatellitlar kabi populatsion genetik tekshiruvlarda molekulyar markerlar singari foydalaniladi. Transpozonlar – organizmda uchraydigan DNK qismi bo'lib, o'z joyini o'zgartirish qobiliyatiga ega. Ular genom doirasidagina ko'payaa oladi. Transpozonlar “sakrovchi genlar” nomi bilan mashhur, ular genetik mobil elementlarning bir vakili hisoblanadi. Transpozonlar genomning kodlanmaydigan qismiga kiradi. DNK nukleotidlar ketma-ketligi asosida oqsil tarkibidagi aminokislotalar ketma-ketligi haqidagi informatsiyani tashimaydi. Shunga qaramaymobil elementlarning bir qancha sinflari tarkibida fermentlar ketma-ketligi haqidagi ma'lumot bo'ladi. Bu fermentlar transpozon xarakatlanishini transkripsiya va katalizatsiya qiladi. Masalan, DNK transpozonlar va DDP1 - transpozaza , BORS1 va BORS2 fermentlarini kodlaydi.

Xar xil organizmlarda transpozonlar turli xil darajada tarqalgan. Masalan, odamlarda transpozonlar DNK ketma-ketligining 45% ni tashkil qiladi. Drozofil meva pashshasida transpozonlar butun genomning 15-20% ni tashkil qiladi. O'simliklarda transpozonlar genomning asosiy qismini egallaydi. Makkajo'xorida transpozonlar butun genomning 85% ni tashkil qiladi.

2012-yilda 96 ta odam kasalliklari ro'yxatga olingan. Buning sababi genetik mobil elementlarning de novo kirishi natijasidir.

Alu–takrorlar xromosoma aberratsiyasini keltirib chiqaradi. Mana shu xromosom aberratsiyasi natijasida 50 dan ortiq kasalliklar kelib chiqishiga sabab bo‘ladi.

Psevdogenlar – struktur genlarning funktsiya bajarmaydigan analogi hisoblanadi. Oqsillarni kodlash qobiliyatini yo‘qotgan xujayrada ekspressiya bo‘lmaydi. Psevdogen oddiy funksional genlardan kelib chiqqan, mutatsiya natijasida ekspressiya qobiliyatini yo‘qotgan (stop kodonlarning paydo bo‘lishi, o‘qish doirasining siljishi va shu kabilar).

Retropsevdogenlarning soni o‘rtacha miqdorda funksional genlardan ko‘proq.

Viruslar - odam genomining 1% ga yaqini retroviruslardir (yendogen retroviruslar). Bu genlar odatda egasiga foyda keltirmaydi, ba’zi xolatlarda istisno bo‘lishi mumkin. Masalan, 43 million yil oldin odam va maymunlar ajdodlari genomida retrovirus genlari paydo bo‘lgan, ular virus qobig‘ining hosil bo‘lishida xizmat qilgan. Odamlarda va maymunlarda bu genlar yo‘ldosh (platsenta) ishlashida qatnashadi. Ko‘p miqdordagi retroviruslar odam ajdodlari genomiga 25 million yillar oldin ko‘chib o‘tgan.

Odam genomini o‘rganish bo‘yicha ilmiy tadqiqotlar–ya’ni, odam genomi xaritasini tuzib chiqish ishlari AQSH da 1984–yilda rejalashtirilgan.

20 asrning 70 yillari boshlarigacha odam genetik kartalari tuzish juda sekin darajada rivojlangan. Odamning birinchi geni (rangni ajrata olmaslik geni) 1911-yilda X-xromosomasida kartalashtirilgan. Birinchi Autosom geni 1968-yilda kartalashtirilgan. 1973-yilga kelib odam xromosomasida 64 ta gen kartalashtirilgan. 1994-yilda esa 5000 struktur genlar va 60000 dan ziyod DNK marker ketma-ketliklari kartalashtirilgan.

1996-yilga kelib qisqa tandem dinukleotid ketma-ketliklaridan tashkil topgan yuqori informativ polimorf xududlar 5264 analizi asosida odam genomining to‘liq xaritasi yuzaga keldi; bu genetik markerlardan 2032 tasining o‘rni aniqlandi va ular orasidagi o‘rtacha masofa 1,6 sm ni tashkil etdi.

DNKda minglab fragment nukleotidlar ketma-ketligi aniqlandi, DNK

ketma-ketligini kompyuterda izlash imkoniyati ochildi va oqsil molekulasidagi aminokislota ketma-ketligi aniqlandi.

Kompyuter algoritmi asosida genlarning soni aniqlangan, bu aniqlangan genlarning vazifasi odam genomida oqsillarni kodlaydi. Xalqaro konsorsium 31780 ta oqsil kodlovchi genlarni aniqlagan, Selera Genomiks firmasi esa 39114ta genlarni aniqlagan.

1988– yilda AQSHda odam genomi strukturasi sekvenirlanishi yo‘nalishida izlanishlar boshlangan. 1990–yilda Halqaro loyiha J.Uotson rahbarligida keng miqyosda amalga oshirila boshlangan. Shuningdek, bu yo‘nalishdagi tadqiqotlarga 1988–yilda akademik A.A.Bayev (Rossiya) ham jalb qilingan.

1990–yilda odam genomini o‘rganish bo‘yicha Halqaro tashkilot (HUGO) tashkil qilingan va unga akademik A.D.Mirzabekov rahbarlik qilishi belgilangan.

1990–yillarda odam genomini o‘rganish yo‘nalishida Halqaro loyiha bo‘yicha ilmiy tadqiqotlar uchun 60 000 000 AQSH dollari qiymatida mablag‘ sarflangan, shuningdek 1996–1999-yillar davomida AQSHda bu yo‘nalishda har yili 200 000 000 – 250 000 000 AQSH dollari sarflanganligi qayd qilinadi.

“Odam genomi” loyihasi (The Human Genome Project)–odam genomining to‘liq holatda nukleotidlar ketma-ketligini aniqlash maqsadida 1990–yilda boshlangan. Bu yo‘nalishdagi asosiy ilmiy tadqiqotlar AQSH, Angliya, Kanada davlatlari olimlari tomonidan amalga oshirilishi qayd qilinadi. Turli davlat qatnashchilari odam genomini o‘rganish uchun 23 juft xromosomalarning hammasini o‘zaro bo‘lib oldilar. Ish tahminan 2005yil, 15 yilda tugatildi

1998–yilda AQSHda Kreyg Venter tomonidan odam genomi strukturasi bo‘yicha olingan ma’lumotlarni patentlash g‘oyasi ilgari surilgan, biroq 2000–yilda AQSH hukumati tomonidan bu yo‘nalishda olingan ilmiy tadqiqotlar natijalari oshkoralik tavsifga ega bo‘lishi va hamma uchun foydalanish qulayligi ta’minlanishi maqsadga muvofiqligi qayd qilingan. Shu sababli, hozirgi vaqtda Internet tarmoqlarida “UCSC Genome Browser” kabi odam genomi haqidagi ma’lumotlar joylashtirilgan brauzerlar funktsiya bajarishi tashkil qilingan.

Genomni o‘qish yildan yilga o‘tib baraverdi. Agar dunyo bo‘ylab birinchi yil bir necha million nukleotid jufti o‘qilgan bo‘lsa, 1999-yil shaxsiy amerika “Celera” firmasi Dj.Venter boshchiligida 10mln. nukleotid juftini bir sutkada rasshifrovka (kengaytirildi) qildi.

Xalqaro dasturning asosiy maqsadi odam genomdagi barcha genom DNK nukleotid ketma-ketligini aniqlash, genlarni identifikatsiya qilish va genlarning joylashgan o‘rnini aniqlash (kartalashtirish).

“Odam genomi“ dasturi asosiy vazifalari quyidagi bosqichlarni o‘z ichiga oladi:

Birinchi bosqichda o‘rtacha 2 mln.dan ortiq bo‘lmagan asoslarning (1mln asos 1megabaza-1Mb ga teng, base-asos inglizchadan olingan) batafsil genetik xaritasini tuzish va genlar orasidagi masofani belgilashni tamomlash.

Ikkinchi bosqichda xar bir xromosomaning qisqacha taxminiy fiziologik xaritasini tuzish.(0,1Mb o‘lchamli).

Uchinchi bosqichda alohida klon bo‘yicha xarakterlangan butun genomning yuqori aniqlikdagi fiziologik kartasini olish (klon 5 Kb ni o‘z ichiga oladi).

To‘rtinchi bosqichda odam genomi umumiy DNK sining to‘liq birlamchi strukturasi (cekvensini) aniqlanishga ajratilgan. (1 asos o‘lchamda)

Beshinchi bosqich oxirgi bosqich bo‘lib, topilgan nukleotidlar ketma-ketligi asosida organizmdagi hamma genlarning joylashgan o‘rni va ularning funksional ahamiyatini aniqlash.

“Odam genomi” loyihasi (The Human Genome Project) bo‘yicha ilmiy tadqiqotlar natijalari dunyoning yetakchi ilmiy jurnallarida nashr qilingan.

The Human Genome Project natijalari yakunida ishlab chiqilgan odam genomi strukturasi qog‘oz varianti London muzeyida saqlanadi.

Boshqa eukariot organizmlar genomiga taqqoslaganda odamda genomida immun tizimiga javob beruvchi genlar keng tarqalgan, nerv tizimimni rivojlantiruvchi faktorlar, miyelin oqsillari, signal molekulalari, potensial boshqariluvchi ion kanallar va sinaptik retseptorlar oqsili, sitoskletning tuzilishida

vezikulalar xarakatida, xujayra ichki va tashqi signalizatsiyasi taminlanishida homeostazni ragʻbatlantiruvchi tizmlar yaxshi rivojlangan. Odamda juda katta miqdorda genlar transkripsiyada va translatsiyada ishtirok etadi. Shu 2000 genlarning ichida 900 tasi oqsillar oilasiga mansub ularning tarkibida rux barmoqlari saqlaydi.

Odam genomi 28000 nukleotid juftlaridan iborat boʻlib shundan 8 ekzon, uni kodlovchi 1340 ketma-ketlik nukleotid juftlaridan iborat. Bu gen 447 ta aminokislota kodlaydi.

Odam genomidagi eng katta genom- muskul oqsili geni boʻlib distrofin (2,4 106 n. j.) tashkil topgan. Sklet muskullarining egiluvchanligini susaytirishga javobgar boʻlgan fibrilyar oqsili titin, u 27000 aminokislota qoldigʻidan iborat. Uning geni 234 ekzondan iborat. Odam genomidagi oqsil kodlovchi genlarning ichida titin oqsilini kodlovchi genda eng koʻp ekzonlar topilgan. Odam genomi eukariot organizmlar ichida eng murakkabi hisoblanadi. DNKning ketma-ketligi bir turdan koʻproq mRNKlarni kodlashi mumkin.

Odam genomini oʻrganish – bevosita genlarning funksiyasiga aniqlik kiritish va turli xil kasalliklarni gen terapiya usulida davolash uslublarini ishlab chiqish imkoni beradi. Masalan, 2008–yilda odam organizmida hayot kechiruvchi mikroflora tur tarkibini oʻrganishga qaratilgan – “Odam mikrobiomi” (NMR) Halqaro loyihasi ishlab chiqilgan va bu yoʻnalishdagi ishlar davom ettirilmoqda. Aynan, “mikrobiom” atamasi 2001–yilda odam organizmida hayot kechiruvchi mikroorganizmlar genomini tavsiflash maqsadida fanga kiritilgan. Jumladan, hozirgi vaqtda odam organizmida ovqat hazm qilish tizimida hayot kechiruvchi mikroflora genomini oʻrganish boʻyicha yirik ilmiy markaz sifatida – “MetaHIT” Yevropa konsorsiumi faoliyat olib bormoqda.

Odam genomini oʻrganish molekulyar tibbiyotda irsiy va irsiylanmaydigan kasalliklarni diagnostika, davolash va profilaktikasi uchun katta ahamiyat kasb etadi.

Odam genomini oʻrganishning ahamiyati shundan iboratki tibbiyot nuqtayi nazaridan eng muhim boʻlgan yomon sifatli oʻsmalar, gipertoniya va ateroskleroz kabi kasalliklarni irsiylanishi uchun maʼsul genlarni aniqlash.

Odam genomi nukleotidlari ketma-ketliklarini o'rganish yo'anlishida amalga oshiriluvchi ilmiy tadqiqotlar asosida, turli xil kasalliklar, jumladan irsiy kasalliklarning genetik asosini aniqlash va amaliy nuqtayi nazardan, gen terapiya usullarini ishlab chiqish imkoni tug'iladi.

Gen ontologiyasi. Biologiyaning zamonaviy yo'nalishlari biotexnologiya, genlar injenerligi, genomika, bioinformatika kabi yo'nalishlarining rivojlanishi fanda yangi "gen ontologiya" terminining yuzaga kelishiga sabab bo'ldi. Gen ontologiyasi predmetlariga mikroorganizmlar, o'simliklar, hayvonlar va inson genlari ularning mahsulotlari ma'lumotlar bazasi va ularning annotatsiyalari kiradi. Gen ontologiya loyihasi molekulyar va xujayra biologiyasida bir necha domenlarni ichiga oladi va genlar, gen mahsulotlari va ketma-ketliklar bo'yicha ma'lumotlarini tushunishda jamoatchilik foydalanishi uchun keng imkoniyatlarochib beradi. Ko'pgina model organizmlarning ma'lumotlar ba'zalari va genom annotatsiyasi guruhlarini yaratishda gen ontologiyasidan foydalaniladi va ularning annotatsiyasida gen ontologiya manbalari o'rni beqiyosdir.

Konsortsium gen ontologiya - bu "gen ontologiyasi" loyihasida faol ishtirok etayotgan bir qator biologik ma'lumotlar ba'zalari va tadqiqot guruhlaridir. Bu turli xil model organizmlar uchun bir qancha ma'lumotlar ba'zalari, jami oqsillar ma'lumotlar ba'zasi, "gen ontologiyasi" dasturiy ta'minot ishlab chiquvchilar va muharrirlar guruhini o'z ichiga oladi.

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

Gen ontologiya deganda murakkab biologik hodisalarni yuzaga kelishi tasvirlangan noma'lum bir biologik obektlarni tushinish kerak. Ontologiya

dunyodagi obyektlar va ular orasidagi munosabatlar to'g'risidagi ma'lumotlar yordamida maxsus bilim yo'nalishlarini rasmiylashtirishda qo'llaniladi. Biologiya va boshqa tegishli fanlar uchun universal namunaviy terminalogiya etishmasligi yuzaga keldi. Terminlar bu qiyin muloqot qilish kabi tushunchalarni ifodalaydi, lekin ancha bir biridan farq qilishi mumkin, turli tadqiqot soxalarida va xatto turli yo'nalish olimlari o'rtasida ishlatiladi. Shu munosabat bilan, "Gen ontologiya" loyixasining vazifasi barcha organizmlarning genlarini va ularning mahsulotlarini vazifalari, funksiyalari, strukturasini va amaldagi ontologik atamalarni yaratishdan iborat.

Gen ontologiya boshqariladigan so'zlar terminlarlardan tuzilgan. Terminlar ontologiya nizomiga muvofiq uch yo'nalishga: molekulyar funksiya, biologik jarayonlar va xujayra komponentlariga bo'linadi. Xar bir ontologiya biror gen yoki gen mahsulotlarini funksional jixatdan hamda terminlar o'rtasidagi aloqalarni tasvirlaydi. Tartibga soluvchi aloqalar ikki quyi sinflari bor: ijobiy tartibga soluvchi va salbiy tartibga soluvchi.

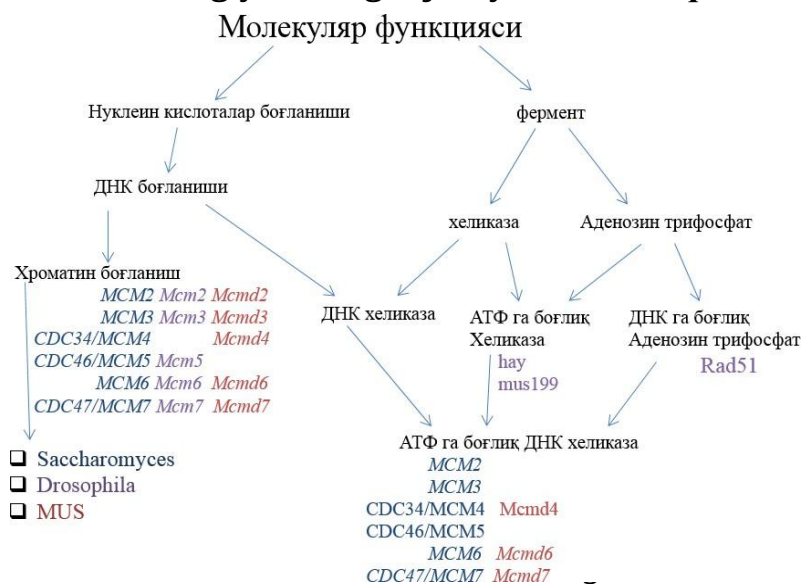
Gen ontologiyada tez-tez yangi o'zgartirishlar bo'lib, atamalar yoki eskirgan malumotlar olib tashlanadi. Agar terminlar ontologiyadan o'chirilgan bo'lsa belgilangan terminlar o'z kuchida qoladi lekin eskirgan yorliqlar va termin barcha aloqalari olib tashlanadi. Aloqalarni o'zgartirish annotatsiyalarga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

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

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

2011-yil sentabr xolatiga ko‘ra, gen ontologiyasi 360 ming dan ziyod tirik organizmlar uchun 33 mingdan ortiq terminlar va 12 million atrofida gen mahsulotlar annotatsiyasi mavjud.¹ So‘nggi bir necha yil davomida, gen ontologiya konsortsium gen ontologiya sifati va spetsifik annotatsiya miqdorini oshirish uchun bir qator o‘zgarishlar amalga oshirildi. 2013-yilga kelib, annotatsiyalar soni 96 milliondan oshdi. Annotatsiya sifati avtomatlashtirilgan sifat nazorati yo‘li bilan takomillashtirildi.

Gen ontologiya biologik jarayonida “bosqichlarni” ifodalash



Uchta turli model organizmlar namunolari yordamida gen ontologiyasini tuzilishi va funksiyasini ifodalash ya'ni bir ontologiya ichida genlarni bog'lanishi misol qilib keltirilgan. Ontologiyalar biologik kalit so'zlardan

Gen ontologiya konsortsium so‘nggi paytlarda biologik jarayonlarning bevosita kichik sinfi sifatida, yangi biologik bosqichini joriy etdi. Bu sinf biologik jarayonlar sodir bo‘lishi mumkin bo‘lgan paytida alohida davri yoki bosqichini ifodalaydi. Ular shuningdek, boshqa biologik jarayonlar bilan tartibga solinadi. Biologik jarayonlar murakkab hodisalar bo‘lib, organizmlar xayoti uchun zarur molekulyar funksiyalarni amalga oshirilishi demakdir.¹ Misol uchun turli biologik jarayonlar xujayra bo‘linish sikli metafaza va profaza hamda xayz ko‘rish payti,

jinsiy xujayralarni qo‘shilishi va rivojlanish bosqichi.

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

Gen muhandisligidagi yutuqlar.

Genomning DNK darajaidagi tahlili 3 bosqichda amalgam oshiriladi.

1. Obektni tanlash.
2. Tanlangan obektga mos metodni tanlash
3. Natijalarni 3 takroriy tajriba asosida xulosalash.

Dnk tahlilining qo‘llaniladigan sohalari.

1. o‘simliklar va hayvonlar sistematikasi.
- 2 Tibiiyotda (patogen mikroorganizmlar zararini kamaytirish)
3. Tibiiy diagnostika (tashxis qo‘yish)
4. Sud ekispartizada
5. Kriminalistikada
6. Edinfikatsiayalanish (Shaxsni aniqlash)
7. arxealogiya , poleantalogiya va etnogenetika

Polimeraza zanjiriy reaksiyasi (PZR) metodi molikulyar biologiyada juda muhim o‘rin tutib, ushbu usul 1983-yili Koliforniyadagi setus kompaniyasining bioximigi Keri Myullis tomonidan kashf etilgan. Bu revalutsion kashfiyot uchun Keri Myullis 1993-yilda Nobel mukofotiga sazovor bo‘ldi. PZR usulini yaratilishida DNK polimeraza fermentining kashf etilishi sabab bo‘lgan. Bu ferment PZR metodi bo‘yicha boradigan analiz jarayonlarini katalizlaydi va “nazorat” qiladi. Bu fermentning muhim ahamiyati shundaki, u issiqlikka chidamli bo‘lib, u ancha

yuqori haroratda ham o'z faolligini yo'qotmaydi. Uning faolligini namoyon etuvchi optimal temperatura 72 0C dir. Ko'pgina PZR bilan olib boriladigan reaksiyalar deyarli yuqori temperaturada olib boriladi. PZR tekshiruvlar paydo bo'lgandan beri, kundan kunga uni turli sohalarda qo'llash imkoniyatlari kengaymoqda. Ma'lumki hozirgi kunda PZR yordamida tashxis qilish rivojlanib bormoqda. PZR analizi 3 ta bosqichda olib boriladi:

1. DNK ajratib olish;
2. DNK fragmentlarining amplifikatsiya.
3. DNK amplifikal maxsulotining deteksiyasi. PZR metodi asosida tabiiy jarayon yotadi -- DNK matritsasining komplementar qurilishi .DNK polimerazasi fermenti yordamida bu reaksiya DNK replikatsiyasi nomi bilan ataladi.

Yuqoridagi jarayonlar natijasida qisqa DNK zanjirining fragmenti kopiesini olish mumkin. Spetsifik aniq mikroorganizmlar uchun shunaqa aniq bir uchastkalarni qidirish talab etiladi.

Programmallashtirilgan termostat programmasi asosida temperaturani o'zgartirib turish orqali, laboratoriya sharoitida PZR metodi yordamida DNK fragmentining juda ham uzun zanjirlarining kopiesalari olinadi va elektroforez metodi asosida DNKning kerakli fragmenti aniqlanadi. PZR amplifikatsiyasini o'tkazish uchun kerakli komponentlar :

Usulni sifatli o'tkazilishida amplifikatsiyaga hos xususiyatlardan biri spetsifik fragmentlarni va praymerlarni to'g'ri tanlanishidir.

1 – bosqich: DNKning denaturatsiyasi (qo'shaloq spiralning shakllanishi) 30-40 sekund davomida 93-95C da bo'lib o'tadi. 2- bosqich: praymerlarning bog'lanishi (siqish) jarayoni xisoblanib, DNK ning qarama- qarshi tomonida joylashgan praymerlarning komplementar bog'lanishi asosida boradi. Ushbu jarayon harorati 50-60 C amalga oshirilib, siqilish vaqti esa 20-60 sekundni tashkil etadi. 3-bosqich: DNK zanjirini hosil bo'lish jarayoni xisoblanib, komplementar DNK 5-3 yo'nalishida zanjirlarning qurilishi, qarama-qarshi zanjirning yo'nalishda hosil bo'ladi. Yangi DNK zanjirining hosil bo'lishida dezoksiribonukleotidtrifosfat aralashmasi asosiy material hisoblanadi. 4- bosqich: bunda sintez jarayonida

muvozanatga chidamli DNK polimeraza (taq-polimer) fermenti yordamida olib borilib, 70-72 C haroratdada amalga oshadigan sintez xisoblanadi. Ushbu jarayon 20-40 sekund davomida boradi va amplifikatsiyaning birinchi siklida hosil bo'lgan yangi DNK zanjiri 2-chi siklining o'tishiga hizmat qiladi, ya'ni DNK namunalarini ko'paytiradi. Amplifikatsiya sikli davomida amplikonlar yangi zanjir sikli uchun matritsa vazifasini bajaradi. Shu tariqa aralashmaga amplikonlar ($2n$ formula asosida qo'shiladi, bu yerda n - soni amplifikatsiya sikli). Aralashmalar dastlab faqatgina bitta qo'sh zanjirni DNK molekulasi bo'lsa, 30-40 sikldan so'ng, ularning soni 108ga yetadi. Amplifikatsiya jarayoni yuqorida qayd etilganidek, pragrammalashtirilgan termostatda (amplifikatorlarda) olib borilada. Unda mahsus avtomatlashtirilgan programma temperaturani muvozanatda ushlab turadi.

PZR metodining mohiyati quyidagilardan iborat:

2-Test sistemalar, DNK amplifikatsiyalarini tuzishda odamdagi bakteriya va viruslarni, turli patogenlarini aniqlash uchun hizmat qiladi.

3- Ko'pgina patogen bakteriyalar uchun PZR metodi effektiv hisoblanadi. Laboratoriyalarda bakteriyalar miqdori ko'paytiriladi. Dastlab, bakteriyalar emas, balki DNK miqdori DNKning hamma qismi emas balki kerakli qismi ko'paytiriladi.

2. DNK chipi (DNK biochip, DNK mikrochipi, DNK nanochip)

Genetik mutatsiyalar yoki siljishlarni aniqlash uchun maxsus chip, kasalliklarni aniqlash hamda shu kasalik belgilarini o'zida saqlovchi genetic kartalashtirilgan DNK ning aynan nushasi ko'chirilgan mahsus laboratoriyalarda ishlab chiqilgan microchip ko'rinishidagi qurulma.

birinchi marta Amerika Qo'shma Shtatlarining Kembrech universiteti mutaxassislari tomonidan Amerika qo'shinlari uchun Biochip ishlab chiqilgan. Agar patogen mikroorganizmlardan olingan DNK bu biochipga tushib qolsa, mikroskopik oltin zarrachalari bilan siruslar zararlanadi DNK qismlari bir-biriga tekislanadi. Elektrotlar va biochip signallari o'rtasida oqimi bakterial tahdid mavjudligini mahsus signal tasirida habar qiladi. ko'rsatadi.

Zamonaviy mikrochiplarda butun genomni to'liq aniqlash mumkin, ularning har

birida ma'lum bir gen soruslari bo'ladi.

DNK mikrochip yoki DNK chipi molekulyar biologiya va tibbiyotda qo'llaniladigan texnologiya. DNK mikrochipasi - bir tekis zanjirli kichik molekulalarning ko'pligi, ya'ni qattiq asosga shifirlanganyoki biriktirilgan DNK soruslari Har bir bunday sorusda aniq belgilangan nukleotidlar ketma-ketligi va mikrochipda joy olgan. Aynan soruslar birgalikda joylashib, mikrochip maydonini tashkil qiladi. Soruslar va DNKning ketma-ketligi o'rtasida bir-biriga muvofiqlik mavjud.

DNK va namunalarini testlash natijasida namunalarni mikrochipka kelgusida aniqlash va qo'llash uchun turli xil floresan kodlar bilan namunalarni kiritish talab etiladi.

Insonlar uchun mikrochip joylashtiradigan integratsiya elektronga qurilgan yoki RFID texnologiyasidan foydalanadigan qurilma. Mikroçip implantında bir shisha tanasi bor va inson tanasiga joylashtiriladi. Bunday implant odatda noyob identifikatsiya raqamini o'z ichiga oladi. Agar kerak bo'lsa, u shaxsning barcha genetic ms'limotlarini , shaxsiy ma'lumotlari, uning ishi, kontakt ma'lumotlari, va hokazo haqidagi ma'lumotlarni o'z ichiga olgan tashqi ma'lumotlar bazasiga ulanishi mumkin.

RFID joylashtiradigan birinchi tajriba 1998-yilda ingliz olimi Kevin Uorik tomonidan olib borilgan. Uning implantasi eshiklarni ochish, chiroqlarni yoqish va uyning ovozini ishlatish uchun ishlatilgan. To'qqiz kundan keyin implant olib tashlandi va o'sha vaqtdan beri Ilmiy muzeyda (London) joylashgan.

Jamoatchilikning qiziqishi ortib borayotganligi sababli, 2013-yilda biologik hafni kamaytirish kompaniyasi microchip implantantlaridan foydalanishni qat'yan cheklash lozimligini aytib o'tdi. "josus chiplari" deb ataydigan tadqiqotchi Katherine Albrext 1996-yildan 2006-yilgacha o'tkazilgan veterinariya va toksikologik tekshiruvlarga ishora qiladi. Identifikatsiya mikrochiplari laboratoriya kemiruvchilariga va itlarga joylashtirildi va ba'zan ular ineksiya joyida saraton rivojlanishini (teri osti sarkomalari) ishlab chiqdi. Ketrin Albrechtning aytishicha, bu odamlar uchun bunday implantlarning xavfini ko'rsatadi.

3. SNP lex nukleotit polimorfizm (SNPlex).

SNP lex nukleotit polimorfizm metodi genotiplarini tahlil qilish uchun polimeraza zanjiri reaksiyasi va kapillyar elektroforezdan foydalanadi. Noyob nukleotidlar zahirasi zarur bo'lgan genotiplash ishlariga juda mos keladi. SNPlex Genotiping tizimi yuqori darajadagi moslashuvchanlik va o'lchovni ta'minlaydi, bu o'rta va yuqori darajadagi transporativ genotiplash bo'yicha loyihalar uchun SNPlarning maxsus belgilangan majmualarini tanlash imkonini beradi. Shu sababli, keng doiradagi tadqiqotlar uchun mos keladi. Ayrim genomlar orasidagi farqlar jismoniy shaxslar orasida fenotipik farqlarga javob beradigan elementlarga oid ko'p ma'lumotni ta'minlaydi. Faqatgina tandem takroriylari (STR) va yagona nukleotit polimorfizmlari (SNPs), jumladan, bunday farqlar murakkab kasalliklarning genetik xarakterini o'rganish, dori javoblari yoki miqdoriy belgilar yoki inson identifikatsiyasi uchun keng qo'llaniladi. SNPlar inson genomidagi eng ko'p belgilar bo'lib, genetik o'zgarishlarni o'rganishning asosiy texnologiyasidir. Turli xil genotyping dasturlari turli xil SNP-larning skriningini talab qiladi.

SNP genotiplari, xususan, elektroforez, mass-spektrometriya va boncuklar tahlili uchun bir necha platformalar yaratilgan.. SNPlex tizimi tajribalari sanoat standartidagi kapyuter programmalarida tahlil qilinadi va qo'llab-quvvatlanadigan ilovalar to'plami tomonidan qayta ishlanadi

BIOLOGIK KODNING KASHF ETILISHI. tRNKning adaptorlik funksiyasini tadkik etish - natijasida bu yuksak darajadagi mexanizmning poydevori bulgan biologik kod (a m i n o k i s l o t a , o q s i l k o d i) tushunchasi va uning ishlash usuli xakida juda samarali yangi bir soxa dunyoga keldi. B i o l o g i k kod ta'limotiga binoan nuklein kislotalarda xar bir aminokislotani taniydigan, va tanlab tashishda vositachilik kiladigan nukleotidlar kombinatsiyasi mavjudki, aminokislota uzining kodi bilaM bevosita bog'lanmasa ham, shu kodga komplementar, a n t i k o d o n deb ataladigan, nukleotidlar kombinatsiyasiga ega nuklein kislotla bilangina munosabatga kiradi. Xar bir aminokislotani uzi uchun maxsus kodoni mavjud

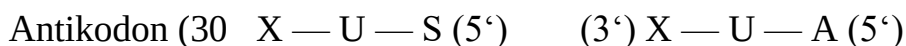
bulishi shart, shundagina adashtirmay ular bilan alokaga kiradi. Oqsil molekulasi qanday kodlangan aminokislotalar kamida 20 xil bulganidan kodonlar soni ham 20 dan kam bulishi mumkin emas. Demak 4 nukleotidning uzi, yoki ikkita nukleotidlardan xosil buladigan 16 (4^2) kombinatsiya ham yetarli emas. Turli tadqiqot va muloxazalardan sung kod uch nukleotiddan iborat triplet tabiatiga ekanligi aniklandi. Albatta 4^3 da xosil buladigan kombinatsiyalar soni 64 (4^3), kodirlanadigan aminokislotalar sonidan ancha kup, lekin ma'lum bulishicha 20 aminokislotalardan 18 tasi bittadan ortik, (2,3, 4 va 6) kodon bilan kodirlanar ekan. Bu xolat kodni ayniganligi deb belgilanadi. U infor'matsiyani tugri ukishga xiloflik kilmaydi, balki replikatsiya yoki transkripsiya jarayonida Laydo bulishi mumkin bulgan xatolarni chetlatishga yordam beradi. 64 triplet dan uch tasi UDA, UAG va UGA aminokislotalarni kodirlamaydi va polipeptid zanjir sintezi tugaganidan xabar beradi, ular erminatsiya (tugash) signalini beradilar.

Genetik kodning yukorida keltirilgan maxsus xususiyatlari orasida uning "ayniganligi" ayniksa ajoyibdir. "Ayniganlik" suzi matematik termin bulib bu yerda bir aminokislota bittadan ortik kodon muvofik kelishini kursatadi. Ammo ayniganlik yukorida aytilganday kodonning takomillashganligining kamchiligi emas. Chunki genetik kodda bitta ham kodon yukki, kaysikim unga bir nechta aminokislota tugri kelsin.

Agar aminokislotalarni bir nechta kodon kodirlasa, aksari bu kodonlar uchinchi Xarf, ya'ni 3'-uchidagi nukleotid buyicha farkanadi. Masalan, alaninni GCU, GCA, GCG va GCU kodonlari kodirlaydi; kurinib turibdiki, ularning hammasida birinchi ikki xarf bir xil, fark fakat uchinchi nukleotidda. Demak, xar bir kodonning spetsifikligi asosan birinchi ikki xarf bilan belgilanadi, 3'-uchidagi nukleotidning spetsifikligi nisbiydir.

Frensis Krik kodon-antikodon juftlarining xosil bulishini xar tomonla-ma urganib chikib kupchilik kodonlarning uchinchi asosi antikodonning tegishli asosi bilan juft xosil kilishda ma'lum erkinlik darajasiga ega degan xulosa-ga keldi. Krikning tasviri ifodasiga binoan bunday kodonlarning uchinchi asosi "ogib" turadi. Ogish gipotezasi nomini olgan bu tushunchaga binoan kodonning birinchi

ikki asosi antikodonning tegishli asoslari bilan doimo barkaror Uotson — Krik juftlarini xosil kiladilar va kodirlashning spetsifikligiga katta xissa kushadilar. Bir kancha antikodonlarnikg birinchi asosi (5—>-Zyunalishda ukilsa) ularga shu aminokislota uchun bittadan ortik kodonni ukish imkoniyatini beradi. Agar 5-uchida S yoki A bulsa, bunday tRNK fakat bitta kodonni taniy oladi.



X va U komplementar asoslarni kursatadi.

Agar antikodonning 5' uchida I yoki G bulsa, bunday tRNK ikkita farkli kodonni tanishi mumkin. Uchinchi asos (orib turadigan) ham kodon-antikodon bog'lashishning spe-sifikligiga xissa kushadi, ammo uning tegishli asos bilan xosil kilgan jufti u kadar barkaror bulmay oqsil sintezi jarayonida mRNK dan osonrok ajraladi: tRNK ning mRNK kompleksidan osonlik bilan ajralishi oqsil sintezini tezrok utishi uchun zarurdir. Demak, bioximiyaviy evolyutsiya jarayonida kodon-antikodon alokalarning aksariyati ham spetsifiklikni hamda aniklikni ta'minlaydigan mexanizm bulib shakllangan.

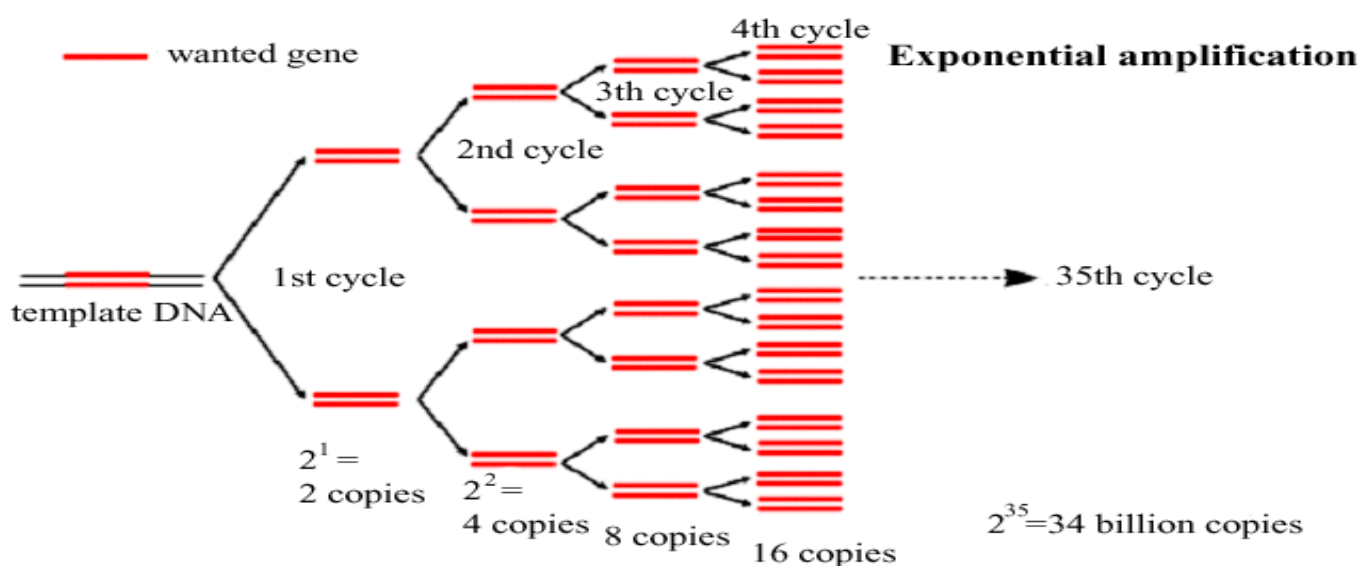
Genetik kod universalidir. Hamma organizmlarda — eukariotlarda, prokariotlarda va viruslarda ham barcha kodonlar uchun birday belgilardan foydalani-ladi. Binobarin genetik kod dunyoda paydo bulgandan beri uzgarmay xukmronlik kilmokda. Bunga 3 mlrd yil buldi - ku! Ammo eng keyingi yyllarda bu dogmaga bir oz uzgartirishga tugri keldi. Mitoxondriyalarni genetik sistemasi ma'lum biologik kodga tula tugri kelmaydi. Uning DNK si (15 669 nukleotid) ning ayrim genlari nukleotid tartibini polipeptidlarning aminokislota tartibi bilan solishtirilganda koddan chetlashishlar mavjud ekanligi anik -landi. Lekin bu taajjub fenomenni kelib chikishi va ma'nosi xali tushunilgani yuk.

4- MAVZU. POLIMERAZA ZANJIR REAKSIYASI (PZR)

PCR – polimeraza zanjiri reaksiyasi

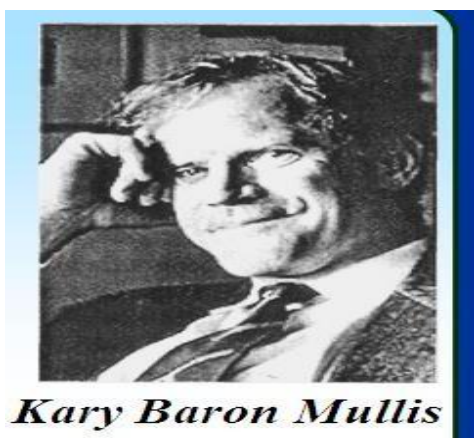
Molekulyar biologiyaning eksperimental metodi hisoblanib, o'rganilayotgan obyektidagi DNKni ajratish va aniqlash uchun, tibbiyot amaliyotida jumladan, kasalliklarga (nasliy va infeksiyon) tashxis qo'yishda, yangi genlarni ajratib olishda, genlarni klonlashda, otalikni aniqlashda qo'llaniladi.

PCR metodi orqali DNK bo'lagini ampilifikatsiyasiga asoslangan holda DNKning initsiatsiyasi va gen o'zgarishi (mutatsiya) ni o'rganish mumkin.



1970 – yilda Norvegiyalik Xell Kleppe juft bir zanjirli DNK molekulasining ampilifikatsiya usulini taklif qildi

1983 – yilda AQShlik Keri Mullis tomonidan PCR texnologiyasi ishlab chiqildi.



Kary Baron Mullis

Olimning maqsadi DNK polimeraza fermenti orqali DNK ampilifikatsiyasini

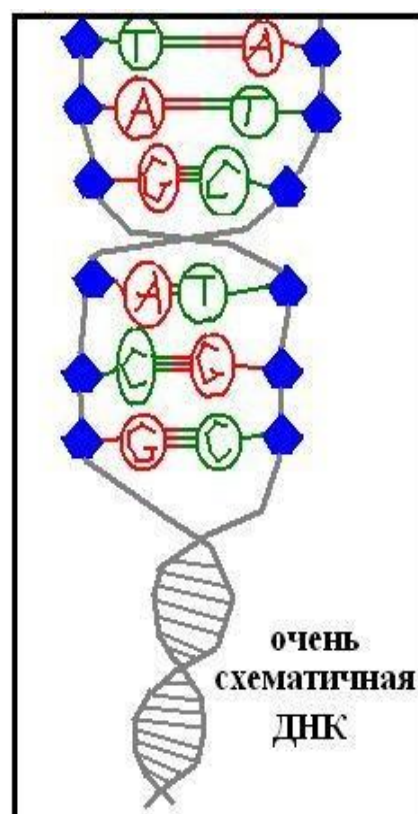
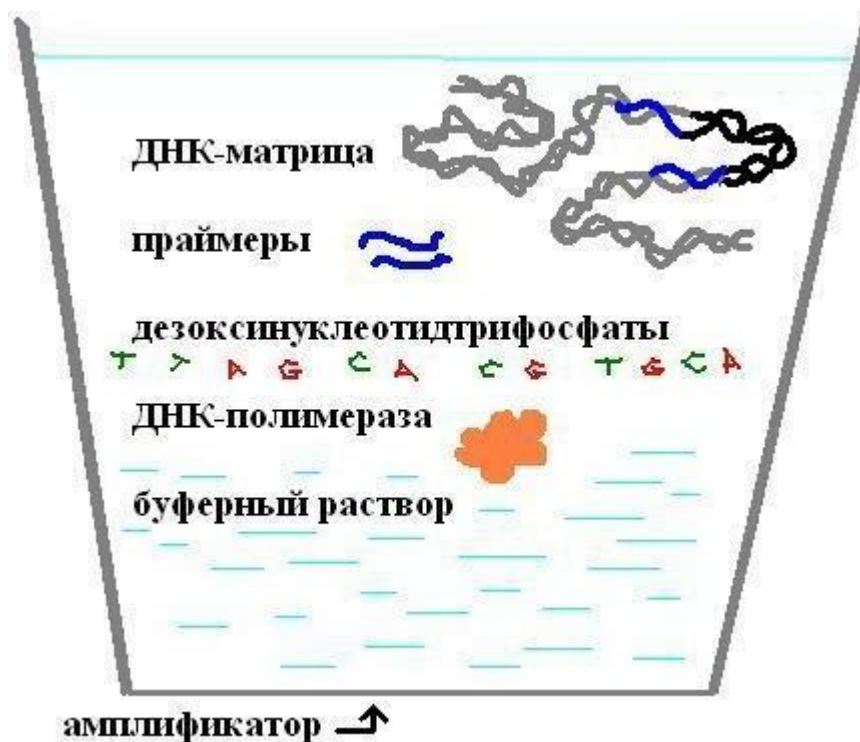
amalgga oshirish edi. Ishlarini birinchi bor 1985 – yilda “Science” jurnalida chop ettirdi.

Oradan 8 yil o‘tgach olim Nobel mukofoti bilan taqdirlandi.

Kaldin, Slyusarenko tomonidan 1980 – yilda Taq – polimeraza xossalari o‘rganilgan.

Reaksiya komponentlari:

- **DNK matritsa** – ampilifikatsiyalanuvchi DNK bo‘lagini tutgan bo‘lishi lozim.
- **2 ta praymer** (xamirturush) ning bo‘lishi. Ular DNK zanjiriga komplementar bo‘lishi kerak.
- **Termostabil DNK polimerazaning bo‘lishi** . Ferment uzoq muddat yuqori haroratga chidashi lozim. Shu sabab bu fermentlar termofillardan ajratib olinadi. *Thermus aquaticus* (taq polimerza), *Pyrococcus furiosus* (Pfu – polimeraza), *Pyrococcus wossei* (Pwo – polimeraza) v. h.
- **Pirofosfotazaning qo‘shilishi** . PCR reaksiyasi unumini oshirish uchun qo‘llaniladi. Bu ferment pirofosfat kislotasi gidrolizini amalga oshiradi. Hamda uni H_3PO_4 ga aylanishini ta‘minlaydi chunki pirofosfat kislota o‘sib borayotgan DNK bo‘lagi bilan bog‘lanib reaksiyani ingibirlashi mumkin.
- **Mg^{2+} ionlarning bo‘lishi** (polimerzaning “ishlashi” uchun kerak).
- **Dezoksiribonukleozidtrifosfatlar** (dATF, dGTF, dCTF, dTTF) larning bo‘lishi.
- **Eritma bug‘lanishini kamaytiruvchi moddalarning bo‘lishi**. Buning uchun eritmaga yuqori haroratda qaynaydigan vazelinsimon yog‘ moddasi qo‘shiladi. Agarda qopqoqli ampilifikator ishlatilsa bunga hojat qolmaydi.
- **Bufer eritmaning bo‘lishi** . Ular eritma pHini saqlab turadi. Bufer eritma tarkibida tuz, buqa zardobi albumini bo‘ladi.



Хамиртурushлар (праймерлар). PCRning spetsifikligi xamirturush hamda DNKning komplemnetarligiga asoslangan. Праймерлар oligonukleotid shaklida boʻlib, 18 – 30 ta azot asosiga ega. Har bir xamirturush DNK zanjirining biriga komplementar boʻlib, amplifikatsiyalanuvchi uchastkaning boshi va oxirini belgilaydi. Праймерлар va matritsaning gibrizatsiyasidan soʻng xamirturush vazifasini bajarib, polimerza orqali matritsadan DNK sintezini amalga oshirishni

taʼminlaydi.

PCR oʻtkazish uchun qoʻllaniladigan amplifikatorlar

PCR reaksiyalari amplifikatorlarda olib boriladi. U probirkalarning davriy sovutilishi va qizdirilishini aniqligi 0,1 0 C dan koʻp farq qilmagan holda amalga oshiriladi. Zamonaviy amplifikatorlarga murakkab programmalarini yuklash mumkin. Bu esa PCRni olib borishda qulaylik yaratadi. Xususan, “issiq (qaynoq) start” va amplifikatsiyalangan molekulalarni 40 C da ushlab xususiyati ham mavjud. PCR uchun fluorescent detector bilan jihozangan idishlar ishlatiladi. Bundan tashqari maxsus avtomatik yopgʻichi va mikroplansheti boʻlgan amplifikatorlar ham bor. Mikroplanshet orqali ularni avtomatik tarzda sistema orqali boshqarish mumkin.



Эволюция ПЦР. Амплификатор **“Tetrad Thermal Cycler” (MJ Research PTC-225, USA)**

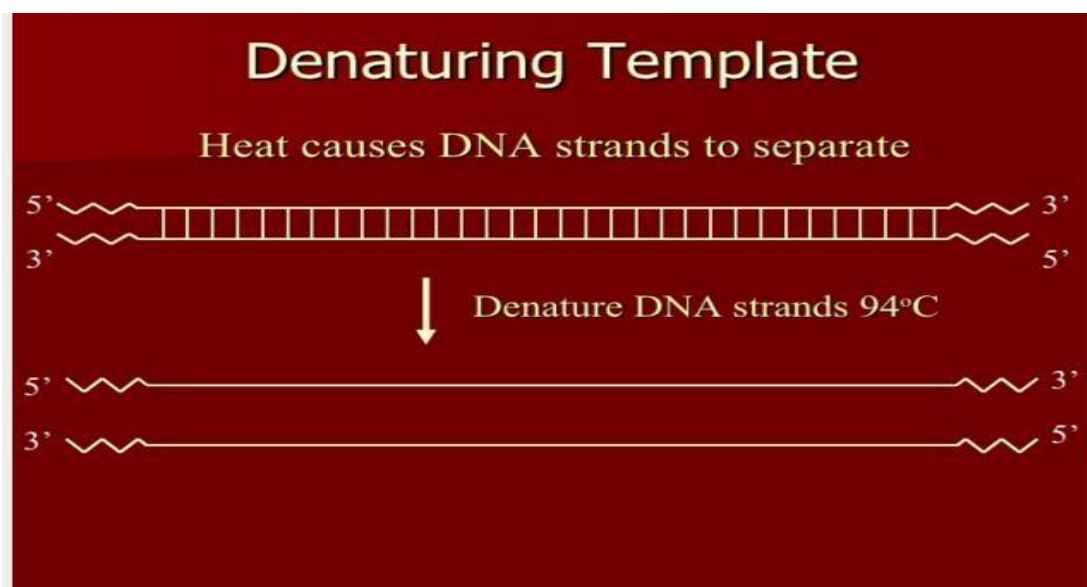


PCR 20 – 35 ta sikldan iborat boʻlib, har bir sikl quyidagi 3 ta bosqichdan iborat boʻladi.

PSR-amplifikatsiyani o'tkazishda quyidagi dastur yordamida olib borildi. PSR-amplifikatsiyasini o'tkazish dasturi

Bosqich	Harorat, °C	Vaqt, min	Sikl
Denaturatsiya	95.0	4:00	1
	94.0	0:20	45
Renaturatsiya	64.0	0:40	
Elongatsiya	72.0	3:00	
Yakunlovchi elongatsiya	72.0	5:00	1

1.Denaturatsiya bosqichi. Denaturatsiya bosqichi – qo'sh zanjirli DNK matritsasi 94 – 96 0 C (agar maxsus termostabil polimeraza ishlatilsa 980 C) gacha 0,5 – 2 minut davomida qizdiriladi. Bunda DNK zanjirlari bir – biridan ajraladi (vodorod bog'lar uziladi). Aynan shu sabab ham bu bosqich denaturatsiya bosqichi deyiladi. Odatda, birinchi sikldan keyin o'rganilayotgan obyekt 2 -5 daqiqa davomida qizdirilib, matritsa va praymerning to'liq denaturatsiyalanishiga erishiladi.



2.Sovutish bosqichi. bu bosqichda bir zanjirli DNK bilan praymerning bir – biriga bog'lanishi kuzatiladi. zanjirlar bir-biridan ajralgach, temperatura pasaytiriladi. Bunga sabab, praymer bir zanjirli DNK bilan boglanishi lozim. Sovutish haroratini tanlash praymer tarkibi va uning Tm ko'rsatkichida teng holda tanlanadi. Agar harorat

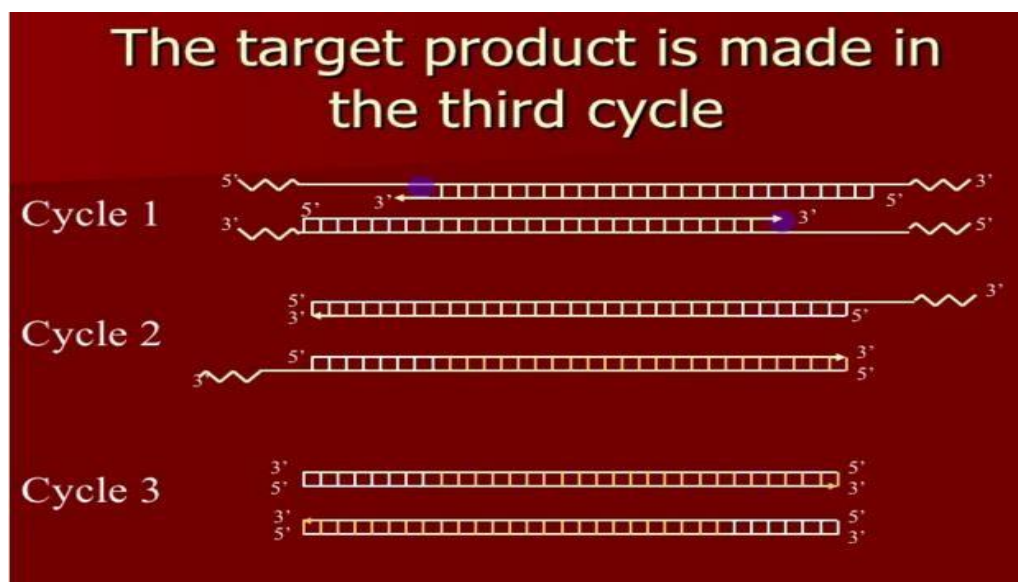
xato tanlansa praymer matritsa bilan bog‘lanolmaydi. Odatda, praymerning matritsaga bog‘lanolmasligi harorat yuqori bo‘lganda sodir bo‘ladi. Bundan tahqari ba‘zi hollarda praymerning xato nuqtaga bog‘lanishi tufayli spetsifik bo‘lmagan mahsulot olinishi pa st haroratda kuzatiladi. Bu bosqich 30 sekund davom etadi. Bu paytda polimeraza bir necha yuz nukleotidni sintezlashga ulguradi. Yuqoridagilarni hisobga olib, praymerni tanlashda Tmi 600 C dan yuqori bo‘lgan praymer tanlash lozim hamda bunday praymer tanlanganda sovutish hamda elongatsiya bosqichi birgalikda olib boriladi.

3.Elongatsiya bosqichi. DNK polimeraza praymerdan xamirturush sifatida foydalanib, matritsani replikatsiyalaydi. DNK -polimeraza ikkinchi zanjirning 3 | uchidan (praymrning oxiri) boshlab 5 | dan 3| tomonga qarab sintezlab boradi. Elongatsiyaning harorati polimerazaga bog‘liq. Ko‘pincha Taq va Pfu polimerazalar aralashmasi qo‘llanilib, ular 720 C da ancha faoldir. Elongatsiyaning vaqti polimeraza turiga hamda ampilifikatsiyalanuvchi DNK fragmenti uzunligiga bog‘liq. Odatda, elongatsiyada 1 minut davomida ming juft nukleotid elongatsiyalanadi. Barcha sikllar tugagandan so‘ng oxirgi elongatsiya amalga oshiriladi. Buning sababi barcha bir zanjirli fragmentlarning qayta bog‘lanishiga amin yaratishdir. Oxirgi siklda elongatsiya 7 -10 minut davomida olib boriladi.

4.

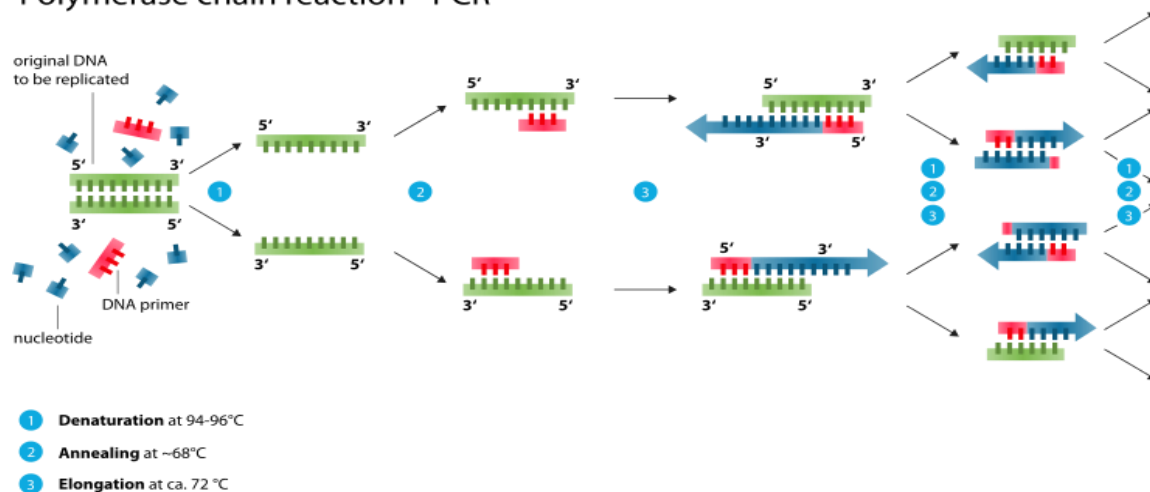
5.5‘ 3‘

3‘ _____ 5‘



- 1-sikldan so‘ng olingan 2 ta DNK zanjiri 2 -sikl uchun matritsa funksiyasini bajaradi. Shu sababdan har bir sikldan so‘ng matritsalar soni ikki hissa ortadi.

Polymerase chain reaction - PCR



Agar praymer miqdori cheklangan bo'lsa, spetsifik mahsulotning miqdori nazariy tomondan proporsional oshib boradi. $2n - 2n$. Bu yerda n sikllar soni. Masalan, 2×2 2×3 . Lekin har bir siklning unumi 100% dan past bo'lishi mumkin. Shunga ko'ra amaliyotda mahsulotning miqdori quyidagicha bo'ladi.

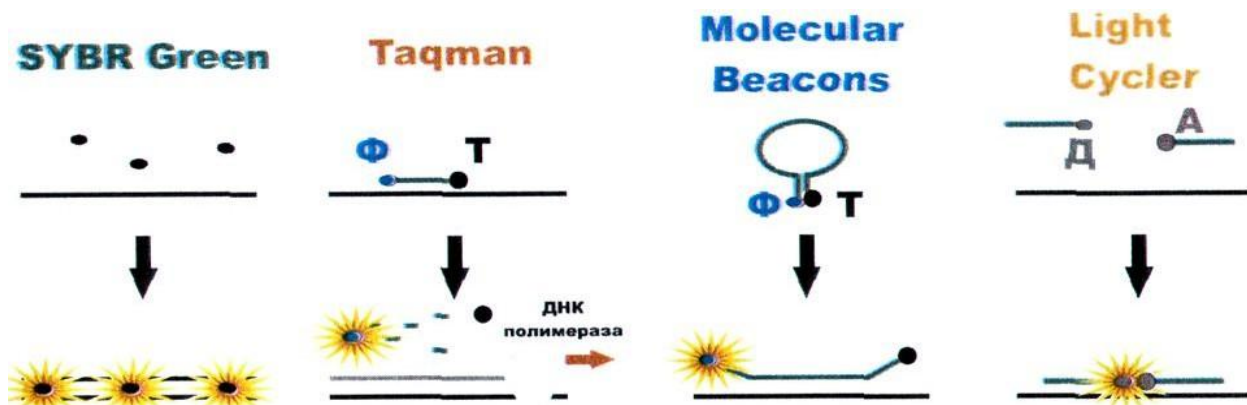
$$P \approx (1 + E)^n$$

Bu yerda: P – mahsulot miqdori; E – siklning o'rtacha unumi;

Uzun DNK nusxalari nusxalari soni sikldan siklga ko'payadi. Lekin ularning ko'payishi chiziqli, shu sababdan spetsifik fragment dominantlik qiladi. Ajratib olinayotgan DNK fragmentining uzunligi reagentlar miqdori bilan chegaralangan. Bundan tashqari ingibitorlarning bo'lishi yoki aks aloqali mahsulotning paydo bo'lishi ($H_4P_2O_7$) DNK fragmentining uzayib ketmasligiga sabab bo'ladi. Shu sababdan oxirgi sikllarga kelib uzayish sekinlashadi. Bunga esa "plato effekti" deyiladi.

Real-time PCR. Real vaqtdagi (Real-time PSR) PSR- amplifikatsiyasini o'tkazish TBGP bilan assotsiatsiyalangan CYP21 genida tez-tez uchrovchi mutatsiyalarni aniqlash uchun yangi DNK - diagnotsika sistemasi ishlab chiqarilgan bo'lib, uning asosida Real vaqtdagi PSR-amplifikatsiya (Real-time Polymerase Chain Reaction) yotadi, tez-tez uchrovchi 8 ta mutatsiyalar uchun yangi allel - spetsifik praymer (qisqa oligonukleotid fragmentlari) va TaqMan zondi ishlatiladi. Avvaliga metod sun'iy matritsada test qilib ko'rilgan, bunda yo'nalishli mutageniz yordamida analiz qilinuvchi mutatsiyaga kiritiladi va keyin giperandrogeniyaning klinik va bioximik belgilari namoyon bo'lgan 20 ta bemorning klinik materiali bo'lgan DNK da tekshirilgan va ulardan bittasida mutatsiya topildi: u nonsens

(nukleotidlar ketma-ketligi almashishi natijasida aminokislotalar o'zgarishidan yoki stop kodon paydo bo'lishi natijasida yuzaga keladigan mutatsiya) – mutatsiya +318X bo'lib, aminokislotalarning o'rin almashishidan kelib chiqadigan mutatsiya hisoblanadi. SHunday qilib, CYP21 genining PSR mahsulotlari real vaqtdagi PSR-amplifikatsiyada o'tkazilib, natijada aniq natijalar olinadi.



Real vaqtdagi PSR-amplifikatsiya uchun kerakli reagentlar to'plami quyidagi funksiyalarni bajaradi:

- dd N₂O – erituvchi vazifasini bajarib, uning miqdori o'zgarib turadi.
- PSR Buffer rN muhitni barqarorlashtirib turadi
- dNTF–erkin dezoksinukleotidtrifosfatlar (dNTF - dATF, dSTF, dGTF, dTTF) bo'lib, ular yangi DNK zanjiri uchun zarur.
- MgCl₂ – DNK zanjirini turg'unligini ta'minlab turadi.
- Tak-polimeraza–DNK zanjiri sintezini ta'minlaydi.
- Praymer – com (F, R) – DNKning ikkinchi zanjirini sintezlaydi. Praymer – (angl. primer) – nishon DNK yoki RNKga komplementar bo'lgan qisqa nuklein fragmenti (oligonukleotid) bo'lib, DNK-polimeraza yordamida komplementar zanjirini sintezlash uchun “tomizg'i” sifatida xizmat qiladi. ”Tomizg'i” DNK-polimerazalar uchun yangi zanjirni praymerning 3'- uchidan (ONdan) sintezini initsiatsiyasi uchun kerak. DNK- polimeraza praymerni 3'-uchiga matritsa zanjiriga komplementar bo'lgan nukleotidlarni qo'shadi. Bu praymerlar umumiy. Primer – Wt (Mut) – bitta probirkaga yoki Wild ture, yoki Mutant solinadi. Zond – Real vaqtdagi natijani olish uchun ahamiyatli va u flouressensiyani beradi . Har bir CUR21 geni mutatsiyalari uchun alohida zondlar ishlatiladi.

Real vaqtdagi PSR-amplifikatsiyasini o'tkazish datsuri

Bosqich	Harorat, °C	Vaqt, min	Sikl
Denaturatsiya	95.0	5:00	1
Renaturatsiya	66.0	0:50	40
Elongatsiya	95.0	0:15	

PZR tahlilining ijobiy tomonlari

- **1.Tashxis qilish imkoniyatining kengligi** – PZR yordamida virusli, bakteriyali, va zamburug‘li kasalliklarni aniqlash mumkin.
- **2.Tushunarli**ligi – bugungi kunda PZR xususiy va davlat klinikalarida o‘tkazilmoqda.
- **3.PZR da tahlil uchun turli namunalarni ishlatish mumkin.**
- **4.PZRning aniqligi.**
- **5.PZR serologik metodlardan farqli ravishda qo‘zg‘atuvchilarni aniqlaydi.** Serologik usul – qon zardobida antigen yoki antitelo qo‘zg‘atuvchilarini aniqlaydi. Bu infeksiya uchun ma‘lum bir vaqt davomida bemor organizmida mavjud bo‘lishi kerak. Masalan, organism OIV bilan zararlangandan so‘ng bir oy o‘tgach kasallik organizmda bor bo‘lsada serologiktest ijobiy natija bermaydi. PZR da bunday kamchilik yo‘q.
- **6.PZR yuqori spesifikligi.** Unda yolg‘on-ijobiy yoki yolg‘on- salbiy natijalar uchramaydi.

IV.AMALIY MASHG‘ULOTLAR MATERIALLAR

1-AMALIY MASHG‘ULOT MAVZUSI: LIPIDLAR VA ULARNING MUHIM FUNKSIYALARI VA AXAMIYATI. (2 SOAT)

Lipidlar tuzilishi va biokimyoviy xususiyatlari

Lipidlar (yunoncha Lipos — yog‘lar) o‘simlik va hayvonot olamida keng tarqalgan moddalarning asosiy gruppalaridan biri. Oksillar va uglevodlar bilan birga, lipidlar tirik hujayralar organik moddasining asosiy massasini tashkil qiladi.

Lipidlar oqsil va uglevodlardan asosan geterogenli xarakteri bilan farqlanadi. Lipidlar suvda erimay, xloroform, efir, benzol kabi qutbsiz organik erituvchilarda eriydigan biologik faol, murakkab birikmalardir.

Lipidlarning organizmdagi biologik vazifalari:

- 1) Biomembranalarning asosiy tarkibiy qismini tashkil etadi;
Biomembranalarning o‘tkazuvchanligini ta‘minlaydi;
- 2) Nerv impluslarini o‘tkazilishida ishtirok etadi;
- 3) Hujayralararo kontakti ta‘minlashda qatnashadi;
- 4) Organizmda energetik vazifani o‘taydi.
- 5) Organizmga vitaminlarning tushishi va ularning o‘zlashtirilishini ta‘minlaydi.

Lipidlarni tuzilishiga karab sodda va murakkab lipidlar gruppasiga bo‘lish mumkin.

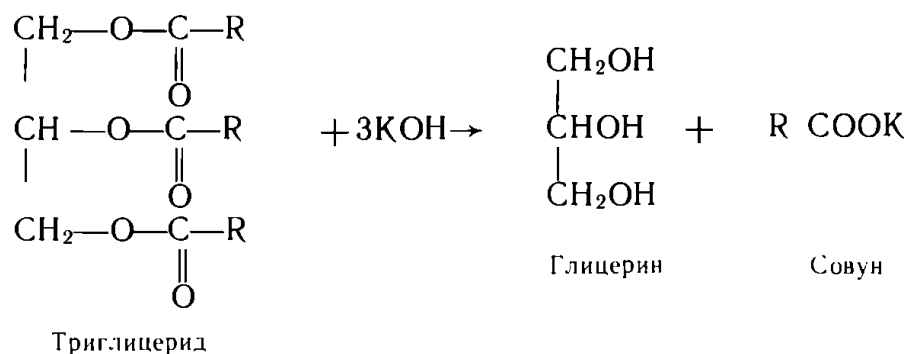
Sodda lipidlar katoriga yog‘lar, moylar va mumlar kiradi. Ular lipidlarning eng ko‘p tarkalgan va eng sodda vakilidir. Yeg‘lar va moylar ximiyaviy tuzilishiga ko‘ra, uch atomli spirt g l i s y e r i n bilan turli yog‘ kislotalarining birikishidan xosilbo‘lgan murakkab efirlardir.

Yog‘ kislotalari – uzun uglevodorod zanjirli, deyarli hamma lipidlar tarkibiga kiradigan organik kislotalar, —C|| atomlarining soni 4-24, 1 ta karboksil guruhga va uzun uglevodorodlardan tashkil topgan —dumga|| ega. Shu —dum tufayli ko‘pchilik lipidlar suvda erimaydi va moy yoki yog‘larga xos xossalarni namoyon qiladilar. Tabiiy yog‘larda uchraydigan asosiy yog‘ kislotalar

To‘yingan yog‘ kislotalar		Ayrim manbalari
Moy kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_2\text{SOON}$	sariyog, sut yogi
Kapronat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_4\text{SOON}$	kokos moyi, xurmo moyi
Kaprilat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_6$	kokos moyi, xurmo moyi
Kaprinat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_8\text{SOON}$	kokos moyi, xurmo moyi
Laurinat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{10}\text{SOON}$	dafna moyi, spermatset
Miristinat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{12}\text{SOON}$	muskat yong‘og‘i yog‘i
Palmitat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{14}\text{SOON}$	hayvon, o‘simlik va bakteriyalar yog‘i
Stearat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{16}\text{SOON}$	hayvon, o‘simlik va bakteriyalar yog‘i
Araxidonat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{18}\text{SOON}$	yer yong‘oq moyi
Bexenat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{20}\text{SOON}$	yer yong‘oh moyi
Lignotserat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_{22}\text{SOON}$	yer yong‘oq moyi
To‘yinmagan yog‘ kislotalar		
Krotonat kislota	$\text{SN}_3\text{SN}=\text{SNSOON}$	kroton moyi
Palmitooleat kislota	$\text{SN}_3(\text{SN}_2)_5\text{SN}—\text{SN}(\text{SN}_2)_7\text{SOON}$	hayvon, o‘simlik va bakteriyalar yogi

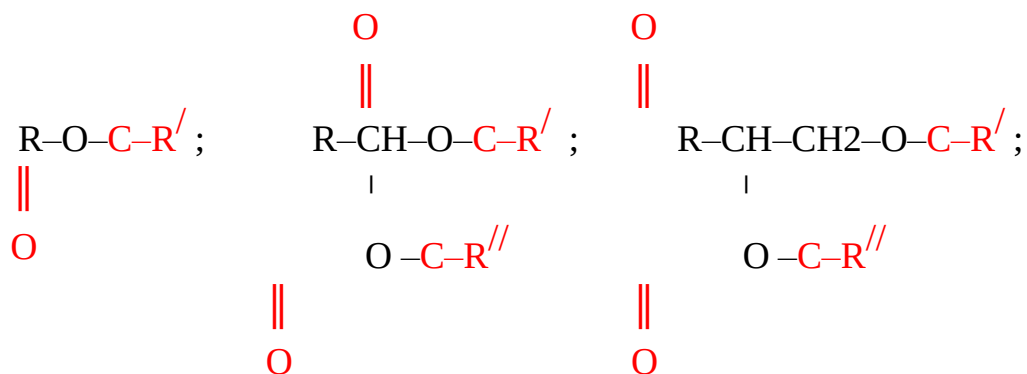
Oleat kislota	SN3 (SN2) SN=SN (SN2) 7SOON	hayvon, o'simlik va bakteriyalar yog'i
Sis-vaksenat kislota	SN3 (SN2) 5SN=SN (SN2) 9SOON	bakteriyalar yog'la-ri
Linolat kislota	SN3(SN2)3SN2SN=SN2(SN2)7SOON	o'simlik moylari (zig'ir moyi va chigit moyi)
Oleostearat kislota	SN3 (SN2) 3SN=SN3 (SN2) 7SOON	o'simlik urug'i yog'lari
Linoleant kislota	SN3 (SN2SN=SN) 3(SN2) 7SOON	zig'ir moyi
u-linoleant kislota	SN3(SN2)3(SN2SN=SN)3(SN2) 4SOON	primula urug'i moyi
Araxidonat kislota	SN3(SN2)3(SN2SN=SN)4(SN2)3SOON	hayvon yog'lari

Yeg'larning asosiy xususiyatlaridan biri ularning sovunlanishidir:

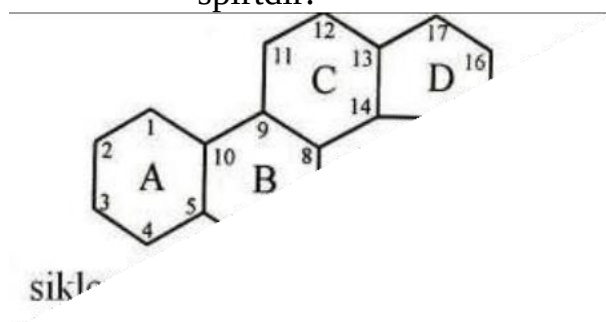


Yeg'lar tarkibida ko'sh bog' tutgan yog' kislotalarning borligi sababli, ma'lum sharoitda ular vodorod biriktirib gidrogenlanishini va kislorod ishtirokida oksidlanishini kutish mumkin. Katalizatorlar (palladiy yoki platina) ishtirokidayog'lar tarkibidagi to'yinmagan yog' kislotalar g i d r o g y e n l a n i b , to'yingan yog' kislotalarga aylanadi. Masalan, oleat, linolat kislotalarning gidrogenlanishi natijasida stearat kislota hosil bo'ladi. Tabiiy yog'lar gidrogenlanganda suyuq holatdan kattik holatga o'tishi sababli bu jarayon yog' moddalar, masalan, margarinishlab chikarishda ahamiyatga egadir.

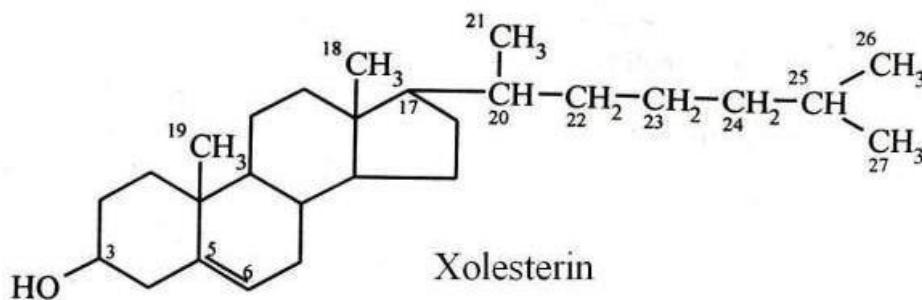
Mumlar yuqori molekulyar yogʻ kislotalarining bir yoki ikki atomli yuqori molekulyar spirtlardan tashkil topgan murakkab efirlardir. Teri, yung, patlar ustini qoplovchi yogʻ moddalari tarkibida mumlar bor. Oʻsimliklar bargi, mevasini qoplovchi lipidlarning 80% i ni mumlar tashkil qiladi.



Sterinlar kimyoviy qurilishi boʻyicha tabiatda keng tarqalgan birikma siklopentanpergidro-fenantren halqasidan iborat boʻlib, yuqori molekulyar siklik spirtidir.



Ularning asosiy vakili – xolesterinni (grekcha —hollel -oʻt) XVII asrda E.Konradi oʻt toshlaridan ajratib olgan.



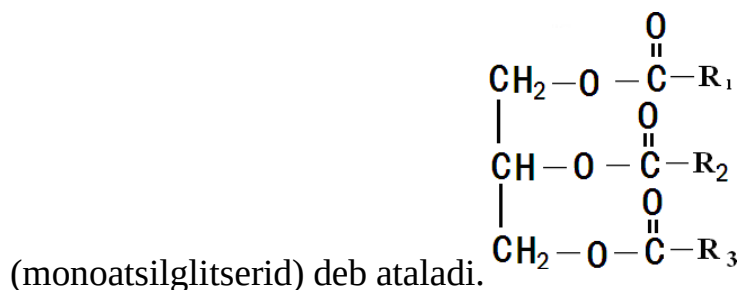
Xolesterin kon plazmasida erkin va yogʻ kislota bilan esterifikatsiyalangan murakkab efir shaklida boʻladi. Steridlar 3- S dagi gidroksil grupp bilan yogʻ kislota

karboksil gruppasining bog‘lanishidan xosil bo‘ladi. Xolesterin ko‘p membranalar tarkibiga kiradigan muxim komponentdir. U eukariot xujayralarda mavjud va prokariotlarda deyarli uchramaydi. Xolesterin ayniksa xujayra membranasida mo‘l bo‘lib, membraning kattiklik (mustahkamlik) xususiyatini ta’minlaydi.

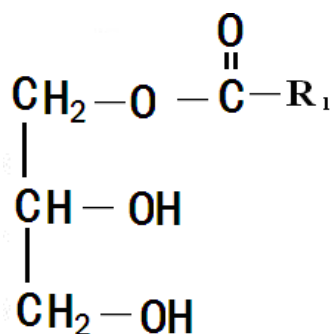
Xolesterin va uning uzun zanjirli yog‘ kislotalari bilan xosil kilgan efirlari kon plazmasi lipoproteinlarning asosiy komponentlaridir. Plazmadagi xolesterinning kondagi umumiy mikdori 100 ml, ya’ni taxminan, 200 mg ni tashkil etadi. Bu mikdorning to‘rtidan birigina erkin xolesteringa to‘g‘ri keladi. Plazmadagi deyarli barcha xolesterin (erkin va sterifikatsiyalangan) plazmaning oksil fraksiyalari bilan kompleks xosil kilib, lipoproteinlar shaklida uchraydi. Umumiy xolesterinning, taxminan 50 % dan ortig‘i plazma oksillarining r- globulinlari bilan, kolgan kismi esa a g va a 2- globulin fraksiyalari bilan bog‘langan xolda siljib yuradi.

Triglitsidlar. Agarda glitserinning hamma uchta gidroksil turkumlari yog‘ kislotalari bilan bog‘langan bo‘lsa – triglitsid (triatsilglitsid), ikkitasi bog‘lansa

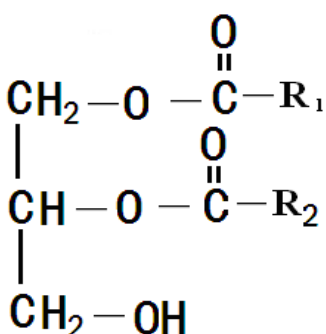
– diglitsid (diatsilglitsid) va faqat bittasi bog‘lansa monoglitsid



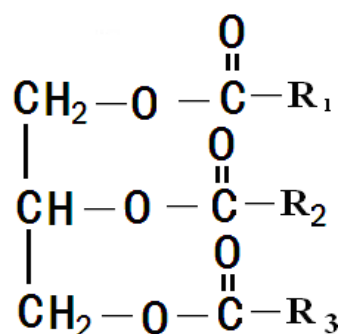
Glitserin. Bir qator neytral yog‘larning spirtli komponenti hisoblangan glitserin – uch atomli spirtidir. Glitsерinda asimmetrik uglerod atomi mavjud emas. Glitsерinni yog‘ kislotalari bilan hosil qilgan efirlari mono-, di-, triatsilglitsidlargabo‘linadi.



Monoatsilglitserin



Diatsilglitserin

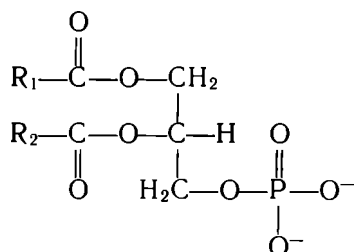


Triatsilglitserin

Murakkab lipidlar o‘z tarkibida yog‘ kislotalar va glitserin (yoki uzun zanjirli bir atomli spirt)dan tashkari fosfat kislotasi va azot asosi, boshqa kuchli kutblangan gruppani saklaydilar. Ularni tarkibiga karab uch sinfga bo‘lish mumkin:

- 1 — fosfoatsilglitserinlar,
- 2 — sfingolipidlar
- 3 — glikolipidlar.

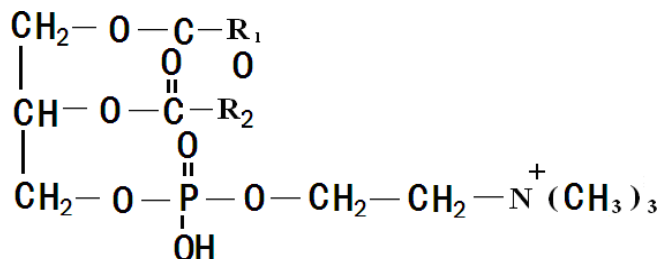
Fosfolipidlar (diol fosfatidlar) –ikki atomli spirt unumlari bo‘lib, bitta spirt guruhi yog‘ kislotasi qoldig‘i bilan, ikkinchisi esa fosfat yoki qandaydir spirt qoldig‘i bilan eterifikatsiyalanadi.



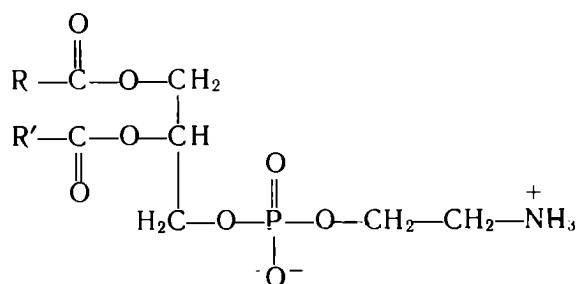
fosfatidat kislotasi yoki diatsil glitserin — 3- fosfat

Fosfolipidlar organizmda hujayra membranasi qurilishida ishtirok etib, uning funksiyasini o‘zgartirishi mumkin. Fosfolipidlar tarkibiga azot saqlovchi birikmalardan xolin, etanolamin, aminokislotasi – serin, va spirt – inozit kiradi.

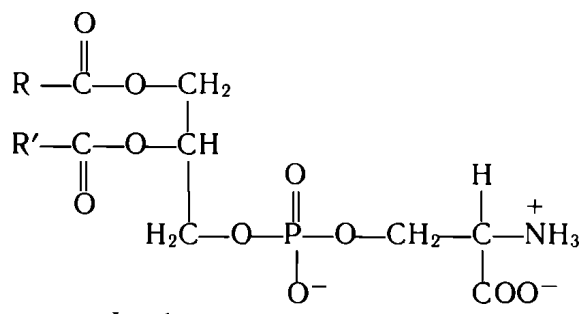
Fosfatidilxolinlar. Fosfatidilxolin (letsitin) triglitserinlardagi uchta glitserinning bittasini gidroksil guruhi yog‘ kislotasi o‘rniga fosfat kislota bilan, fosfat kislota o‘z navbatida azot asosi –xolin $[\text{HO}-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{N}^+(\text{CH}_3)_3]$ bilan efir bog‘ orqali bog‘lanadi.



Fosfatidiletanolaminlar. Fosfatidiletanolaminlar (kefalin) strukturasi fosfatidilxolindan oxirgi azot asosi etanolamin $[\text{HO}-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{N}^+\text{H}_2]$ bo‘lishi bilan farqlanadi. Fosfatidiletanolaminlar hujayra ichki membranalari lipid qismini taxminan 20% ni tashkil etadilar.

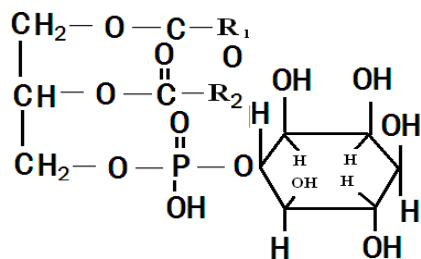


Fosfatidilserinlar. Fosfatidilserinlar strukturasi letsitin va kefalinlarga o‘xshash bo‘lib, uni birinchi marta qora mol miyasidan ajratib olingan, keyinchalik boshqa to‘qimalarda ham topilgan. Farqi serin fosfatidlari tarkibida azot asosi sifatida oksiaminokislota serin bor. Serin oqsil biosinteziva boshqa moddalar almashinuvida ishtirok etadi.

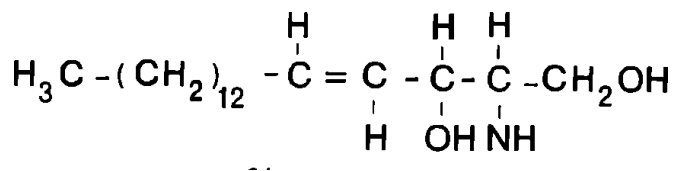


Fosfatidilinozitlar. Strukturasi azot asosi saqlamaydi. Bu guruhda uchinchi radikal (R3) sifatida olti uglerodli siklik spirt – inozit bor. Fosfatidilinozitlar katta miqdorda bosh miyada, orqa miya nerv

tolalarining miyelin qobig'ida, o'pkada, jigarda, shuningdek o'simliklarda ham uchraydi.



Murakkab lipidlarning ikkinchi asosiy sinfi sfingolipidlardir. Ularning tarkibida glitserin bo'lmay, kutblangan komponent sifatida uzun zanjirli aminospirtsfingozin katnashadi.



Sfingolipidlar sfingomiyelinlar (sfingofosfatidlar) va glikosfingolipidlarga bo'linadi. Sfingomiyelinlar strukturasida qo'shimcha guruh sifatida fosfoxolin qatnashadi, glikolipidlarda esa fosfat guruhi yo'q. Sfingomiyelinlar nerv tolalarida,

bosh miyada, o'pkada, jigarda, buyrakda, qora taloqda, qon va boshqa a'zolarida ham uchraydilar. Qon plazmasida va eritrotsitlar qobig'ida nisbatan ko'p bo'lib, qondagi lipidlar umumiy miqdorini 18-15 % ni, eritrotsit qobig'ida esa 30-40 % ni tashkil qiladi.

Glikolipidlar –uglevod va lipidlarning murakkab birikmasi, miya to'qimasi va nerv tolalarining tarkibiga kiradi. Ular quyidagi 3 turkumga ajratiladi:

1. Serebrozidlar tarkibida fosfat kislotasi ham, xolin ham bo'lmaydi. Ular strukturasidagi geksoza sfingozinning gidroksil guruhi bilan efir bog'i bo'yicha, yog' kislota qoldig'i esa sfingozinning aminoguruhi orqali birikkan. Serebrozidlar birinchi bo'lib bosh miyada topilgan, nomi ham shundan kelib chiqqan. Ularning uglevod qismi asosan galaktozadan, kamdan-kam hollarda glyukozadan iborat.

2. Sulfatidlar yani sulfolipidlar – serebrozidlarning sulfatli unumlari, kationlarni nerv tolalari va membranalar orqali tashilishida ishtirok etadi. Shuning uchun ham

sulfolipidlar nerv sistemasining normal elektr faoliyati uchun kerak.

3. Gangliozidlar. Gangliozidlar yuqori molekulali glikolipid bo'lib, tarkibida boshqa glikosfingolipidlarga nisbatan turli xil monosaxaridlardan tashkil topgan oligosaxaridlar bor. Qurilishidagi galaktozamin, sial kislota, sirka hamda neyramin kislotalari birikmasidan iborat. Neyramin kislotasi esa mannozamin va pirouzum kislotasi unumi. Gangliozidlar miyaning kulrang moddasida, nerv hujayralarining plazmatik membranalarida ko'proq uchraydi.

Lipidlarning asosiy biologik vazifalari

- Substrat - energetik. Lipidlar oksidlanganda boshqa energetik substratlar— oqsillar va uglevodlarga nisbatan katta miqdorda energiya ajraladi. 1g lipid yonishidan 39,1 kJ energiya hosil bo'ladi. Bunday energetik substratlarga atsilglitserinlar, erkin yog' kislotalari kiradi.

- Strukturali. Biomembranalarning asosiy tarkibiy qismini tashkil etadi. Masalan, fosfolipidlar (fosfoglitsidlar, sfingomiyelinlar), xolesterin va uning efirlari.

- O'tkazuvchanlik. Fosfolipidlar biologik membranalarning o'tkazuvchanligini ta'minlaydi.

- Elektroizolyatsiya. Sfingomiyelin va glikosfingolipidlar nerv tolalari miyelinli qobig'ida o'ziga xos elektr izolyatsiyalovchi material sifatida qatnashadi.

- Emulsiyalash. Fosfoglitsidlar, yog' kislotalari (sterinlar) atsilglitsidlar ichakda emulgator vazifasini bajaradi. Xolesterinni qondagi konsentratsiyasini turg'unlashtiradi.

- Mexanik. Ichki organlarni o'rab olgan biriktiruvchi to'qima lipidlari, teri osti yog' qavatidagi triatsilglitsidlar ichki organlarni tashqi mexanik ta'sirlardan himoya qiladi.

- Issiqlikni o'tkazmaslik. Teri osti yog' qavati issiqlikni o'tkazish xossasi past bo'lganligi uchun organizmda issiqlikni saqlaydi.

- Erituvchi. Ba'zi lipidlar fiziologik sharoitda erituvchi vazifasini o'taydi. Masalan, o't kislotalari (sterinlar) ichakdagi yog'da eruvchi vitaminlar uchun erituvchi hisoblanadi.

- Gormonal. Turli-tuman vazifalarni bajaruvchi steroid gormonlar— jinsiy

gormonlar, kortikosteroidlar lipidlardir. Prostaglandinlar esa to‘yinmagan yog‘ kislotalarining hosilalaridir.

- Vitaminli vazifasi.Barcha yog‘da eruvchi vitaminlar–lipidlar hisoblanadi, masalan, izoprenoidlar, to‘yinmagan yog‘ kislotalari.

Ko‘p qarra ta‘qidlangan-ki, biopolimerlarning ishlashi uchun muxim o‘ziga xos xususiyatlardan bir bu ularni, kuchli tanlash olish darajasida, muayyan past- va yukorimolekulyar partnyorlar bilan komplekslarni shakllantira olishidir, yoki biokimyo tilida aytilganidek – bu partnyorlarni tanib olish. Tanlash xususiyati bu biopolimerning tanish partnyor bilan maxsus kompleks shakllantirish assotsiatsiyasining konstantasi, aynan shu polimerning, tizimdagi boshqa komponentlar bilan shakllantirgan konstantasidan yukori ekanligi tushuniladi.

Komplekslarning shakllanishi nokovalent o‘zaro ta’sirlar hisobidan amalga oshadi. Ba’zi tanlash xususiyatlari o‘zaro ta’sirlarning tabiatiga xosdir, ammo u uncha yukori emas. Masalan, musbat zaryadlangan guruxlarni aynan manfiyzaryadlangan guruxlar o‘ziga jalb qiladi. Lekin, shakllanayotgan ionli juftliklarda turli manfiy zaryadlangan guruxlar bilan o‘zaro ta’sirlashuvining energiyalaridagi farqlar juda katta nisbatlarda o‘zgarib turadi. Shunga o‘xshash gapni, proton donoriva protonning bir necha turli akseptorlari o‘rtasida shakllangan vodorod bog‘lar haqida aytish mumkin, ya’ni, bo‘linmagan elektronlar juftligiga ega bo‘lgan N, O va F –atomlari bilanamalga oshadi. Nopolyar radikal va boshqa gidrofobli fragmentlar o‘rtasida paydo bo‘lgan gidrofobli klasterning shakllanishi ham shular jumlasidandir. Bu xolatlarda ham yukori bo‘lmagan darajada o‘zaro ta’sirningtanlash xususiyati mavjuddir.

Tanlanish xususiyati oshishi mumkin, agar o‘zaro ta’sirlashuvchi partnyorlar, ya’ni molekulalar yoki ularning fragmentlari, o‘rtasidagi kontakt ko‘p tomonlama bo‘lsa, bunda, juft-juft bo‘lib o‘zaro ta’sirlashuvchi atom va radikallar kombinatsiyasining mikdori oshadi. Shunisi aniqki, bu kompleks shakllantiruvchi ishtirokchilarining atom va radikallarining o‘zaro joylashuvi shunday bo‘lishi kerak-ki, barcha kontaktlar to‘plami bir-biri bilan birikishi lozim. Bu talablarga javob beruvchi strukturalar *komplementar* deb ataladi.

2- AMALIY MASHG'ULOT: REPLIKASIYA JARAYONIDA ISHTIROK ETUVCHI FERMENTLAR. (2 SOAT)

Replikasiya jarayonida ishtirok etuvchi fermentlar

Replikasiya - bu hujayra bo'linishi oldidan DNK molekulasining aniq nusxasini yaratish jarayoni. Bu murakkab biokimyoviy jarayon ko'plab maxsus fermentlarning birgalikda ishlashi natijasida amalga oshadi. Har bir ferment o'zining aniq vazifasini bajaradi va replikasiyaning muvaffaqiyatli yakunlanishini ta'minlaydi.

DNK replikasiyasi barcha tirik organizmlar uchun hayotiy ahamiyatga ega bo'lgan jarayondir. Bu jarayon davomida asl DNK zanjiri shablon sifatida ishlatiladi va unga mos ravishda yangi DNK zanjiri sintez qilinadi. Natijada bitta DNK molekulasidan ikkita bir xil molekula hosil bo'ladi.

Replikasiyaning umumiy mexanizmi

Replikasiya jarayoni uchta asosiy bosqichdan iborat: boshlanish, davom etish va tugash. Har bir bosqichda turli fermentlar ishtirok etadi va o'zlarining maxsus vazifalarini bajaradilar.

Boshlanish bosqichida DNK ikkita zanjirli spirali ochiladi va replikasiya vilkasi hosil bo'ladi. Bu yerda maxsus oqsillar va fermentlar DNK zanjiridagi vodorod bog'larini uzib, zanjirlarni ajratadilar.

Davom etish bosqichida esa har ikki zanjir uchun yangi komplementar zanjirlar sintez qilinadi. Bu jarayon har doim 5' dan 3' yo'nalishda amalga oshadi va turli fermentlarning aniq koordinatsiyasini talab qiladi.

Asosiy fermentlar va ularning vazifalari

DNK gelikaza

DNK gelikaza replikasiya jarayonining eng muhim fermentlaridan biridir. Bu ferment ATP energiyasidan foydalanib DNK ikkita zanjirli spiralini ochadi. Gelikaza ferment vodorod bog'larini uzib, DNK zanjirlarini bir-biridan ajratadi va replikasiya vilkasini hosil qiladi.

Gelikaza fermenti nafaqat DNK zanjirlarini ajratadi, balki replikasiya vilkasining oldinga siljishini ham ta'minlaydi. Bu jarayon juda ko'p energiya talab

qiladi, shuning uchun gelikaza har bir ajratilgan nukleotid juftligi uchun ikkita ATP molekulasini ishlatadi.

Bitta zanjirli DNKni bog'lovchi oqsillar

DNK gelikaza tomonidan ajratilgan bitta zanjirli DNK segmentlari juda beqaror bo'ladi va qaytadan bog'lanish tendensiyasiga ega. Bitta zanjirli DNKni bog'lovchi oqsillar bu muammoni hal qiladi. Ular ajratilgan DNK zanjirlariga bog'lanib, ularni barqaror holatda saqlaydi.

Bu oqsillar DNK zanjirining qaytadan bog'lanishining oldini oladi va keyingi fermentlar uchun qulay sharoit yaratadi. Ular shuningdek, DNK zanjirining struktura o'zgarishlarini kamaytiradi va replikasiya jarayonining silliq davom etishini ta'minlaydi.

DNK topoisomeraza

DNK spiralining ochilishi jarayonida zanjirning oldinga siljishi kuchlanish hosil qiladi. Bu kuchlanish DNK topoisomeraza fermenti tomonidan bartaraf etiladi. Topoisomeraza DNK zanjirida vaqtinchalik kesiklar hosil qilib, spiral kuchlanishini kamaytiradi.

Topoisomeraza ikkita asosiy turga bo'linadi: I tur va II tur. I tur topoisomeraza bitta zanjirda vaqtinchalik kesik hosil qiladi, II tur esa ikki zanjirda ham kesik hosil qilib, DNK segmentlarining bir-biridan o'tishini ta'minlaydi.

DNK primaza

DNK polimeraza fermenti yangi DNK zanjirini sintez qilish uchun albatta 3'-OH guruhi bo'lgan primer kerak. DNK primaza fermenti bu primerni ta'minlaydi. Primaza qisqa RNK segmentlarini sintez qiladi, bu segmentlar keyinchalik primer vazifasini bajaradi.

Primaza fermenti RNK polimeraza oilasiga mansub bo'lib, uni DNK patterenasiga o'xshash faoliyat ko'rsatadi. Lekin u juda qisqa, odatda 8-12 nukleotiddan iborat RNK zanjirchalarini sintez qiladi.

DNK polimeraza

DNK polimeraza replikasiya jarayonining asosiy fermentlaridan biridir. Bu ferment yangi DNK zanjirini sintez qiladi va nukleotidlarni primer-shablon

kompleksiga qo'shadi. DNK polimeraza har doim 5' dan 3' yo'nalishda ishlaydi.

Prokaryotlarda uchta asosiy DNK polimeraza mavjud: Pol I, Pol II va Pol III. Pol III asosiy replikativ ferment bo'lib, uzun DNK segmentlarini sintez qiladi. Pol I primerni olib tashlash va oraliq bo'shliqlarni to'ldirish vazifasini bajaradi.

DNK ligaza

DNK ligaza fermenti replikasiya jarayonining yakuniy bosqichida muhim rol o'ynaydi. Bu ferment DNK segmentlari orasidagi bo'shliqlarni yopadi va fosfodiester bog'larni hosil qiladi. Ligaza ATP yoki NAD⁺ energiyasidan foydalanib bu vazifani bajaradi.

Lagging zanjirda Okazaki fragmentlari hosil bo'lgandan so'ng, DNK ligaza bu fragmentlarni bir-biriga bog'lab, uzluksiz DNK zanjirini yaratadi.

RNaza H

RNaza H fermenti RNK-DNK gibrid strukturalarini taniydi va RNK qismini parchalaydi. Replikasiya jarayonida primerlari olib tashlash uchun bu ferment juda muhimdir. RNaza H RNK primerlarini alohida nukleotidlarga ajratadi.

Bu ferment shuningdek, replikasiya xatolarini to'g'irlashda va DNK tamirlashda ham ishtirok etadi. RNaza H faoliyati natijasida RNK primerlar to'liq olib tashlanadi va DNK polimeraza tomonidan DNK nukleotidlar bilan almashtiriladi.

Replikasiya jarayonining qadamlari

Boshlanish bosqichi

Replikasiya boshlanish nuqtasida (origin of replication) boshlanadi. Bu yerda maxsus oqsillar DNKning ma'lum ketma-ketliklarini tanib, bog'lanadi. Keyin gelikaza fermenti DNK spiralini ochishni boshlaydi va bitta zanjirli DNKni bog'lovchi oqsillar ajratilgan zanjirlarni barqarorlashtiradi.

Primaza fermenti har ikki zanjir uchun RNK primerlari sintez qiladi. Bu primerlar DNK polimeraza uchun boshlash nuqtasi bo'lib xizmat qiladi. Topoisomeraza fermenti spiral kuchlanishini kamaytiradi.

Cho'zilish bosqichi

Bu bosqichda DNK polimeraza III asosiy rol o'ynaydi. Leading zanjirda replikasiya uzluksiz davom etadi, chunki sintez 5' dan 3' yo'nalishda amalga oshadi.

Lagging zanjirda esa sintez fragmentlar shaklida sodir bo'ladi.

Lagging zanjirda primaza muntazam ravishda yangi primerlar sintez qiladi va DNK polimeraza III har bir primer uchun yangi Okazaki fragmentini yaratadi. Bu fragmentlar odatda 1000-2000 nukleotid uzunligida bo'ladi.

Tugash bosqichi

DNK polimeraza I RNK primerlarini olib tashlash va ularning o'rniga DNK nukleotidlarini qo'yish vazifasini bajaradi. Bu fermentning 5' dan 3' nukleaza faoliyati RNK primerlarini ketma-ket olib tashlaydi.

DNK ligaza fermenti barcha Okazaki fragmentlarini bir-biriga bog'lab, uzluksiz DNK zanjirini hosil qiladi. Natijada ikkita bir xil DNK molekulasi hosil bo'ladi, har biri asl zanjir va yangi zanjirdan iborat.

Xatolarni to'g'irlash mexanizmi

DNK replikasiyasi davomida xatolar yuzaga kelishi mumkin. DNK polimeraza fermentlarining ko'pchiligida 3' dan 5' nukleaza faoliyati mavjud bo'lib, bu proofreading vazifasini bajaradi. Agar noto'g'ri nukleotid qo'shilsa, ferment uni darhol olib tashlaydi va to'g'ri nukleotidni qo'yadi.

Bundan tashqari, mismatch ta'mirlash tizimi ham mavjud bo'lib, replikasiya jarayonidan keyin qolgan xatolarni aniqlaydi va tuzatadi. Bu tizim MutS, MutL va MutH fermentlari tomonidan boshqariladi.

Replikasiyaning tartibga solinishi

Replikasiya jarayoni qattiq tartibga solingan bo'lib, hujayra tsikliga bog'liq. S fazasida DNK replikasiyasi amalga oshadi va bu jarayon turli checkpoint mexanizmlar tomonidan nazorat qilinadi.

Replikasiya fermentlarining faoliyati ham turli omillar tomonidan tartibga solinadi. Masalan, CDK (cyclin-dependent kinase) fermentlari replikasiya oqsillarini fosforillash orqali ularning faoliyatini boshqaradi.

DNK replikasiyasi murakkab va aniq tartibga solingan jarayon bo'lib, ko'plab maxsus fermentlarning birgalikda ishlashini talab qiladi. Har bir fermentning o'ziga xos vazifasi bor va ularning hamjihatlik bilan ishlashi replikasiyaning yuqori aniqlik va samaradorlik bilan amalga oshishini ta'minlaydi.

Bu fermentlarning qaysi birining buzilishi ham jiddiy oqibatlariga olib kelishi mumkin, shu bois ularning faoliyati muntazam ravishda nazorat qilinadi va tartibga solinadi. Replikasiya fermentlarini o'rganish nafaqat asosiy biologiya uchun, balki tibbiyot va biotexnologiya sohasida ham katta ahamiyatga ega.

Zamonaviy tadqiqotlarda bu fermentlar yangi dori-darmonlar yaratish, genetik kasalliklarni davolash va biotexnologik mahsulotlar ishlab chiqarish uchun ishlatilmoqda. Shuning uchun replikasiya fermentlarini chuqur o'rganish kelajakda ko'plab imkoniyatlar ochadi.

3- AMALIY MASHG'ULOT: GEN MUXANDISLIGIDAGI YUTUQLAR (4 SOAT)

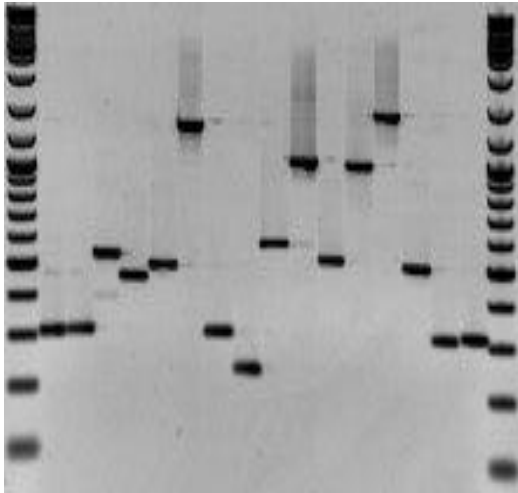
Sun'iy sharoitda rekombinant DNK olish va genlarni klonlash ilk bor 1972 yilda AQSH olimlari Boyer va Koen tomonidan amalga oshirilgan. Bu olimlar E.coli bakteriyasining xromosoma DNK siga va shu bakteriya plazmidasiga alohida idishlarda EcoRI restriktaza fermenti bilan ishlov berganlar. Plazmida tarkibida faqat 1 dona EcoRI restriktaza fermenti tanib kesadigan maxsus nukleotidlar ketma-ketligi bo'lganligi sababli ferment plazmidaning xalqasimon DNK qo'sh zanjirini faqat bir joydan kesib, plazmidani «yopishqoq» uchli ochiq holatga o'tkazadi. Xromosoma DNK molekulasida EcoRI restriktaza fermenti taniy oladigan maxsus nukleotidlar ketma-ketligi qancha bo'lsa, bu molekula shuncha bo'lakka bo'linadi. Shu boisdan rekombinant DNK ga quyidagicha tarif berish mumkin: har qanday tirik organizm irsiy molekulasining istalgan bo'lagini vektor molekulalariga birikishdan hosil bo'lgan sun'iy DNK - rekombinant DNK deyiladi. Rekombinant DNK olishning uchta usuli mavjud: - konnektor usuli; - restriktazaligaza; - linker molekulalaridan foydalanish usuli. Konnektor usulida - rekombinatsiyada ishtirok etuvchi DNK bo'lagining 3' uchiga dezoksinukleotidiltransferaza fermenti yordamida ma'lum uzunlikdagi oligo (dA) - segmenti ulanadi. Ikkinchi uchiga esa oligo (dT) - segmenti ulanadi. Bu DNK bo'laklari aralashtirilganda dA va dT segmentlarning vodorod bog'lari asosida komplementar birikishi tufayli xalqasimon DNK strukturasi hosil bo'ladi. Hosil bo'lgan DNK dagi bir zanjirli bo'sh joylar DNK-polimeraza I fermenti yordamida

to'ldiriladi. Restriktaza-ligaza usuli - rekombinant DNK olishning eng sodda va oson usuli hisoblanadi. Bu usulda DNK molekulasini va vektor plazmidaga «yopishqoq» uchlar hosil qiluvchi restriktaza bilan qirqiladi va aralashtirilgan 49 « Zamonaviy dunyoda tabiiy fanlar: Nazariy va amaliy izlanishlar» nomli ilmiy, masofaviy, onlayn konferensiyasi holda ma'lum sharoitda reassotsiatsiya qilinadi. Komplementarlik xususiyatiga ko'ra DNK molekulalari o'zaro vodorod bog'lari yordamida birikib xalqasimon struktura hosil qiladi va DNK zanjirining birikmagan joylari DNK-ligaza fermenti yordamida ulanadi. Linker molekulalaridan foydalanish usulida - DNK molekulasi va vektor plazmidaga T4 fag DNK-ligaza fermenti yordamida maxsus nukleotid ketma-ketligiga ega bo'lgan linker molekula ulanadi. Olingan ikki turdagi DNK molekulasini restriktaza fermenti yordamida qirqilib, aralashtirilgan holda qaytadan assotsiatsiya qilinadi. DNK va vektor plazmidaga molekulalarining birikmagan joylari DNK-ligaza fermenti yordamida ulanadi. SHu yo'sinda rekombinant DNK molekulasini hosil bo'ladi. 1 VEKTOR MOLEKULALAR . Rekombinant DNKni avtonom replikatsiya bo'lishi uchun javob beradigan DNK bo'lagi - vektor molekulalari deyiladi. Vektor molekulalar o'z vazifasiga ko'ra ikki tipga bo'linadi: Birinchisi -avtonom replikatsiya bo'luvchi vektorlar. Ikkinchisi - xromosomaga integratsiya bo'luvchi vektorlar. Vektor molekulalar gen muhandisligi biotexnologiyasida genlarni klonlashda va transformatsiya qilishda asosiy ish quroli bo'lib xizmat qiladi. Vektor molekulalari vazifasini fag DNK lari, plazmidalar va o'simliklarni xloroplast hamda mitoxondrial DNK lari o'tashi mumkin. Xo'jalik ahamiyati qimmatli bo'lgan genlarni ajratish uchun gen banki tuziladi. Xromosomal DNK asosida gen bibliotekasini tuzish quyidagicha amalga oshiriladi: DNK va vektor molekulalar restriktaza fermenti yordamida qirqiladi va ma'lum sharoitda qaytadan assotsiatsiya qilinadi; Nukleotidlar orasida ulanmay qolgan bo'shliq DNK-ligaza fermenti yordamida o'zaro biriktiriladi; Olingan rekombinant DNK bakteriya hujayrasiga transformatsiya qilinadi. Xromosomal DNK da mavjud genlarni to'la klonlash uchun DNK o'lchamiga va olingan klonlarni soniga e'tibor berish kerak.

4-AMALIY MASHG'ULOT: POLIMERAZA ZANJIRLI REAKSIYA (PZR)

(2 SOAT)

Polimer zanjir reaksiyasi (PZR) — molekulyar biologiyaning tadqiqot usullaridan biri hisoblanib, nuklein (DNK yoki RNK) kislotalarning ma'lum bir fragmentlarni million — milliard marotaba ko'paytirib beradi. Bundan tashqari PZR mutatsiyalarni kiritish, DNK bo'laklarini birlashtirish va tibbiy — biologik amaliyotida kengdan qo'llanadi. PZR jarayoni maxsus PZR mashinasida olib boriladi. U har bir jarayon bosqichi uchun zarur bo'lgan haroratni boshqarib turadi.



Kjell Kleppe va H. Gobind Xorana laboratoriyasidagi hamkasblari bilan 1971 — yilda [Journal of molecular biology](#) jurnalida chop etkan maqolasida birinchi marta [in vitro](#) praymerlari bilan DNKni replikasiya qilish uchun fermentativ tahlilda foydalanishgan. Amerikalik olim **Kerri Mullisom** 1983 — yili polimeraza zanjir reaksiyasini kashf qiladi. **Kerri**

Mullisom bu haqidagi ilimiy ishini 1985 — yili Science jurnalida chop etadi. Unga 1993 — yili kimyo yo'nalishi bo'yicha Nobel mukofati beriladi.

PZR boshqichlari

PZRda DNK molekulasi yangi zanjirlari sintezlanadi. Bu Dnk polimeraza fermenti yordamida amalga oshadi. Bu ferment Dnk zanjirining 5'-3' yo'nalishi bo'yicha harakatlanib erkin nukleotidlarni yordamida ikkinchi DNK zanjirini sintezlaydi.

Denaturatsiya (parchalanish) — ikki zanjirli DNK molekulasi 0.5 –2 min davomida 94 — 96 °C (termstabil polimeraza ishlatilsa 98 °C) gacha qizdiriladi. Ikki zanjir DNK molekulasi o'rtasidagi vadarod bog'lari uziladi.

Praymerlarning DNK dagi kerakli joyga birikishi (otjig) — bu bosqichda praymerlar DNK ga o'ranish olishi uchun harorat 55 –65 °C pasaytiriladi. Harorat har bir praymer turi uchun maxsus bo'lib PZR boshlanmasdan oldin tadqiqotchi o'zi kiritadi.

Elongatsiya — bu DNK molekulasi yangi DNK zanjiri

sintezlanadi. Bu 72 °C da yuz beradi. Buning uchun Taq polimeraza fermenti parymerlar yordamida DNK ning 3' dan 5' ga qarab harakatlanib sintez qiladi.[1].

PZR jarayoni

PZRning uchta bosqichi tugagannan so'ng bitta davr (tsikl) tugaydi va mana shu davr yana takrorlanadi. Odatda davrlar soni 65 ta bo'lishi mumkin.

PZR reaktivlari

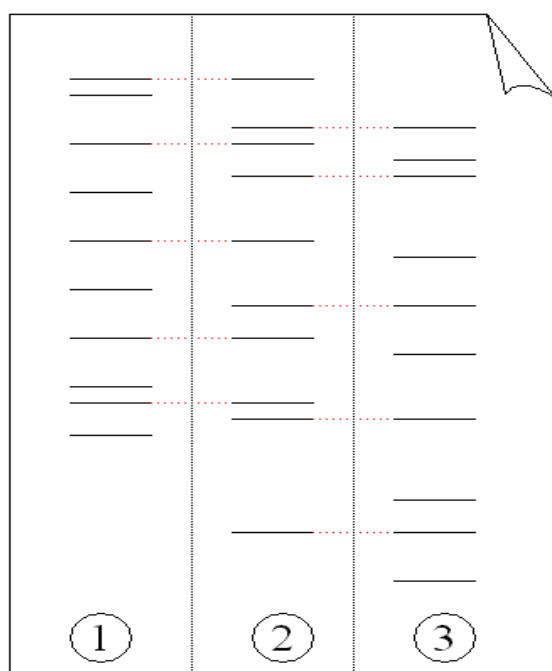
- Taq polimeraza fermenti
- Praymer F (F — forward)
- Praymer R (R — Riverse)
- dNTP — deoxsinukleotid trifasfat (A, T, S, G)
- DNK namunasi

Taq polimeraza

Taq polimeraza fermenti — termifilik eubacterial mikroorganizm *Thermus aquaticus*dan ajratib olinadi. Bunga sabab bu bakteriyadan jaratib olingan polimeraza fermenti haroratga chidamli hisoblanadi.[3]

PZRning qo'llanilish sohalari

PZR juda ko'p sohalarda qo'llanadi: sud ekspertizada, irsiy kasalliklarni aniqlashda va otalikni aniqlashda ham qo'llanadi. Quyidagi rasmdan otalikni aniqlashning sodda ko'rinishini ko'rsangiz bo'ladi.



DNK bo'lagining PZR mahsuloti:

1. Otasi
2. Bolasi
3. Onasi

Kriminalistika — PZR genetik barmoq izlarini aniqlashda ishlatiladi. Jinoyat joyidan genetik material namunasi — qon, soch, sperma, tuprik va boshqalarni olish mumkin. Olingan namunalardan DNK ajratib olinadi va PCR moshinasida reaksiya jaroyoni kechadi. Olingan mahsulotni gel elektroforezi yordamida DNK bo'laklarining joylashuv

tartibini ko‘rishimiz mumkin. Bu o‘sha shaxs namunasining genetik barmoq izi dep nomlanadi.

Tibbiy diagnostika — PZR irsiy va virusli kasalliklarning taxshisini sezilarli darajada tezlashtirib bera oladi. Kerakli gen praymerlar yordamida ko‘paytiriladi va mutatsiyalarni aniqlash uchun sekvens qilinadi.

V. MUSTAQIL TA'LIM MAVZULARI

1. Genomika fanining rivojlanishi.
2. Rekombinat DNK olish.
3. Oksil biosintezi.
4. Genomika bulimlari
5. Oksillarning tuzilishi
6. RNK tuzilishi
7. DNK tuzilishi
8. Kimyoviy evolyutsiya
9. Organik dunyoning taraqqiyoti haqida tushunchalar
10. Kimyoviy evolyutsiya haqida tushuncha
11. Hayotning paydo bo'lishining asosiy darajalari
12. Biologik rivojlanishning asoslari
13. Nukleinkislotalar turlari.
14. Genetik kod.
15. Fanning rivojlanish bosqichlari, uning mazmuni va vazifalari.
16. Gen muhandisligidagi yutuqlar.
17. Tirik organizmlarning hayotiy jarayonlari, tarixiy taraqqiyoti va organizmlarning ko'payish va rivojlanish qonuniyatlarining uzviyligi.
18. Yerdagi hayotning paydo bo'lishi va irsiyat masalalari.
19. Tirik organizmlarning asosiy biopolimerlari oqsil, nuklein kislotalari
20. Transkripsiya, translyatsiya.

VI. GLOSSARIY

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

GENETIK INJENERIYA	Gen muhandisligi rekombinant DNKlar texnologiyasi. Genetik va biokimyoviy usullar yordamida organizm yoki hujayra biologik axborotni o'zgartirish bilan tabiatda uchramaydigan, yangi xususiyatga ega bo'lgan genlar to'plamini va shu asosda yangi shtamm, nav va zotlarni yaratish.	Modification of the natural DNA sequence of a gene or genes. Genetic engineering is the basis of the modern biotechnological revolution, to which we owe such inventions as insulin-producing bacteria.
GENETIK KOD	Nuklein kislotalar molekulasidairsiy axborotning nukleotidlar ketma-ketligida berilishidan iborat. Genetik kod 3ta xarf nukleotiddan iborat bo'ladi. Butriplet deyiladi.	Three bases (e.g. 5'CGC3') in a DNA or RNA sequence specify a codon, which codes for an amino acid (e.g. arginine) in a protein. Genes are frequently tens of thousands of base-pairs long. Usually the codons of an exon are in phase within an uninterrupted open reading frame giving rise to long chains of amino acids after ribosomal translation.
GENLAR DREYFI (genetik avtonom jarayonlar)	Tasodifiy omillar ta'sirida kichik populyatsiyalarda genlar uchrashtetligining o'zgarishi. Odatda populyatsiyalarda irsiy o'zgaruvchanlik kamayishga olib keladi. Qarindosh-urug'lar orasidagi nikohlar ortib ketganida bu holat kuchayadi. Bunda populyatsiyada selektiv ahamiyati bo'lmagan genlar saqlanib qolishi va ko'payishi mumkin.	Practice of "stimulating biased inheritance of particular genes to alter entire populations. It has been proposed as a technique for changing wild populations of harmful organisms such as mosquitoes to be less dangerous.
GENOM	Genlar yig'indisi. Xromosomalarning gaploid to'plami. Genomning genotipdan farqi shundaki, u ayrim zot yoki navni emas, balki bir turni xarakterlab beradi.	A complete set (n) of chromosomes (hence, of genes) inherited as a unit from one parent plus one sex chromosome from the other parent in heterogametic individuals. The full genome sequences are available for hundreds of bacteria and viruses, human, and model organisms like mouse, frog, worm and fruit flies.

GENOTIP	Organizmning irsiy asosi. Diploid to'plamdagi barchagenlar yig'indisi.	he part (DNA sequence) of the genetic makeup of a cell, and therefore of an organism or individual, which determines a specific characteristic (phenotype) of that cell/organism/individual. Genotype is one of three factors that determine phenotype, the other two being inherited epigenetic factors, and non-inherited environmental factors.
GOMOLOGIK XROMOSOMA	Kattaligi, shakli, genlari bir xil bo'lgan juft xromosomalar.	A couple of homologous chromosomes, or homologs, are a set of one maternal and one paternal chromosomes that pair up with each other inside a cell during meiosis.
DNK	Dezoksiribonuklein kislota. Faqat odamdagina emas, balki barcha boshqa eukariotlarda, shuningdek, prokariotlarda irsiyaxborot saqlovchi sanaladi.	The molecule that encodes genetic information. DNA is a double-stranded molecule held together by weak bonds between base pairs of nucleotides. the four nucleotides in dna contain the bases stranded molecule held together by weak bonds between base pairs of nucleotides. The four nucleotides in DNA contain the bases: adenine(A), guanine (G), cytosine (C), and thymine (T). In nature, base pairs form only between A and T and between G and C; thus the base sequence of each single strand can be deduced from that of its partner.
i RNK	informatсион RNK. U o'zida DNK dan ko'chirib olingan axborotni saqlaydi va oqsil sintezi jarayonida matritsa (qolip, andaza) vazifasini bajaradi. Shuning uchun u i-RNK, matritsa-RNK si deb ham yuritiladi.	RNA that serves as a template for protein synthesis.
INTRON	i RNK nig "axborotsiz" qismlaryig'indisi.	The DNA base sequences interrupting the protein-coding sequences of a gene; these sequences are transcribed into RNA but are cut out of the message before it is translated into protein. Compare exons.

IRSIYAT	Irsiylanish jarayoni orqali organizmlarning avlodlar almashinishi davomida irsiy ma'lumotlarni avloddan-avlodga o'tkazish jarayoni.	The passing of familial elements from one generation to the next.
MODIFIKAT OR GENLAR	Organizmdagi belgi va xususiyatlarning rivojlanishida ishtirok etmay, balki boshqa asosiy genlarning ta'sirini o'zgartiruvchi, ya'ni bevosita emas, bilvosita ta'sir etuvchi genlardir.	Genes that have small quantitative effects on the level of expression of another gene
NUKLEIN KISLOTA	Yuqori molekulyar biopolimer bo'lib, juda ko'p monomerlardan tuzilgan organik birikma. Uning monomeri nukleotidlar bo'lib, nuklein kislota polinukleotid hisoblanadi.	A large molecule composed of nucleotide subunits.
PIRIMIDIN	DNK ning birinchi zanjiridagi purin azotli asosiga komplementar holatda 2 chi zanjirida joylashgan azotli asos.	Nitrogen-containing organic bases made from a single ring structure. Includes cytosine and thymine (DNA) and uracil (RNA) that base-pair with purines to form the rungs in the DNA double helical ladder.
POLIMORFIZM	Ko'p shakllilik bir tur doirasida bir-biridan keskin farq qiluvchi individlarning mavjudligi.	A Difference in DNA sequence among individuals. Genetic variations occurring in more than 1% of a population would be considered useful polymorphisms for genetic linkage analysis. Compare mutation.
PROMOTOR	Operondan oldinda joylashgan triplet guruhlaridan biri bo'lib, RNK va DNK sintezini katalizlovchi RNK polimeraza bilan birikish xususiyatiga ega.	A site on DNA to which RNA polymerase will bind and initiate transcription.
PURIN	Qo'sh zanjirli DNK molekulasining 1-zanjirida adenin va timindan iborat asos. Komplementarlik qoidasiga binoan 1-zanjirdagi purin asosiqarshisida 2-zanjirda pirimidinasosi turadi.	A nitrogen-containing, single-ring, basic compound that occurs in nucleic acids. The purines in DNA and RNA are adenine and guanine.
r RNK	RNKLar ribosomaning har ikkala subbirliklari tarkibida bo'ladi.	A class of RNA found in the ribosomes of cells.

t RNK	Transport ribonuklein kislota. RNK polimeraza fermenti ishtirokida DNK matritsasida sintezlanadi. t RNK quyi molekulyar massaga ega bo'lib, 75-85 nukleotiddan tashkil topgan. U beda bargi tipidagi ko'rinishda bo'ladi. Ribosomalarga aminokislotalarni tashish vazifasini o'taydi.	A class of RNA having structures with triplet nucleotide sequences that are complementary to the triplet nucleotide coding sequences of mRNA. The role of tRNAs in protein synthesis is to bond with amino acids and transfer them to the ribosomes, where proteins are assembled according to the genetic code carried by mRNA.
URATSIL	Pirimidin asoslari; RNK va erkinnukleotidlar tarkibiga kiradi.	A common pyrimidine found in RNA, it base pairs with adenine and is replaced by thymine in DNA. Methylation of uracil produces thymine. It turns into thymine to protect the DNA and to improve the efficiency of DNA replication. Uracil can base pair with any of the bases depending on how the molecule arranges itself on the helix, but readily pairs with adenine because the methyl group is repelled into a fixed position.
SITIZIN	Nuklein kislotalarning tarkibiy qismi bo'lgan nukleotidlarni hosil qiluvchi 4 ta azotli asosning bittasi. Komplementarlik prinsipiga asosan sitozinli azotli asos qarshisida guanin azotli asos turadi.	Pyrimidine base found in RNA and DNA. Cytosine ($C_4H_5N_3O$) forms base-pairs with guanine only. It may become methylated where it occurs consecutively to guanine in the DNA sequence (see 5-methylcytosine).
EKZON	Gen (DNK)ning genetik axborotga ega bo'lgan aminokislotalar ketma-ketligini ifodalovchi (kodlovchi) qismi. Ekzonlar intron bilan gallashib turadi.	The protein-coding DNA sequences of a gene. Compare introns.
EKSPRESSIYA	Namoyon bo'lish - muayyan gen tomonidan aniqlanuvchi belgining fenotipda organizmning yashash sharoitiga qarab namoyon bo'lish darajasi.	Production of observable/detectable characteristics of an organism, usually due to the synthesis of protein.

VII. ADABIYOTLAR RO'YXATI

I. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining asarlari

1. Mirziyoyev Sh.M. Buyuk kelajagimizni mard va olijanob xalqimiz bilan birga quramiz. – T.: “O'zbekiston”, 2017. – 488 b.
2. Mirziyoyev Sh.M. Milliy taraqqiyot yo'limizni qat'iyat bilan davom ettirib, yangi bosqichga ko'taramiz. 1-jild. – T.: “O'zbekiston”, 2017. – 592 b.
3. Mirziyoyev Sh.M. Xalqimizning roziligi bizning faoliyatimizga berilgan eng oliy bahodir. 2-jild. T.: “O'zbekiston”, 2018. – 507 b.
4. Mirziyoyev Sh.M. Niyati ulug' xalqning ishi ham ulug', hayoti yorug' va kelajagi farovon bo'ladi. 3-jild.– T.: “O'zbekiston”, 2019. – 400 b.
5. Mirziyoyev Sh.M. Milliy tiklanishdan – milliy yuksalish sari. 4-jild.– T.: “O'zbekiston”, 2020. – 400 b.

II. Normativ-huquqiy hujjatlar

1. O'zbekiston Respublikasining Konstitutsiyasi. – T.: O'zbekiston, 2023.
2. O'zbekiston Respublikasining 2020-yil 23-sentabrda qabul qilingan “Ta'lim to'g'risida”gi Qonuni.
3. O'zbekiston Respublikasining “Korrupsiyaga qarshi kurashish to'g'risida”gi Qonuni.
4. 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-sonli Farmoni.
5. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019-yil 27-maydagi “O'zbekiston Respublikasida korrupsiyaga qarshi kurashish tizimini yanada takomillashtirish chora-tadbirlari to'g'risida”gi PF-5729-son Farmoni.
6. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019-yil 27-avgustdagi “Oliy ta'lim muassasalari rahbar va pedagog kadrlarining uzluksiz malakasini oshirish tizimini joriy etish to'g'risida”gi PF-5789-sonli Farmoni.
7. 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-sonli Qarori.
8. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019-yil 8-oktabrdagi “O'zbekiston Respublikasi oliy ta'lim tizimini 2030-yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to'g'risida”gi PF-5847- sonli Farmoni.
9. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2020-yil 29-oktabr “Ilm-fanni 2030 yilgacha rivojlantirish konsepsiyasini tasdiqlash to'g'risida”gi PF-6097-sonli Farmoni.
10. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2021-yil 17-fevraldagi “Sun'iy intellekt texnologiyalarini jadal joriy etish uchun shart-sharoitlar yaratish chora-tadbirlari to'g'risida”gi PQ-4996-son Qarori.
11. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2022-yil 28-yanvardagi “2022-2026 yillarga mo'ljallangan Yangi O'zbekistonning taraqqiyot strategiyasi to'g'risida”gi PF-60-son Farmoni.

12. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2023-yil 25-yanvardagi “Respublika ijro etuvchi hokimiyat organlari faoliyatini samarali yo‘lga qo‘yishga doir birinchi navbatdagi tashkiliy chora-tadbirlar to‘g‘risida”gi PF-14-sonli Farmoni.

13. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2023-yil 11-sentabrdagi ““O‘zbekiston - 2030” strategiyasi to‘g‘risida”gi PF-158-son Farmoni.

14. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2024-yil 21-iyundagi “Aholi va davlat xizmatchilarining korrupsiyaga qarshi kurashish sohasidagi bilimlarini uzluksiz oshirish tizimini joriy qilish chora-tadbirlari to‘g‘risida” PQ-228-son Qarori.

III. Maxsus adabiyotlar

1. Oliy ta’limning meyoriy - huquqiy xujjatlari to‘plami. -T., 2013.

2. B.I.Ismailov, I.I.Nasriyev Korrupsiyaga qarshi kurashish bo‘yicha idoraviy chora-tadbirlarning samaradorligini oshirish masalalari//O‘quv-uslubiy qo‘llanma. - T.:O‘zbekiston Respublikasi Bosh prokuraturasi Akademiyasi, O‘zbekiston Respublikasi Sudyalar oliy kengashi. Sudyalar oliy maktabi, 2020.-272 b.

3. Юсуфжанов О., Усманова С. Зарубежный опыт противодействия коррупции. // -Т.: Адвокат, 2016. №5 - 59-62 с.

4. O‘rinov V. O‘zbekiston Respublikasi oliy ta’lim muassasalarida ECTS kredit-modul tizimi: asosiy tushunchalar va qoidalar. O‘quv qo‘llanma. Nyu Bransvik Universiteti, 2020.

5. The European Higher Education Area. - Joint Declaration of the Ministers of Education. - Bologna, 1999, 19 June.

6. Shaping our Own Future in the European Higher Education Area // Convention of European Higher Education Institutions. - Salamanca, 2001, 29-30 march.

7. Виртуальная реальность как новая исследовательская и образовательная среда. Церфуз Д.н. и др. // ЖУРНАЛ [Научно-аналитический журнал «Вестник Санкт-Петербургского университета Государственной противопожарной службы МЧС России»](#), 2015. – с.185-197.

8. Ibraymov A.YE. Masofaviy o‘qitishning didaktik tizimi. Metodik qo‘llanma. – T.: “Lesson press”, 2020. -112 b.

9. Игнатова Н. Ю. Образование в цифровую эпоху: монография. М-во образования и науки РФ. – Нижний Тагил: НТИ (филиал) УрФУ, 2017. – 128 с. http://elar.urfu.ru/bitstream/10995/54216/1/978-5-9544-0083-0_2017.pdf

10. Кирьякова А.В, Ольховая Т.А., Михайлова Н.В., Запорожко В.В. Интернет-технологии на базе LMS Moodle в компетентностно-ориентированном образовании: учебно-методическое пособие / А.В. Кирьякова, Т.А. Ольховая, Н.В. Михайлова, В.В. Запорожко. Оренбургский гос. ун-т.– Оренбург: ОГУ, 2011.116 с. http://www.osu.ru/docs/fpkp/kiryakova_internet_technologies.pdf

11. Кононюк А.Е. Облачные вычисления. – Киев, 2018. – 621 с.

12. Oliy ta’lim tizimini raqamli avlodga moslashtirish konsepsiyasi. Yevropa Ittifoqi Erasmus+ dasturining ko‘magida. https://hiedtec.ecs.uniruse.bg/pimages/34/3._UZBEKISTAN-CONCEPT-UZ.pdf

13. Emelyanova O. A. Ta’limda bulutli texnologiyalardan foydalanish // Yosh olim. - 2014. - № 3. - S. 907-909.

14. Moodle LMS tizimida masofaviy kurslar yaratish. O‘quv-uslubiy qo‘llanma. – T.: Toshkent farmatsevtika instituti, 2017.

15. M.Xurramov. Oliy ta'lim muassasalari faoliyatiga sun'iy intellekt texnologiyasini joriy etish [Matn]: metodik qo'llanma / M.Xurramov. K.Xalmuratova. – T.: “Yetakchi nashriyoti”, 2024. – 28 b.
16. Тенденци и развития высшего образования в мире и в России. Аналитический доклад-дайджест. - М., 2021.- 198 с.
17. A.S. Zikriyoyev. Dunyo universitetlari reytingidagi tadqiqotchi olimlar orasida o'zingizni kashf qiling. -T.: Navro'z, 2020. ISBN.9789943659285
18. Sherzod Mustafakulov, Aziz Zikriyoev, Dilnoza Allanazarova, Tokhir Khasanov, Sokhibmalik Khomidov. Explore Yourself Among World – Class Researchers. Grand OLEditor, Tashkent 2019, ISBN: 8175 25766-0.
19. Ackoff, Russell L., Scientific Method, New York: John Wiley & Sons, 1962.
20. Barzun, Jacques & Graff. F. (1990). The Modern Researcher, Harcourt, Brace Publication: New York.
21. Muslimov N.A va boshqalar. Innovatsion ta'lim texnologiyalari. O'quv-metodik qo'llanma. – T.: “Sano-standart”, 2015. – 208 b.
22. Muslimov N.A va boshqalar. Pedagogik kompetentlik va kreativ asoslari. O'quv-metodik qo'llanma. – T.: “Sano-standart”, 2015. – 120 b.
23. Печеркина, А. А. Развитие профессиональной компетентности педагога: теория и практика [Текст] : монография / А. А. Печеркина, Э. Э. Сыманюк, Е. Л. Умникова : Урал. гос. пед. ун-т. – Екатеринбург : [б.и.], 2011. – 233 с.
24. О.С. Фролова. Формирование инновационной компетенции педагога в процессе внутришкольного повышения квалификации. Дисс.к.п.н. Воронеж 2018.
25. Компетенции педагога XXI века [Электронный ресурс]: сб. материалов респ. конференции (Минск, 25 нояб. 2021 г.) / М-во образования Респ. Беларусь, ГУО «Акад. последиплом. образования», ОО «Белорус. пед. о-во». – Минск: АПО, 2021.
26. Ishmuhamedov R.J., M.Mirsoliyeva. O'quv jarayonida innovatsion ta'lim texnologiyalari. – T.: «Fan va texnologiya», 2017, 60 b.
27. Ishmuhamedov R, Mirsoliyeva M, Akramov A. Rahbarning innovatsion faoliyati. – T.: Fan va texnologiyalar, 2019.- 68 b.
28. Коджаспирова Г.М. Педагогика в схемах, таблицах и опорных конспектах./ -М.:Айрис-пресс, 2016.
29. Натанзон Э. Ш. Приемы педагогического воздействия. – М., 2012. - 202 с.
30. Сергеев И.С. Основы педагогической деятельности: Учебное пособие. – СПб.: Питер, 2014.
31. Попов В.В. Геномика с молекулярно-генетическими основами.-М.:Изд. Либроком, 2014. -304 с.
32. Raximov A.K. Evolyutsion ta'limot. Elektron darslik. Intellektual mulk agentligi. N DGU 04588.- T., 2017.
33. Леск А.М. Введение в биоинформатику /Introduction to Bioinformatics / пер. с англ. под ред. А.А.Миронова, В. К. Швядаса. - М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. - 318, [2] с. : св. ил., рис.
34. Lyuin B. Geni. Per. s angl. – М.: Binom, 2012. -400 s.

35. Иванов В.И. Генетика. -М.: Академ книга, 2006.
36. Информационные технологии в педагогическом образовании / Киселев Г.М., Бочкова Р.В. - 2-е изд., перераб. и доп. - М.: Дашков И.К, 2018. – 304 с.
37. Ishmuhamedov R.J., M.Mirsoliyeva. O'quv jarayonida innovatsion ta'lim texnologiyalari. – T.: Fan va texnologiyalar, 2014.- 60 b.
38. Xoliknazarov B. Individual rivojlanish biologiyasi. -T.: 2006.
39. Загоскина Н.В. Биотехнология: теория практика. -М.: “Оникс”, 2009. - 402 стр.
40. David Spencer “Gateway”, Students book, Macmillan 2012.
41. Steve Taylor “Destination” Vocabulary and grammar”, Macmillan 2010.
42. Lindsay Clandfield and Kate Pickering “Global”, B2, Macmillan. 2013. 175.
43. English for Specific Purposes. All Oxford editions. 2010, 204.
44. Mitchell H.Q. Marileni Malkogianni “PIONEER”, B1, B2, MM Publications. 2015. 191.
45. Mitchell H.Q. “Traveller” B1, B2, MM Publications. 2015. 183.
46. Marketa Zvelebil, Jeremy O. Baum // Understanding Bioinformatics, Garland Science 2007. 798 pages
47. Karvita V., Ahluwala.GENETICS. New age International (P) LTD. Publishers, 2009. India. p.156.
48. Neal C.Stewart, Jr. Plant biotechnology and genetics:principles, techniques, and applications John Wiley & Sons, Inc. 2008.—416 p.
49. Natalie Denmeade. Gamification with Moodle. Packt Publishing - ebooks Account 2015. - 134 pp.
50. Neal C.Stewart, Jr. Plant biotechnology and genetics:principles, techniques, and applications John Wiley & Sons, Inc. 2008.—416 p.
51. Paul Kim. Massive Open Online Courses: The MOOC Revolution. Routledge; 1 edition 2014. - 176 pp.
52. William Rice. Moodle E-Learning Course Development - Third Edition. Packt Publishing - ebooks Account; 3 edition 2015. - 350 pp.
53. English for academics. Cambridge University Press and British Council Russia, 2014. Vook 1,2.
54. Reiss M. J. Journal of Biological Education: A Personal Reflection on its First 50 Years Journal of Biological Education, 2016 Vol. 50, No. 1.

IV. Elektron ta'lim resurslari

1. www.edu.uz.
2. www.aci.uz.
3. www.ictcouncil.gov.uz.
4. www.lib.bimm.uz
5. [www. Ziyonet. Uz](http://www.Ziyonet.Uz)
6. www.sciencedirect.com
7. www.acs.org
8. www.nature.com

**O‘ZBEKISTON MILLIY UNIVERSITETI
HUZURIDAGI PEDAGOG KADRLARNI
QAYTA TAYYORLASH VA ULARNING
MALAKASINI OSHIRISH TARMOQ
(MINTAQAVIY) MARKAZI**



VEB-SAYT