



**FARG'ONA DAVLAT UNIVERSITETI
HUZURIDAGI PEDAGOG KADRLARNI
QAYTA TAYYORLASH VA ULARNING
MALAKASINI OSHIRISH
MINTAQAVIY MARKAZI**



**“BIOLOGIYA FANINI
O'QITISHDA IT (INFORMATION
TEXNOLOGIYALAR) MA'LUMOT
MATERIALLARDAN
FOYDALANISH”**



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

**FARG‘ONA DAVLAT UNIVERSITETI HUZURIDAGI PEDAGOG
KADRLARNI QAYTA TAYYORLASH VA ULARNING MALAKASINI
OSHIRISH MINTAQAVIY MARKAZI**

**BIOLOGIYA FANINI O‘QITISHDA IT
(INFORMATION TEXNOLOGIYALAR)
MA‘LUMOT MATERIALLARDAN
FOYDALANISH**

**MODULI BO‘YICHA
O‘QUV–USLUBIY MAJMU‘A**

Farg‘ona - 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.

Tuzuvchi: FarDU “Biologiya” kafedrasida dotsenti **M.Nazarov**

Taqrizchi: FDU, Zoologiya va umumiy biologiya kafedrasida dotsenti,
b.f.n **M.Yunusov**

*Ishchi o‘quv dasturi FarDU Ilmiy Kengashining qarori bilan tasdiqqa tavsiya qilingan
(2025 yil 27 dekabrda 5- sonli bayonnoma).*

MUNDARIJA

<u>I. ISHCHI DASTUR</u>	5
II. MODULNI O‘QITISHDA FOYDALANILADIGAN INTERFAOL TA’LIM METODLARI.	20
III. NAZARIY MASHG‘ULOT MATERIALLARI	25
IV. AMALIY MASHG‘ULOT MATERIALLARI	46
V.KO'CHMA MASHG'ULOT.....	52
VI. GLOSSARIY	61
VII.ADABIYOTLAR RO'YXATI.....	64

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‘shish tamoyillariga asoslangan yuqori iqtisodiy o‘shish 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'sishning 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, refleksiv, 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 boqichlari, 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 mayeriallar yaratish va bulut xizmatlarida saqlash;
 - masofiviy ta’lim platformalari uchun video kontent yaratish;
 - Internetda mualliflik huquqlarini himoya qilish usullaridan foydalanish;
 - raqamli ta’lim resurslari sifatini baholash;
 - 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)ni 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 xususiyatlarini tahlil etish va baholash;
- ijtimoiy va kasbiy tajribaga asoslangan intellektual mashqlarni ishlab chiqish;
- o‘quv jarayoni ishtirokchilarini bir-birlari bilan tanishtirish, samimiy do‘stona munosabat va ijodiy muhitni yuzaga keltirish, tinglovchilarning ijodiy imkoniyati va shaxsiy sifatlarini ochish, tinglovchilarning hamkorlikda ishlashlari uchun qulay sharoitni vujudga keltirish;
- tinglovchilarning kasbiy kompetensiyalarini o‘rganish, tanishish;
- kasbiy kompetensiyalarni rivojlantirish jarayonida pedagogik deontologiyaning roli, ahamiyatini ochib berish;
- ta’lim sifatiga ta’sir etuvchi omillar (moddiy-texnik baza, 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’munalari boshorat 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‘shish tamoyillariga asoslangan yuqori iqtisodiy o‘shish dasturlarini amaliyotga tadbiq 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;
- OTMLlarda talim, ilmiy va innovatsion faoliyatni rivojlantirish, ilmiy tadqiqot natijalarni tijoratlashtirish yo‘llarini tahlil etish va amaliyotga tadbiq etish;
- «Amaliyotchi professorlar» (PoP, Professor of Practice) modelini qo‘llash;
- professor-o‘qituvchilarning tadqiqotchi sifatidagi nashr faolligini rivojlantirish istiqbollari yoritib berish;
- pedagogning kasbiy kompetensiyalarini rivojlantirishning nazariy asoslarini amaliyotga tadbiq 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‘llash;
- 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

“Biologiya fanini o‘qitishda IT (information texnologiyalar) ma’lumot materiallardan foydalanish” moduli mazmuni o‘quv rejadagi “Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi va jamiyatning ma’naviy asoslari”, “Oliy ta’limning normativ huquqiy asoslari 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” ,“ Biologik makromolekulalar va ularning axamiyati” 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 biologiya yo‘nalishida information texnologiyalarning o‘rni, katta ma’lumotlar va nukleotid va

oqsil ketma-ketliklar ma'lumotlar bazasi tizimlaridan foydalanish va amalda qo'llashga doir kasbiy kompetentlikka ega bo'ladilar.

Modul bo'yicha soatlar taqsimoti

№	Modul mavzulari	Auditoriya uquv yuklamasi			
		Jami	jumladan		
			Nazariy	Amaliy	Ko'chma
1.	Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni. NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish	4	2	2	
2.	Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish taxlil qilish. Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar.	10	2	2	6
3.	Bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi. Bioinformatsion texnologiyalardan dars mashg'ulotlarida foydalanish usullari.	4	2	2	
4.	Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. Molekulyar filogenetika.	10	2	2	6
	Jami:	28	8	8	12

NAZARIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1-mavzu: Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni. Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari. Bioinformatsion ba'zalar va ularning axamiyati. (2 soat)

2-mavzu: Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish taxlil qilish. (2 soat)

Bioinformatsion bazalardan darslarda foydalanish samaradorligi.

3-mavzu: Bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi. Bioinformatsion dasturlar turlari ahamiyati. BLAST dasturida ishlash. ORFinder ochiq ramkasi orqali oqsillar namunalari bashorat qilish. (2 soat)

4-mavzu: Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. (2 soat)

AMALIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1-amaliy mashg'ulot: NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish. (2 soat)

2-amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. (2 soat)

3-amaliy mashg'ulot: Bioinformatsion texnologiyalardan dars mashg'ulotlarida foydalanish usullari. (2 soat)

4-amaliy mashg'ulot: Molekulyar filogenetika. (2 soat)

KO'CHMA MASHG'ULOT MAZMUNI

Ko'chma mashg'ulotlar "Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish taxlil qilish" (6 soat) hamda "Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish" (6 soat) mavzulari yuzasidan zamonaviy jihozlar hamda innovatsion texnologiyalarni qo'llab faoliyat yuritayotgan ishlab chiqarish korxonasi va tashkilotlari, oliy ta'lim muassasalari, iqtisodiyot tarmoqlari, ilmiy-tadqiqot va loyiha-konstruktorlik muassasalarida olib boriladi.

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.

“KWHL” 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. KWHL:

Know – nimalarni bilaman?

Want – nimani bilishni xohlayman?

How - qanday bilib olsam bo‘ladi?

Learn - nimani o‘rganib oldim?

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

“WIH” 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 qismlari tushirilgan tarqatma materiallarni tarqatadi;



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



navbatdagi bosqichda barcha guruhlar o'z taqdimotlarini o'tkazadilar. Shundan so'ng, trener tomonidan tahlillar umumlashtiriladi, zaruriy axborotl 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 so'z bo'lib, («case» – aniq vaziyat, hodisa, «stadi» – o'rganmoq, tahlil qilmoq) aniq vaziyatlarni o'rganish, tahlil qilish asosida o'qitishni amalga oshirishga qaratilgan metod hisoblanadi. Mazkur metod dastlab 1921 yil Garvard universitetida amaliy vaziyatlardan iqtisodiy boshqaruv fanlarini o'rganishda

foydalanish tartibida qo'llanilgan. 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 ta'minoti bilan tanishtirish	<ul style="list-style-type: none"> ✓ yakka tartibdagi audio-vizual ish; ✓ keys bilan tanishish (matnli, audio yoki media shaklda); ✓ axborotni umumlashtirish; ✓ axborot tahlili; ✓ muammolarni aniqlash
2-bosqich: Keysni aniqlashtirish va o'quv topshirig'ni belgilash	<ul style="list-style-type: none"> ✓ individual va guruhda ishlash; ✓ muammolarni dolzarblik ierarxiasini aniqlash; ✓ asosiy muammoli vaziyatni belgilash
3-bosqich: Keysdagi asosiy muammoni tahlil etish orqali o'quv topshirig'ining yechimini izlash, hal etish yo'llarini ishlab chiqish	<ul style="list-style-type: none"> ✓ individual va guruhda ishlash; ✓ muqobil yechim yo'llarini ishlab chiqish; ✓ har bir yechimning imkoniyatlari va to'siqlarni tahlil qilish; ✓ muqobil yechimlarni tanlash
4-bosqich: Keys yechimini shakllantirish va asoslash, taqdimot.	<ul style="list-style-type: none"> ✓ yakka va guruhda ishlash; ✓ muqobil variantlarni amalda qo'llash imkoniyatlarini asoslash; ✓ ijodiy-loyiha taqdimotini tayyorlash; ✓ yakuniy xulosa va vaziyat yechimining amaliy aspektlarini yoritish

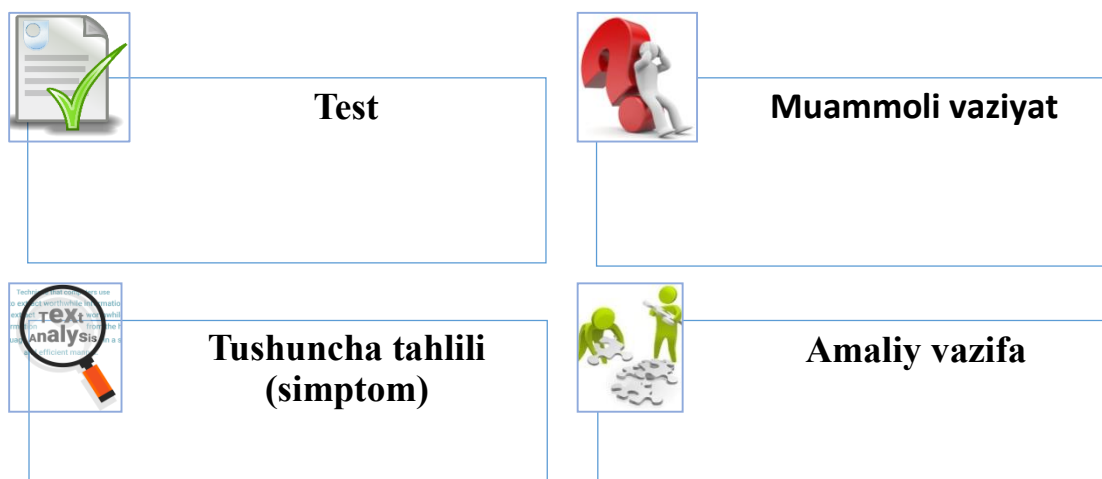
“Assesment” metodi

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

Metodni amalga oshirish tartibi:

“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: Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni.

Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari. Bioinformatsion ba'zalar va ularning ahamiyati.

Biologiya sohasida informatsion texnologiyalar (IT) katta o'rin tutadi va ilm-fan taraqqiyotini yangi darajaga olib chiqmoqda. Quyida biologiyada IT'ning asosiy yo'nalishlari va ahamiyati.

Biologik ma'lumotlarni tahlil qilish (Bioinformatika)

Bioinformatika biologiya va IT sohalarining kesishmasida paydo bo'lgan yo'nalish bo'lib, biologik ma'lumotlarni yig'ish, saqlash va tahlil qilish bilan shug'ullanadi. Masalan: Genomik ma'lumotlarni tahlil qilish: DNK va RNK ketma-ketliklarini tahlil qilish uchun maxsus dasturlar (masalan, BLAST, Clustal Omega) ishlatiladi.

Protein strukturasi va funksiyasini tadqiq qilish.

Evolyutsion o'xshashliklarni aniqlash.

Genom muharrirligi va genetik muhandislik CRISPR-Cas9 kabi texnologiyalar yordamida genetik materialni o'zgartirish imkonini beradi. Bu jarayonda IT vositalari genetik ketma-ketliklarni aniqlash va modellashtirishda muhim rol o'ynaydi.

Tibbiy biotexnologiya va kasalliklarni aniqlash IT vositalari viruslar, bakteriyalar va boshqa patogenlarning genetik tahlilini o'tkazish uchun ishlatiladi.

Sun'iy intellekt yordamida kasalliklarni erta aniqlash tizimlari yaratilmoqda (masalan, saratonni aniqlash uchun MRI tasvirlarini tahlil qilish).

COVID-19 pandemiyasida vaksina yaratishda superkompyuterlar va bioinformatika platformalari ishlatilgan.

Biologik modellashtirish va simulyatsiya Kompyuter modellaridan foydalanib, hujayralar yoki to'qimalar faoliyatini o'rganish mumkin. Ekotizimlar, populyatsiyalar va evolyutsion jarayonlarni modellashtirishda ishlatiladi. Klimatologiya va ekologiya sohalarida biologik o'zgarishlarni bashorat qilish.

Ma'lumotlarni saqlash va boshqarish Biologik tajribalardan olingan katta hajmdagi ma'lumotlar maxsus ma'lumotlar bazalarida saqlanadi:

GenBank, EMBL-EBI, va PDB kabi global ma'lumotlar bazalari. Bulutli texnologiyalar va server infratuzilmalari katta hajmdagi biologik ma'lumotlarni tezkor tahlil qilishga yordam beradi.

Biotibbiyotda sun'iy intellekt va mashinaviy o'qitish. Sun'iy intellekt molekulyar dori vositalarini ishlab chiqishda ishlatilmoqda. Mashinaviy o'qitish algoritmlari o'simliklarning o'sishi, mahsuldorlikni oshirish yoki o'simlik kasalliklarini aniqlashda yordam beradi.

O'quv jarayonlarida IT vositalari Biologiyani o'rgatish va o'rganishda virtual laboratoriyalar, 3D modellar, o'quv platformalari va dasturlar ishlatiladi. Masalan: Hujayra yoki molekullarni 3D formatda vizualizatsiya qilish. Talabalarga tajribalarni simulyatsiya qilish imkonini beruvchi dasturlar.

Xulosa. Informatsion texnologiyalar biologiya sohasida yangi imkoniyatlarni ochib bermoqda. Ushbu texnologiyalar yordamida inson salomatligini yaxshilash, atrof-muhitni asrash va ilmiy tadqiqotlarni rivojlantirish jarayonlari sezilarli darajada tezlashdi. Biologiya va IT sohasidagi integratsiya kelajakda yanada ko'proq yutuqlarni olib keladi.

Savollar

1. Biologik axborotlar qanday bazalarda saqlanadi?
2. Biologik axborotlarning o'ziga xos tomonlarini ayting?
3. Biologik axborotlardan qanday maqsadlarda foydalaniladi?

Zamonaviy biologiya fanining yutuqlari.

Zamonaviy biologiya fani o'zining yutuqlari bilan katta burilishlar va yangi imkoniyatlarni yaratib, hayotning turli jabhalarini chuqur o'rganish imkonini berdi. Quyida biologiyaning asosiy yutuqlarini keltirib o'tilgan: **Genomika va Genetik tadqiqotlar** Genomika fani biologiyaning eng muhim yutuqlaridan biri hisoblanadi. Ushbu soha odamlar, hayvonlar, o'simliklar va mikroorganizmlarning genomlarini to'liq o'rganishga imkon berdi. **Odam genomining xaritasi (Human Genome Project):** 2003-yilda yakunlangan Odam genomining xaritasi insonning 20,000–

25,000 ta geni va ularning ishlash tartibini aniqladi. Bu tadqiqot genomning to'liq nusxasini yaratishga imkon berdi va genetik kasalliklarni tushunishga, ularni aniqlashga, davolash usullarini takomillashtirishga yordam berdi. **CRISPR-Cas9 texnologiyasi:** Genlarni tahrirlashda ishlatiladigan CRISPR texnologiyasi biotexnologiyada inqilobiy yutuq bo'ldi. Bu usul yordamida olimlar genlarni o'zgartirish va yaxshilash imkoniyatiga ega. Bu metod yangi dori vositalarini yaratish, genetik kasalliklarni davolash va hatto o'simliklarni yaxshilashda qo'llaniladi.

Bioinformatika. Bioinformatika biologiyaning ma'lumotlarni tahlil qilish va ishlash usullarini avtomatlashtirish uchun IT texnologiyalaridan foydalanishiga asoslanadi. Bioinformatika yordamida olimlar katta hajmdagi biologik ma'lumotlarni (genetik, proteomik, metabolomik va boshqa) tez va samarali tahlil qilmoqda. **Proteomika:** Proteomika sohasida, biologik tizimlar va organizmlar tarkibidagi barcha oqsillarni o'rganish uchun yangi metodlar ishlab chiqildi. Bu usul yordamida oqsillarning tuzilishi va funktsiyalarini tushunishga, ularning kasalliklar bilan aloqasini aniqlashga imkon beradi. **Tibbiy diagnostika:** AI yordamida tibbiy tasvirlarni, masalan, rentgen, MR-tasvirlar va CT skanerlari orqali kasalliklarni aniqlashda yuqori aniqlikda ishlash mumkin. Ular shuningdek, genetik kasalliklarni oldindan aniqlashda, davolash usullarini optimallashtirishda ham qo'llaniladi. **Personalizatsiyalangan tibbiyot:** Sun'iy intellekt va mashinani o'rganish yordamida bemorlarning genetik ma'lumotlari va tibbiy tarixiga asoslangan aniq davolash rejalarini ishlab chiqish mumkin.

Stem Cell (Hujayra terapiyasi) va Regenerativ tibbiyot. Stem cell yoki hujayra terapiyasi sohasida katta yutuqlar bor. Stem cell (bo'linuvchi hujayralar) yordamida organizmdagi zararlangan yoki o'lim holatiga kelgan to'qimalarni yangilash mumkin. Bu soha asosan regenerativ tibbiyotda, ya'ni jarohatlar, yurak kasalliklari va nevrologik kasalliklarni davolashda keng qo'llanilmoqda. **Yangi dori vositalari va terapiya.** Zamonaviy biologiya sohasidagi boshqa bir katta yutuq – bu yangi dori vositalarini yaratishdagi yutuqlardir. **Immunoterapiya:** Rakni davolashda immunoterapiya qo'llanilmoqda. Bu usulda organizmning immun tizimi yordamida saraton hujayralarini yo'q qilishga harakat qilinadi. Misol uchun, PD-1 inhibitorlari va CAR-T

hujayra terapiyasi kabi usullar rakni davolashda muvaffaqiyatli qo'llanilmoqda. **Gen terapiyasi:** Gen terapiyasi, ayniqsa, genetik kasalliklarni davolashda yangi umidlarni yaratdi. Odamlarning hujayralariga genetik material kiritish orqali ularni davolash mumkin bo'ldi. **Ekologiya va Atrof-muhitni himoya qilish** Zamonaviy biologiya ekologiya sohasida ham o'z o'rnini topgan. Masalan: **Biodiversitetni saqlash:** Ekosistemalar va turli hayvonlar va o'simliklar turlarining o'zgarishini tahlil qilish uchun yuqori texnologiyali metodlar va masofaviy kuzatuvlar ishlatilmoqda. **Atrof o'zgarishlarini o'rganish:** Biologiya va ekologiya yangi yutuqlari, iqlim o'zgarishining biologik ta'sirlarini tushunishga yordam beradi, bu esa atrof-muhitni saqlash va yashash muhitlarini yaxshilash uchun zarur bo'lgan tadbirlarni ishlab chiqish imkonini beradi.

Mikrobioma tadqiqotlari. Mikrobiom (tanadagi mikroorganizmlar to'plami)ni o'rganish biologiyada yangi bir soha bo'lib, bu sohadagi yutuqlar odam tanasidagi mikroorganizmlarning salomatlikka bo'lgan ta'sirini tushunishga yordam beradi. Bu soha asosan ozuqa va ichak mikroflorasining inson salomatligiga qanday ta'sir qilishi haqida yangi bilimlar beradi.

Zamonaviy biologiya sohasidagi bu yutuqlar, biotexnologiya, tibbiyot, ekologiya, va genetika kabi sohalarda yangi imkoniyatlar yaratib, insoniyatga nafaqat kasalliklarni davolash, balki umuman hayotni yaxshilash imkoniyatini beradi.

Bioinformatsion ba'zalar va ularning ahamiyati. Bioinformatsion bazalar (yoki bioinformatik bazalar) biologiya va tibbiyot sohasidagi ma'lumotlarni to'plash, saqlash, tahlil qilish va ulardan samarali foydalanish uchun yaratilgan tizimlardir. Ushbu bazalar turli biologik ma'lumotlarni, masalan, genetik, protein, metabolik va boshqa biologik ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. Ularning ahamiyati juda katta, chunki ular biologik tadqiqotlarni tezlashtirishga, yangi ilmiy kashfiyotlarni amalga oshirishga va kasalliklarni davolashda innovatsion yondoshuvlarni ishlab chiqishga yordam beradi.

Bioinformatsion bazalar va ularning turlari

Genomik ma'lumotlar bazalari. GenBank: GenBank — bu genomik

ma'lumotlar bazasi bo'lib, unda genetik sekanslar (DNA va RNA) saqlanadi. Unga dunyo bo'ylab ko'plab ilmiy laboratoriyalar tomonidan kiritilgan ma'lumotlar mavjud. GenBank asosan genetik tadqiqotlar, yangi genlar va genetik kasalliklarni aniqlashda foydalidir.

Ensembl: Ensembl genomik ma'lumotlar bazasi bo'lib, u turli organizmlar genomlarini taqdim etadi. Ensembl, asosan, odamlar, sichqonlar, o'simliklar va boshqa hayvonlar haqida ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. Bu bazadan genomik, transkriptomik va proteomik tadqiqotlar uchun foydalanish mumkin.

Protein ma'lumotlar bazalari. UniProt: UniProt — bu proteinlarning sekanslari, tuzilishi va funktsiyalari haqida ma'lumotlarni taqdim etuvchi bazadir. UniProt biologlar va biokimyogarlarni uchun juda muhim, chunki u proteinlarning qanday ishlashini va ularning kasalliklar bilan bog'liqligini tushunishga yordam beradi. Protein Data Bank (PDB): PDB — bu proteinlarning 3D tuzilishlari haqida ma'lumotlarni saqlovchi bazadir. Ushbu ma'lumotlar biologik tadqiqotlar, dori ishlab chiqish va biologik jarayonlarni modellashtirish uchun juda muhim.

Metabolomik ma'lumotlar bazalari. HMDB (Human Metabolome Database): HMDB — bu inson organizmida uchraydigan barcha metabolitlar haqida ma'lumotlarni taqdim etuvchi bazadir. Bu bazada metabolizm, metabolik yo'llar va metabolomika bo'yicha boshqa muhim ma'lumotlar mavjud. HMDB tibbiy tadqiqotlar va yangi dori vositalarini ishlab chiqishda qo'llaniladi.

Bioinformatik tahlil uchun umumiy bazalar. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): BLAST — bu biologik sekanslarni solishtirish va izlash uchun ishlatiladigan asbobdir. BLAST orqali olimlar o'rgangan genetik sekanslarni boshqa bazalardagi ma'lumotlar bilan solishtirish va ularning kelib chiqishini aniqlashlari mumkin.

KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes): KEGG — bu genetik va metabolik yo'llar, biologik tizimlar va ularning o'zaro ta'sirini o'rganish uchun ishlatiladigan ma'lumotlar bazasidir. KEGG, shuningdek, dori ishlab chiqish va kasalliklarni tahlil qilishda ham foydalidir.

Sistematika va taksonomiya bo'yicha ma'lumotlar bazalari. NCBI Taxonomy

Database: NCBI (National Center for Biotechnology Information) tomonidan ishlab chiqilgan bu bazada barcha organizmlar haqida taksonomik ma'lumotlar mavjud. U tizimli biologiya, ekologiya va filogeniya sohalarida keng qo'llaniladi. **Epidemiologik va klinik ma'lumotlar bazalari. dbGaP (Database of Genotypes and Phenotypes):** dbGaP — bu genotiplar va fenotiplar haqida ma'lumotlarni taqdim etadigan bazadir. U genomik va klinik tadqiqotlarda foydalaniladi va genetika-epidemiologiya sohalarida yordam beradi.

Bioinformatsion bazalarning ahamiyati. Tadqiqotlarni tezlashtirish: Bioinformatsion bazalar ilmiy tadqiqotlarni tezlashtiradi, chunki ular biologik ma'lumotlarni tez va samarali olish imkonini beradi. Olimlar va tadqiqotchilar biologik tizimlar va jarayonlarni o'rganish uchun ma'lumotlarni tahlil qilishda shu bazalardan foydalanishadi.

Genetik kasalliklarni aniqlash: Genomik ma'lumotlar bazalari genetik kasalliklarni aniqlashda muhim vositadir. Masalan, GenBank yoki Ensembl kabi bazalar yordamida olimlar genetik mutatsiyalarni, genetik kasalliklarni va ularning sabablarini aniqlashlari mumkin.

Tibbiyotda foydalanish: Bioinformatsion bazalar tibbiyotda ham muhim ahamiyatga ega. Ular yangi dorilarni yaratish, shuningdek, personalizatsiyalangan tibbiyotni rivojlantirishda yordam beradi. Masalan, protein sekanslari, genetik mutatsiyalar va metabolitlar haqidagi ma'lumotlar yangi davolash usullarini ishlab chiqishda qo'llaniladi.

Biodiversitetni o'rganish: Taksonomiya va ekologiya sohalaridagi ma'lumotlar bazalari, organizmlarning turli turlarini o'rganish, biodiversitetni saqlash va ekologik tizimlarni yaxshilashda yordam beradi.

Dori ishlab chiqish: Bioinformatik bazalar yangi dori vositalarini yaratishda va kasalliklarni davolashda juda muhimdir. Masalan, proteinlarning 3D tuzilishlari, metabolik yo'llar va genetik tahlil yordamida yangi dori modellarini ishlab chiqish mumkin.

O'zaro ta'sir va tarmoq tahlili: Bioinformatsion bazalar biologik tizimlarning murakkab o'zaro ta'sirlarini tushunishga yordam beradi. Masalan, protein-protein

o'zaro ta'siri yoki genetik yo'llar tahlil qilinib, ularning biologik jarayonlarga qanday ta'sir qilishini aniqlash mumkin.

Xulosa.

Bioinformatsion bazalar biologiya, tibbiyot, biotexnologiya va ekologiya sohalarida o'zgartirishlar yaratadi. Ular tadqiqotchilar uchun yangi kashfiyotlarni amalga oshirish va biologik tizimlarning ishlashini tushunishda muhim vosita bo'lib xizmat qiladi. Bu bazalar orqali olimlar biologik ma'lumotlarni tahlil qilish, yangi ilmiy nazariyalarni shakllantirish va shuningdek, yangi davolash usullarini ishlab chiqishda katta yutuqlarga erishishadi.

Savollar

1. GenBank va UniProt ma'lumotlar bazalari qanday maqsadlarda ishlatiladi?
2. BLAST vositasi qanday bioinformatsion vazifalarni hal qiladi?
3. Metabolomik ma'lumotlar bazalari qanday ma'lumotlarni o'z ichiga oladi?
4. CRISPR-Cas9 texnologiyasining biologiyada qanday qo'llanilishini tushuntirib bering.
5. Gen terapiyasining zamonaviy biologiyadagi o'rni qanday?
6. Mikrobioma tadqiqotlari inson salomatligi uchun qanday ahamiyatga ega?

2-mavzu: Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish taxlil qilish. (2 soat)

Bioinformatsion bazalardan darslarda foydalanish samaradorligi.

Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish va tahlil qilish, shuningdek, darslarda foydalanish samaradorligi juda yuqori. Bu bazalar biologik ma'lumotlarni yig'ish, tahlil qilish va ulardan ilmiy kashfiyotlar qilishni sezilarli darajada osonlashtiradi. Quyida bioinformatsion bazalarning biologiyaning turli tarmoqlarida qanday qo'llanilishi va darslarda foydalanish samaradorligi haqida batafsil ma'lumotlarni ko'rib chiqamiz:

Ma'lumot olish va tahlil qilish: GenBank va Ensembl kabi genomik bazalar yordamida talaba va ilmiy tadqiqotchilar turli organizmlar, jumladan odamlar, hayvonlar va o'simliklarning genomik ma'lumotlariga kirishlari mumkin. Bu bazalarda genomning to'liq sekanslari, genlar, genetik mutatsiyalar, polimorfizmlar va genetik

kasalliklar haqida ma'lumotlar mavjud. BLAST orqali sekanslarni solishtirish va yangi genetik ma'lumotlarni boshqa organizmlar bilan taqqoslash mumkin. Bu usul orqali o'rganuvchilar yangi genetik xususiyatlar yoki kasalliklarni aniqlashda yordam oladilar.

Darslarda foydalanish samaradorligi: Genetik analizlar: Talabalar GenBank yoki Ensembl kabi bazalar orqali genetik sekanslarni o'rganib, ularni analiz qilishni o'rganadilar. Bu metodlar talabalar uchun real biologik misollarni ko'rish va o'z tahlil qilish ko'nikmalarini rivojlantirishga yordam beradi. Kasalliklar va genetik mutatsiyalar: Genetik kasalliklar va ularning sabablarini o'rganish, talabalar uchun murakkab biologik jarayonlarni tushunish imkoniyatini yaratadi. Misol uchun, genetik polimorfizmlar va kasalliklar haqida ma'lumotlar yordamida real hayotdagi genetik muammolarni tahlil qilish mumkin.

Proteomika va Oqsillarga oid Ma'lumot olish va tahlil qilish: UniProt va PDB (Protein Data Bank) kabi bazalar yordamida biologik molekulalarning, jumladan oqsillar va ularning 3D strukturalarini o'rganish mumkin. Oqsillar, ularning funksiyalari va strukturalari haqida ma'lumot olish, yangi dorilarni ishlab chiqishda va kasalliklarni davolashda muhimdir. PDB orqali oqsillarning 3D tuzilishini ko'rish va tahlil qilish mumkin. Bu talabalarga oqsillarning strukturaviy bioinformatikasini o'rganishda yordam beradi.

Darslarda foydalanish samaradorligi: Proteinlar va ularning tuzilishi: Oqsillarni o'rganish talabalarga proteinlarning qanday ishlashini va organizmda qanday rol o'ynashini tushunishga yordam beradi. PDB orqali proteinlarning 3D tuzilishlarini o'rganish, talabalar uchun juda samarali vizual o'qitish usulini yaratadi. Proteomika va funktsiyalar: Talabalar proteinlarning turli funktsiyalarini va ular o'rtasidagi o'zaro ta'sirni o'rganishadi. Bu sohada ishlash orqali biologik jarayonlarning aniq va chuqur tushunilishi yuzaga keladi.

Epidemiologiya va Genomikaga oid Ma'lumot olish va tahlil qilish: dbGaP (Database of Genotypes and Phenotypes) kabi bazalar genomik va fenotipik ma'lumotlarni saqlaydi. Bu ma'lumotlar epidemik kasalliklarning genetik asoslarini o'rganish uchun muhimdir. PubMed va NCBI bazalari orqali epidemiologiya va

genetik kasalliklar bo'yicha ilmiy maqolalar va tadqiqotlarni o'rganish mumkin.

Darslarda foydalanish samaradorligi: Epidemiologik tadqiqotlar: Talabalar epidemiologik tadqiqotlar va genetik kasalliklarning sabablarini o'rganish uchun real misollarni ko'rishlari mumkin. Bu ularga genetik kasalliklarni va ularning atrof-muhitga ta'sirini o'rganishda yordam beradi. Epidemiologik modellashtirish: Bioinformatsion bazalar yordamida talabalar kasalliklarni o'rganishda statistik va modellashtirish metodlarini qo'llashni o'rganadilar.

Biotexnologiya va Biologik Monitoringa oid ma'lumot olish va tahlil qilish: KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) kabi ma'lumotlar bazalari, metabolik yo'llar, genetik va biologik jarayonlarni tahlil qilish imkonini beradi. KEGG orqali biotexnologiya sohasidagi yangi usullar va biologik jarayonlar o'rganiladi. HMDB (Human Metabolome Database) metabolomika sohasidagi ma'lumotlarni taqdim etadi va inson organizmida uchraydigan metabolitlar haqida ma'lumot beradi.

Darslarda foydalanish samaradorligi: Metabolizm va biotexnologiya: KEGG va HMDB kabi bazalar talabalarga metabolizm va biologik jarayonlarni o'rganish imkoniyatini beradi. Bu talabalarga biologik jarayonlarni o'qitishda tizimli yondashuvni taqdim etadi. Biologik monitoring: Talabalar biologik monitoringning qanday ishlashini o'rganib, atrof-muhitga ta'sir ko'rsatuvchi biologik omillarni aniqlash imkoniyatiga ega bo'ladilar.

Ekologiyaga oid Ma'lumot olish va tahlil qilish: NCBI Taxonomy Database kabi bazalar organizmlar haqidagi taksonomik ma'lumotlarni taqdim etadi. Bu ma'lumotlar ekologiya va biodiversitetni o'rganishda yordam beradi. Biodiversitet monitoringi va organizmlarning evolyutsiyasi haqida ilmiy ma'lumotlarga PubMed va boshqa bazalardan kirish mumkin.

Darslarda foydalanish samaradorligi: Biodiversitet va ekosistemalar: Talabalar ekologik tizimlar va biodiversitetni o'rganishda bioinformatsion bazalardan foydalanish orqali turli organizmlar va ularning o'zaro aloqalari haqida ma'lumot olishlari mumkin. Evolyutsiya va taksonomiya: Taksonomiya va evolyutsion jarayonlarni o'rganishda talabalar uchun bioinformatsion bazalar juda samarali vositadir.

Xulosa.

Bioinformatsion bazalar biologiyaning turli tarmoqlarida muhim ahamiyatga ega va darslarda foydalanish samaradorligini sezilarli darajada oshiradi. Ular talabalarga biologik ma'lumotlarni tez va samarali olish, tahlil qilish va yangi ilmiy bilimlarni o'rganishda yordam beradi. Shu bilan birga, bioinformatsion bazalar darslarni interaktiv va qiziqarli qilishga yordam beradi, talabalarni haqiqiy biologik muammolarni hal qilishga tayyorlaydi.

Savollar

1. Darslarda GenBank yoki Ensembl kabi bazalar qaysi jarayonlarni tushuntirish uchun ishlatiladi?
2. Bioinformatika vositalari yordamida qanday qilib genetik mutatsiyalarni aniqlash mumkin?
3. Filogenetik daraxtlar qurishda qaysi dasturlardan foydalaniladi?

3-mavzu: Bioinformatsion dasturlarni bazalardan farqi.

Bioinformatsion dasturlar turlari ahamiyati. BLAST dasturida ishlash. ORFinder ochiq ramkasi orqali oqsillar na'munalarni bashorat qilish. (2 soat)

Bioinformatsion dasturlar turlari ahamiyati.

Bioinformatsion bazalar — bu biologik ma'lumotlarni saqlovchi va tashkil etuvchi tizimlar bo'lib, ular keng miqyosdagi biologik ma'lumotlarni (genetik, proteomik, metabolomik va boshqalar) to'plash, saqlash va tartibga solishga mo'ljallangan. Bu bazalar ma'lumotlarni izlash, solishtirish, taqqoslash va ulardan foydalanish imkonini beradi.

GenBank — genomik sekanslar va genetik ma'lumotlar bazasi.

PDB (Protein Data Bank) — proteinlarning 3D strukturalari haqidagi ma'lumotlar bazasi.

PubMed — ilmiy maqolalar va tibbiy tadqiqotlar bazasi.

dbSNP — genetik polimorfizm ma'lumotlar bazasi.

Asosiy vazifalar:

- Keng miqyosda biologik ma'lumotlarni saqlash.

- Ma'lumotlarni tizimli ravishda to'plash va tashkil qilish.
- Foydalanuvchilar uchun ma'lumotlarni izlash, taqqoslash va tahlil qilish imkoniyatlarini yaratish.

Bioinformatsion dasturlar — bu biologik ma'lumotlarni tahlil qilish, qayta ishlash, vizualizatsiya qilish va interpretatsiya qilish uchun ishlatiladigan dasturiy ta'minot vositalaridir. Ular foydalanuvchilarga bioinformatik jarayonlarni amalga oshirishda yordam beradi, masalan, sekanslarni tahlil qilish, mutatsiyalarni aniqlash, proteinlarning tuzilishini vizualizatsiya qilish va boshqa ko'plab bioinformatik ishlarni bajarish.

Misollar:

- **BLAST** — biologik sekanslarni solishtirish va izlash dasturi.
- **Geneious** — genomik ma'lumotlarni tahlil qilish va manipulyatsiya qilish dasturi.
- **PyMOL** — proteinlarning 3D tuzilishini ko'rish va tahlil qilish dasturi.
- **MEGA** — molekulyar evolyutsion tahlil dasturi.
- **Clustal Omega** — bir nechta sekanslarni solishtirish va moslashtirish dasturi.

Asosiy vazifalar:

- Biologik ma'lumotlarni tahlil qilish, solishtirish va qayta ishlash.
- Genetik sekanslarni, protein tuzilishini yoki boshqa biologik ma'lumotlarni vizualizatsiya qilish.
- Mutatsiyalarni aniqlash, genetik aloqalarni tahlil qilish va biologik jarayonlarni tushunish.

Bioinformatsion dasturlar va bazalar o'rtasidagi farq

Xususiyat	Bioinformatsion bazalar	Bioinformatsion dasturlar
Asosiy maqsad	Biologik ma'lumotlarni saqlash, tashkil qilish, izlash va qidirish.	Biologik ma'lumotlarni tahlil qilish, qayta ishlash va vizualizatsiya qilish.

Funktsiya	Ma'lumotlar bazasi sifatida ishlaydi, ma'lumotlarni saqlaydi.	Ma'lumotlarni qayta ishlash va tahlil qilish uchun vosita taqdim etadi.
Misollar	GenBank, PDB, PubMed, dbSNP, Ensembl.	BLAST, Geneious, MEGA, PyMOL, Clustal Omega.
Foydalanuvchi uchun	Ma'lumotlarni izlash, taqqoslash, saqlash va olish imkonini beradi.	Ma'lumotlarni tahlil qilish, tahrir qilish, modellash va vizualizatsiya qilish imkonini beradi.
Ma'lumotlarga kirish	Ma'lumotlarni olish va tekshirish uchun kerak.	Ma'lumotlarni tahlil qilish uchun kerak.
Ishlash usuli	Ma'lumotlar bir joyda saqlanadi va foydalanuvchilar unga kirishlari mumkin.	Ma'lumotlar ustida tahlil va manipulyatsiya qilish orqali ishlaydi.

Xulosa

Bioinformatsion bazalar ma'lumotlarni to'plash, saqlash va ularga kirish imkoniyatini taqdim etadi, ularning asosiysi - biologik ma'lumotlarni saqlash. **Bioinformatsion dasturlar** esa bu ma'lumotlarni tahlil qilish, tahlil natijalarini vizualizatsiya qilish, va yangi kashfiyotlar qilish uchun ishlatiladi. Birgalikda ishlash orqali bioinformatsion dasturlar bazalarda saqlangan ma'lumotlarni qayta ishlaydi, shu bilan ilmiy tadqiqotlarni yanada samarali va tezlashtiradi.

Savollar

1. Bioinformatsion bazalar va dasturlar qanday jihatlari bilan farqlanadi?
2. GenBank va BLAST qaysi vazifalarda bir-birini to'ldiradi?
3. Bioinformatsion dasturlarning foydalanuvchilar uchun qaysi qulayliklari mavjud?

Bioinformatsion dasturlar turlari ahamiyati.

Bioinformatsion dasturlar biologik ma'lumotlarni tahlil qilish, qayta ishlash, vizualizatsiya qilish va interpretatsiya qilishda muhim rol o'ynaydi. Ular biologiyani

turli tarmoqlarida, masalan, genomika, proteomika, metabolomika, evolyutsiya va ekologiya sohalarida keng qo'llaniladi. Bioinformatson dasturlar turli xususiyatlari va vazifalari bo'yicha turli turlarga bo'linadi. Quyida bioinformatson dasturlar turlari, ularning ahamiyati va qanday ishlashini batafsil tushuntiraman.

Genomika va Sekvenslarni tahlil qilish dasturlari

Genomika biologik organizmlarning genetik materialini o'rganish bilan bog'liq soha bo'lib, genomik sekanslarni tahlil qilish uchun bioinformatson dasturlar juda zarur. Bu dasturlar genomning tuzilishini, genlarni, mutatsiyalarni, polimorfizmlarni va boshqa genetik xususiyatlarni aniqlash uchun ishlatiladi.

Misollar:

- **BLAST (Basic Local Alignment Search Tool):** Sekanslarni solishtirish va izlash uchun ishlatiladi. BLAST yordamida yangi sekanslar o'rganiladi va ular mavjud ma'lumotlar bilan taqqoslanadi.

- **Geneious:** Sekanslarni tahrirlash, genetik analizlar qilish, polimorfizmlarni aniqlash va boshqa genomik tahlillarni amalga oshirish uchun ishlatiladi.

- **Samtools:** Bu dastur genetik ma'lumotlar formatini qayta ishlash, alignments yaratish va tahlil qilish uchun ishlatiladi.

Ahamiyati:

- Genomik sekanslarni tahlil qilishda BLAST va boshqa dasturlar yangi genetik xususiyatlarni va mutatsiyalarni aniqlashda yordam beradi.

- Sekanslar va genetik polimorfizmlar haqida batafsil ma'lumot olish imkonini yaratadi, bu esa genetik kasalliklarni tahlil qilish va yangi dori vositalarini ishlab chiqishda yordam beradi.

Proteomika va Oqsillarni tahlil qilish dasturlari

Proteomika — bu barcha oqsillarni, ularning tuzilishini, funktsiyalarini va o'zaro ta'sirlarini o'rganish bilan bog'liq soha. Oqsillar biologik tizimlar uchun juda muhim bo'lib, ular organizmda ko'plab funktsiyalarni bajaradi.

Misollar:

- **PyMOL:** Oqsillarni va boshqa molekulalarni 3D formatda vizualizatsiya qilish va tahlil qilish uchun ishlatiladi. Proteinlarning tuzilishini ko'rish va ularning funktsiyalarini o'rganish uchun zarur.

- **MaxQuant:** Mass spectrometrik ma'lumotlardan foydalanib proteomika tahlilini amalga oshirishda ishlatiladi. Bu dastur oqsillarning miqdorini va ularning tuzilishini aniqlashda yordam beradi.

- **BLASTP:** Proteomik tahlillar uchun ishlatiladi, bu dastur protein sekanslarini solishtirishda yordam beradi.

Ahamiyati:

- Proteinlar va ularning 3D tuzilishini tahlil qilish orqali biologik jarayonlar, oqsillar o'rtasidagi o'zaro ta'sir va evolyutsiya jarayonlarini tushunishga yordam beradi.

- Oqsillarni o'rganish biologik jarayonlarni chuqurroq tushunishga, yangi dori vositalarini ishlab chiqishga va kasalliklarni davolashga imkon beradi.

Metabolomika Dasturlari

Metabolomika organizmdagi barcha metabolitlarni o'rganishga qaratilgan soha bo'lib, metabolitlarning miqdori va ular orasidagi o'zaro ta'sirlarni tahlil qiladi. Bu tahlillar organizmning holatini va turli kasalliklarni aniqlashda muhimdir.

Misollar:

- **MZmine:** Metabolomika tahlillari uchun ishlatiladi, xususan mass spectrometry (MS) ma'lumotlarini tahlil qilishda yordam beradi.

- **XCMS:** Metabolitlarning miqdori va strukturasi tahlil qilish uchun dastur. XCMS yordamida biologik namunalarni tahlil qilish va metabolitlar tahlilini amalga oshirish mumkin.

Ahamiyati:

- Metabolomika dasturlari organizmlarning metabolik yo'llarini va metabolitlar o'rtasidagi aloqalarni tahlil qilishda yordam beradi.

- Kasalliklarni erta bosqichda aniqlash va yangi davolash usullarini ishlab chiqish imkonini yaratadi.

Evolyutsion tahlil dasturlari

Evolyutsiya va **filogeniya** biologik turlar va ularning o'zgarishini o'rganadi. Evolyutsion tahlil dasturlari organizmlarning genetik aloqalarini va evolyutsion tarixini o'rganishda yordam beradi.

Misollar:

- **MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis):** Bu dastur filogeniya daraxtlarini qurish va evolyutsion tahlillarni amalga oshirish uchun ishlatiladi.
- **PhyML:** Filogenetik daraxtlarni qurish va evolyutsion tahlilni amalga oshirish uchun ishlatiladi.

Ahamiyati:

- Evolyutsion tahlil dasturlari orqali organizmlarning o'zaro aloqalari va ularning tarixi haqida ma'lumot olish mumkin.
- Bu dasturlar yordamida turlar o'rtasidagi genetik aloqalar va evolyutsion jarayonlarni chuqurroq o'rganish mumkin.

Xulosa

Bioinformatsion dasturlar biologik ma'lumotlarni qayta ishlashda muhim vositalar bo'lib, ular genomika, proteomika, metabolomika, ekologiya, evolyutsiya va boshqa sohalarda ishlatiladi. Ushbu dasturlar orqali biologik jarayonlar, organizmlarning xususiyatlari, kasalliklar va ularning davolash usullari haqida chuqurroq tushuncha hosil qilish mumkin. Bioinformatsion dasturlarning ahamiyati shundaki, ular ilmiy tadqiqotlarni tezlashtiradi, tahlil qilishni osonlashtiradi va biologiya sohasida yangi kashfiyotlar qilishga yordam beradi.

Savollar

1. Genomik sekvenslarni tahlil qilish uchun qaysi dasturlar qo'llaniladi?
2. Metabolomika tahlillarida qanday bioinformatsion dasturlar ishlatiladi?
3. Evolyutsion tahlillarni amalga oshirish uchun qaysi dasturlar samaraliroq?

BLAST dasturida ishlash.

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) dasturi biologik ma'lumotlar bilan ishlash uchun mo'ljallangan bo'lib, asosan ketma-ketliklarni (genom, protein va

boshqa biomolekulyar ma'lumotlar) solishtirishda qo'llaniladi. BLAST yordamida ma'lum bir ketma-ketlikni ma'lumotlar bazasidagi boshqa ketma-ketliklar bilan solishtirish mumkin, bu esa genlar yoki oqsillar o'xshashligini aniqlashga yordam beradi.

BLAST dasturida ishlash:

BLAST'ning mahalliy (local) versiyasini ishlatmoqchi bo'lsangiz, NCBI saytidan [BLAST dasturini yuklab oling](#). O'rnatishdan keyin, dastur kompyuteringiz terminalida yoki buyruqlar satrida ishlaydi.

Kerakli ketma-ketlikni tayyorlash:BLAST uchun DNK, RNK yoki oqsil (protein) ketma-ketligini FASTA formatida tayyorlang. FASTA formati quyidagicha ko'rinadi:

```
>Ketma-ketlik_nomi ATGCATGCATGCGTACGATCGTACGATC
```

BLAST ni ishlatishda, ma'lumotlar bazasini o'zingiz yaratishingiz mumkin:

```
makeblastdb -in database.fasta -dbtype nucl -out database_name
```

Bu yerda -dbtype parametri ketma-ketlik turi (nukleotid yoki oqsil) bo'yicha tanlanadi.

BLAST qidiruvi: BLAST buyruqlarini yozing.blastn -query query.fasta -db database_name -out results.txt

blastn nukleotid ketma-ketliklar uchun ishlatiladi. Oqsillar uchun esa blastp ishlatiladi.

- query.fasta - qidirilayotgan ketma-ketlik.
- database_name - ma'lumotlar bazasi nomi.
- results.txt - natijalar yoziladigan fayl.

Natijalarni tahlil qilish:

Natijalar faylida ketma-ketliklarning o'xshashligi, mosligi (alignment) va e-qiymat (e-value) haqida ma'lumot bo'ladi.

BLAST natijalarini grafik shaklda ko'rmoqchi bo'lsangiz, BLAST onlayn versiyasidan foydalanishingiz mumkin.

Onlayn BLAST ishlatish:

[NCBI BLAST](#) saytiga kiring. Ketma-ketlikni kiriting, kerakli parametrlarni tanlang va qidiruvni boshlang.

BLAST dasturining asosiy turlari:

- **blastn**: Nukleotid ketma-ketliklarni qidiradi.
- **blastp**: Protein ketma-ketliklarni qidiradi.
- **blastx**: Nukleotid ketma-ketlikni protein bilan solishtiradi.
- **tblastn**: Proteinni nukleotidlar bilan (tarjima qilingan holda) qidiradi.
- **tblastx**: Nukleotidlar o‘rtasida tarjima qilingan qidiruv.

Savollar

1. BLAST dasturi qaysi formatdagi ma'lumotlarni tahlil qiladi?
2. BLAST dasturining mahalliy va onlayn versiyalari o‘rtasidagi farq nima?
3. BLAST dasturida e-value nima uchun ishlatiladi va uni qanday tahlil qilish kerak?

4-mavzu: Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish. (2 soat)

Filogenetik daraxtlar qanday tuzib chiqiladi?

ORF (Open Reading Frame – ochiq o‘qish ramkasi) yordamida oqsillarni bashorat qilish – genetik ketma-ketliklardan oqsil sintezida ishtirok etuvchi kodlash sohalarini aniqlash jarayonidir. **ORF Finder** – bu NCBI tomonidan taqdim etilgan vosita bo‘lib, nukleotid ketma-ketliklardan oqsil kodlaydigan genlarni aniqlash uchun ishlatiladi.

Quyida ORF Finder yordamida oqsillarni bashorat qilish bo‘yicha qadamlar ko‘rsatilgan:

Ketma-ketlikni tayyorlash

DNK yoki RNK ketma-ketligingizni FASTA formatida tayyorlang:

>Ketma-ketlik_nomi

ATGCGTACGATCGTACGTAGCTAGCTAGCTAA

Agar ketma-ketligingiz boshqa formatda bo‘lsa, uni FASTA formatiga o‘tkazing.

ORF Finder vositasidan foydalanish

Onlayn ORF Finder:

- [NCBI ORF Finder sahifasiga kiring.](#)
- DNK ketma-ketlikni maydonga joylashtiring yoki FASTA formatidagi faylni yuklang.
- Kodon jadvalini tanlang (standart kodon jadvali yoki muayyan organizm uchun mos kodon jadvali).
- Run ORF Finder tugmasini bosing.

Natijalar:

- ORF Finder kodlovchi mintaqalarni aniqlaydi va ularning boshlanish (start codon, odatda ATG) va tugash (stop codon, masalan TAA, TAG, TGA) pozitsiyalarini ko'rsatadi.
- Har bir ORF uchun hosil bo'lgan oqsil ketma-ketligi (amino kislota) ham ko'rsatiladi.

ORF Finder dasturi

Agar onlayn vositadan emas, balki mahalliy dasturni ishlatmoqchi bo'lsangiz:

- NCBI'ning BLAST+ dasturini yuklab oling.
- DNK ketma-ketlikni yuklang va getorf yoki boshqa open-source vositalardan foydalaning (masalan, EMBOSS paketidagi getorf vositasi):

getorf -sequence input.fasta -outseq output.fasta

Oqsillarni bashorat qilish

ORF Finder oqsil ketma-ketligini (amino kislotalar) natija sifatida beradi. Bu ketma-ketlikni tahlil qilish va funktsional bashorat qilish uchun ishlatishingiz mumkin.

Oqsil tahlil vositalari:

BLASTp: ORF Finder topgan oqsilni ma'lumotlar bazasidagi boshqa oqsillar bilan solishtirish.

PFAM yoki InterProScan: Oqsilning domenlari yoki funktsional hududlarini aniqlash.

Expsy Translate Tool: DNK ketma-ketliklarni amino kislotalarga o'tkazish.

Natijalarni tahlil qilish

Agar bir nechta ORF aniqlansa, ularning uzunligi, boshlanish va tugash pozitsiyalarini tekshiring.

Katta uzunlikdagi ORF'lar odatda haqiqiy genlar bo'lish ehtimoli yuqori.

Funksional oqsillarni bashorat qilish uchun oqsil ma'lumotlar bazalari bilan solishtirish muhim.

Kodlash ramkalari (Frames): Nukleotid ketma-ketligi 6 xil ramkada o'qiladi (3 ta ijobiy va 3 ta salbiy yo'nalishda).

Stop-kodonlar: ORF tugash nuqtalarini belgilaydi. Agar ketma-ketlikda juda ko'p stop-kodonlar bo'lsa, bu funksional gen emasligi mumkin.

Bashorat aniqligi: Oqsil domenlari va gen annotatsiyasini tahlil qilish natijani aniqlashtirishga yordam beradi.

Savollar

1. ORF Finder qanday jarayonlarda oqsillarni bashorat qilish uchun ishlatiladi?
2. DNK ketma-ketliklarini FASTA formatida tayyorlashda nimalarga e'tibor berish kerak?
3. ORF Finder tomonidan aniqlangan oqsillarni tahlil qilish uchun qaysi qo'shimcha vositalardan foydalaniladi?

Bioinformatson texnologiyalardan dars mashg'ulotlarida foydalanish usullari.

Bioinformatson texnologiyalar (bioinformatika vositalari va dasturlari) biologiya va informatikaning kesishmasida rivojlanib, o'qitish jarayonini zamonaviy va interaktiv shaklda olib borishga yordam beradi. Dars mashg'ulotlarida ushbu texnologiyalardan foydalanish talabalarning nazariy bilimlarini mustahkamlash, amaliy ko'nikmalarini rivojlantirish va real ilmiy masalalarni hal qilish qobiliyatlarini oshirishga xizmat qiladi.

Quyida bioinformatson texnologiyalardan dars mashg'ulotlarida foydalanishning samarali usullari keltirilgan:

Darsni interaktiv shaklda tashkil qilish

Vizual vositalardan foydalanish:

Genom va oqsillarning tuzilishini tushuntirish uchun **Jalview**, **UCSC Genome Browser**, yoki **Protein Data Bank (PDB)** kabi vositalardan foydalaning.

Molekulalarni 3D formatda ko'rsatish uchun **PyMOL** yoki **Chimera** dasturlarini ishlatib.

Real vaqt rejimida tahlil:

Dars davomida onlayn bioinformatika vositalaridan, masalan, **NCBI BLAST**, **Clustal Omega**, yoki **ExPASy Translate Tool** dan foydalanib, ketma-ketliklarni tahlil qilishni talabalarga ko'rsating.

Amaliy mashg'ulotlar o'tkazish

Tinglovchilar uchun kichik loyiha yoki topshiriqlar tayyorlang:

Genom annotatsiyasi: Talabalar DNK ketma-ketligidan genlarni aniqlash uchun **ORF Finder** yoki **GeneMark** vositalarini ishlatishsin.

Oqsil tahlili: Talabalar oqsil ketma-ketligini **BLASTp** yoki **InterProScan** yordamida tahlil qilib, funktsional domenlarni aniqlashsin.

Filogenetik daraxt qurish: Talabalar **MEGA** yoki **Phylo.io** dasturlaridan foydalanib, ketma-ketliklar asosida evolyutsion daraxtlarni qurishni o'rganishsin.

Bioinformatik dasturlar bilan tanishtirish

Dasturlarni ishlatish bo'yicha ko'rsatmalar bering:

Tinglovchilarga **BLAST** vositalarni o'rgatish va ularni qanday ishlatish bo'yicha qadam-baqadam amaliy mashg'ulotlar o'tkazish.

Nazariy tushunchalarni amaliyotga bog'lash. Ma'lumotlar bilan ishlash: Tinglovchilar genom yoki proteom ma'lumotlar bazalari (masalan, **NCBI**, **ENSEMBL**, yoki **UniProt**) bilan ishlashni o'zlashtiradi.

Masofaviy va gibrid o'qitish

- Talabalarga bioinformatika bo'yicha onlayn resurslar tavsiya qilinadi:
- **NCBI Training Modules** kabi platformalardagi kurslari bilan tanishib chiqishadi.
- O'quv materiallarini yaratish uchun **Jupyter Notebook** yoki **Google Colab** kabi interaktiv platformalardan foydalanish mumkin.

Ilmiy muammolarni hal qilish

- Real ilmiy loyihalarni amalga oshirish:

- Masalan, mutatsiyalarni aniqlash, gen annotatsiyasi, yoki filogenetik tahlil kabi masalalarni hal qilishni qo'llanadi.
- Talabalarni ilmiy ma'lumotlarni tahlil qilishga yo'naltirish:
 - DNK ketma-ketliklarini yig'ish (genom assembly) yoki oqsillarning tuzilishini prognoz qilish uchun maxsus dasturlar **T-Coffee**, yoki **MODELLER** ni ishlatish mumkin.

Savollar

1. Bioinformatikani o'qitish jarayonida vizual vositalardan qanday samarali foydalanish mumkin?
2. Talabalar uchun genom annotatsiyasi bo'yicha qanday topshiriqlar tayyorlash mumkin?
3. BioinformatSION texnologiyalardan masofaviy o'qitishda qanday foydalanish usullari mavjud

VI. AMALIY MASHG'ULOTLAR MAZMUNI

1-amaliy mashg'ulot: Biologiya yo'nalishida information texnologiyalarning o'rni . (2 soat)

NCBI va PDB bazalaridagi ma'lumotlar bilan tanishish.

NCBI (National Center for Biotechnology Information) va **PDB** (Protein Data Bank) — biologiya va tibbiyot sohalarida ishlatiladigan eng muhim bioinformatson bazalaridan ikkita. Ular ilmiy tadqiqotlarni, genetik va protein ma'lumotlarini tahlil qilishni sezilarli darajada osonlashtiradi. Quyida har ikkala bazaning qanday ishlashi va ularning ahamiyati haqida batafsil ma'lumot: **NCBI (National Center for Biotechnology Information)** NCBI — bu AQSh Milliy sog'liqni saqlash institutlari (NIH) tomonidan boshqariladigan va biologik ma'lumotlarni saqlash, ularga kirish va tahlil qilish imkoniyatini taqdim etadigan markaz. NCBI turli bioinformatik bazalar va vositalarni taqdim etadi, jumladan genomik, proteomik va boshqa biologik ma'lumotlar bazalari.

NCBI bazalarining asosiy xususiyatlari:

- **GenBank:** NCBI tomonidan boshqariladigan GenBank genomik ma'lumotlar bazasi turli organizmlar va turli xil genetik ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. Unga kirgan genetik sekanslar ilmiy jurnallar va tadqiqotlar uchun asos bo'lib xizmat qiladi. GenBank-dan genetik mutatsiyalar, polimorfizmlar va genetik kasalliklarni aniqlashda foydalaniladi.

- **PubMed:** PubMed — bu ilmiy maqolalar va tadqiqotlar uchun eng yirik onlayn kutubxona bo'lib, biomeditsina va biologiya sohalaridagi ilmiy maqolalarga kirishni ta'minlaydi. PubMed orqali tadqiqotchilar va olimlar so'nggi ilmiy yutuqlar va biologik tadqiqotlar haqida ma'lumot olishlari mumkin.

- **BLAST (Basic Local Alignment Search Tool):** NCBI tomonidan taqdim etilgan BLAST algoritmi, biologik sekanslarni solishtirish va ular o'rtasidagi o'xshashliklarni aniqlash uchun ishlatiladi. Bu vosita yordamida yangi genetik sekanslarni boshqa bazalardagi ma'lumotlar bilan solishtirish mumkin.

- **dbSNP:** NCBI tomonidan taqdim etilgan dbSNP (Database of Single Nucleotide Polymorphisms) bazasi, genomda uchraydigan bitta nukleotidli polimorfizmlar haqida ma'lumot beradi. Bu ma'lumotlar genetik kasalliklarni aniqlashda va inson genomini o'rganishda yordam beradi.

- **Entrez:** Entrez — bu NCBI-ning ma'lumotlarni qidirish tizimi bo'lib, foydalanuvchilarga genomik, biologik va boshqa ilmiy ma'lumotlar bazalarini qidirishda yordam beradi. Entrez yordamida olimlar barcha NCBI bazalaridan ma'lumotlarni topishlari mumkin.

NCBI-ning ahamiyati:

- **Tadqiqotlar va ilmiy izlanishlar:** NCBI bazalari ilmiy tadqiqotchilarga keng qamrovli genetik, proteomik, farmakogenomik va boshqa biologik ma'lumotlarni taqdim etadi, bu esa ilmiy izlanishlarni sezilarli darajada tezlashtiradi.

- **Genetik kasalliklarni aniqlash:** GenBank, dbSNP va boshqa bazalar genetik kasalliklar, mutatsiyalar va polimorfizmlar haqida ma'lumot beradi, bu esa diagnostika va davolashni yaxshilashga yordam beradi.

- **Interdisiplinar yondashuvlar:** NCBI biologiya, tibbiyot, farmatsiya va boshqa sohalarni birlashtiruvchi kengaytirilgan resursdir, bu esa biotexnologiya va tibbiy ilm-fan rivojlanishiga xizmat qiladi.

PDB (Protein Data Bank). PDB — bu proteinlarning 3D strukturalarini saqlovchi va taqdim etuvchi eng yirik ma'lumotlar bazasidir. PDB biologik molekulalar, ayniqsa, oqsillar, nuklein kislotalar va boshqa makromolekulalarning tuzilishi va ularning funksiyalarini o'rganishda muhim manba hisoblanadi.

PDB bazasining asosiy xususiyatlari:

- **Proteinlarning 3D strukturalari:** PDB asosan proteinlarning uch o'lchovli (3D) strukturalarini saqlaydi. Har bir protein strukturasi koordinatalari, qaysi amino kislotalar mavjudligi va ularning joylashishi haqidagi ma'lumotlar bazada mavjud. Bu strukturalar PDB dasturlari yordamida vizualizatsiya qilinishi mumkin.

- **X-Ray Kristallografiyasi va NMR Spektroskopiyasi:** Proteinlarning 3D strukturasi aniqlash uchun ko'pincha X-ray kristallografiyasi yoki yadro magnit rezonans spektroskopiyasi (NMR) kabi texnikalar ishlatiladi. PDB bu metodlar yordamida olingan strukturalarni to'plab, ilmiy jamoatchilikka taqdim etadi.

- **Biologik jarayonlarni tushunish:** PDB orqali proteinlar, nuklein kislotalari va boshqa biomolekulalarning strukturalari haqida olingan ma'lumotlar, ularning biologik funksiyalarini va organizmdagi o'zaro ta'sirlarini tushunishga yordam beradi.

- **Dori ishlab chiqish:** PDB bazasidagi 3D strukturalar, yangi dori moddalarini yaratish jarayonida asosiy vosita hisoblanadi. Dori ishlab chiqishda proteinlarning faol joylarini aniqlash, ularni inhibe qiluvchi yoki faollashtiruvchi moddalarni ishlab chiqish mumkin.

PDB-ning ahamiyati:

- **Dori yaratish va biologik tadqiqotlar:** PDB bazasi, protein va boshqa makromolekulalarning 3D strukturalarini o'rganish orqali, ilmiy tadqiqotchilarga biologik jarayonlarni va kasalliklarni yaxshiroq tushunishga yordam beradi. Bu, o'z navbatida, yangi dori vositalarini ishlab chiqishda yordam beradi.

- **Strukturaviy bioinformatika:** PDB orqali proteinlarning tuzilishini tahlil qilish va ularning o'zaro ta'sirini o'rganish mumkin. Bu soha, ayniqsa, tibbiyot va biotexnologiyada yirik yutuqlarga olib kelmoqda.

- **Xalqaro hamkorlik:** PDB — bu butun dunyo bo'ylab ko'plab ilmiy laboratoriyalar va tadqiqotchilar tomonidan o'zlashtirilgan global ma'lumotlar bazasidir. Bu bazadan foydalanish ilmiy hamkorlikni mustahkamlashga yordam beradi va biologik kashfiyotlarni tezlashtiradi.

Xulosa

NCBI va **PDB** — bu biologik ma'lumotlarni saqlash va ulardan foydalanish uchun zaruriy resurslardir. NCBI genomik, proteomik va boshqa biologik ma'lumotlar bazalarini taqdim etib, tadqiqotchilarga ilmiy izlanishlarni yanada samarali olib borishga yordam beradi. PDB esa proteinlar va boshqa makromolekulalarning 3D strukturalarini o'rganish orqali, dori ishlab chiqish va biologik jarayonlarni tushunishda

muhim ahamiyatga ega. Ikkala bazaning birgalikda ishlatilishi biologiya, tibbiyot va biotexnologiya sohalarida inqilobiy yutuqlarga olib kelmoqda.

Savollar

1. NCBI bazasining qaysi moduli ilmiy maqolalar va tadqiqotlarni qidirishda yordam beradi?
 2. PDB bazasida saqlangan ma'lumotlar qanday tadqiqotlarda qo'llaniladi?
- BLAST vositasi

2-amaliy mashg'ulot: Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar. (2 soat)

Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali dasturlar.

Biologik axborotlarni qayta ishlashda foydalaniladigan dasturlar biologik ma'lumotlarni yig'ish, tahlil qilish, vizualizatsiya qilish va interpretatsiya qilishda katta rol o'ynaydi. Ushbu dasturlar biologiyaning turli tarmoqlarida, ayniqsa genomika, proteomika, bioinformatika va biotexnologiya sohalarida keng qo'llaniladi. Quyida biologik axborotlarni qayta ishlashda foydali bo'lgan ba'zi dasturlarni ko'rib chiqamiz:

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) BLAST — bu biologik sekanslarni, ya'ni DNA, RNA yoki protein sekanslarini solishtirish va izlash uchun ishlatiladigan dastur. U genomik sekanslarni boshqa mavjud ma'lumotlar bazalari bilan taqqoslash orqali sekanslarning o'xshashliklarini aniqlashga yordam beradi. BLAST orqali yangi genetik sekanslarni tahlil qilish va ularning boshqa organizmlar bilan o'xshashligini aniqlash mumkin. Genomik tadqiqotlar, mutatsiyalar va kasalliklar diagnostikasi uchun keng qo'llaniladi.

Geneious — bu kengaytirilgan bioinformatik tahlil dasturi bo'lib, genetik sekanslarni tahrirlash, solishtirish va vizualizatsiya qilish uchun ishlatiladi. U genomika va molekulyar biologiya sohalaridagi tadqiqotlar uchun juda qulay. Geneious dasturi yordamida genetik sekanslar bilan ishlash, primerlar dizayn qilish, mutatsiyalarni tahlil qilish va sekanslarni birlashtirish kabi turli biologik vazifalarni

bajarish mumkin. Shuningdek, u bir nechta ma'lumotlar bazalari bilan integratsiya qilib, ilmiy tadqiqotlarni osonlashtiradi.

UCSC Genome Browser — bu genomik ma'lumotlarni vizualizatsiya qilish va tahlil qilish uchun mo'ljallangan dasturdir. U genomlar bo'yicha turli xil ma'lumotlarni o'z ichiga oladi, jumladan, genlar, genetik mutatsiyalar, transkriptlar va boshqa molekulyar ma'lumotlar. UCSC Genome Browser genom ma'lumotlarini o'rganish, xususan, genetik sekanslarni, genlar va ularning funksiyalarini, shuningdek, transkriptomika va proteomika ma'lumotlarini tahlil qilish uchun juda samarali vositadir.

Amaliy mashg'ulot kompyuter honasida Blast iinstrumenti yordamida bevosita topshiriqlarni bajarish orqali amalga oshiriladi.

Savollar

1. BLAST dasturining asosiy vazifalari nima?
2. Proteinlarning 3D tuzilishini tahlil qilishda qaysi dasturdan foydalaniladi?
3. MEGA dasturida molekulyar evolyutsion tahlillar qanday amalga oshiriladi?

3-amaliy mashg'ulot: Bioinformatsion texnologiyalardan dars mashg'ulotlarida foydalanish usullari. (2 soat)

BLAST dasturida ishlash:

BLAST'ning mahalliy (local) versiyasini ishlatmoqchi bo'lsangiz, NCBI saytidan [BLAST dasturini yuklab oling](#). O'rnatishdan keyin, dastur kompyuteringiz terminalida yoki buyruqlar satrida ishlaydi.

Kerakli ketma-ketlikni tayyorlash:BLAST uchun DNK, RNK yoki oqsil (protein) ketma-ketligini FASTA formatida tayyorlang. FASTA formati quyidagicha ko'rinadi:

>Ketma-ketlik_nomi ATGCATGCATGCGTACGATCGTACGATC

BLAST ni ishlatishda, ma'lumotlar bazasini o'zingiz yaratishingiz mumkin:

makeblastdb -in database.fasta -dbtype nucl -out database_name

Bu yerda -dbtype parametri ketma-ketlik turi (nukleotid yoki oqsil) bo'yicha tanlanadi.

BLAST qidiruvi: BLAST buyruqlarini yozing.blastn -query query.fasta -db database_name -out results.txt

blastn nukleotid ketma-ketliklar uchun ishlatiladi. Oqsillar uchun esa blastp ishlatiladi.

- query.fasta - qidirilayotgan ketma-ketlik.
- database_name - ma'lumotlar bazasi nomi.
- results.txt - natijalar yoziladigan fayl.

Natijalarni tahlil qilish:

Natijalar faylida ketma-ketliklarning o'xshashligi, mosligi (alignment) va e-qiymat (e-value) haqida ma'lumot bo'ladi.

BLAST natijalarini grafik shaklda ko'rmoqchi bo'lsangiz, BLAST onlayn versiyasidan foydalanishingiz mumkin.

Onlayn BLAST ishlatish:

[NCBI BLAST](#) saytiga kiring. Ketma-ketlikni kiriting, kerakli parametrlarni tanlang va qidiruvni boshlang.

BLAST dasturining asosiy turlari:

- **blastn:** Nukleotid ketma-ketliklarni qidiradi.
- **blastp:** Protein ketma-ketliklarni qidiradi.
- **blastx:** Nukleotid ketma-ketlikni protein bilan solishtiradi.
- **tblastn:** Proteinni nukleotidlar bilan (tarjima qilingan holda) qidiradi.
- **tblastx:** Nukleotidlar o'rtasida tarjima qilingan qidiruv.

Savollar

1. BLAST dasturi qaysi formatdagi ma'lumotlarni tahlil qiladi?
2. BLAST dasturining mahalliy va onlayn versiyalari o'rtasidagi farq nima?
3. BLAST dasturida e-value nima uchun ishlatiladi va uni qanday tahlil qilish kerak?

4-amaliy mashg'ulot: Molekulyar filogenetika. (2 soat)

Maqsad:

Talabalar molekulyar filogenetika usullari yordamida turli organizmlar o'rtasidagi evolyutsion aloqalarni tahlil qilishni o'rganadilar.

Asosiy bosqichlar:

1. Kirish qismi (Nazariy asos)

- Molekulyar filogenetika tushunchasi.
- DNK, RNK va oqsillarning filogenetik tahlildagi ahamiyati.
- Sekvens ma'lumotlarini olish va ishlov berish.

2. Amaliy qism

3. A. DNK ketma-ketliklarini olish

- NCBI GenBank yoki UniProt bazalaridan organizm DNK ma'lumotlarini yuklab olish.
- Fasta formatdagi fayllarni tayyorlash.

B. Ketma-ketliklarni tekislash (Alignment)

- Clustal Omega yoki MUSCLE dasturidan foydalanish.
- Tekislangan ketma-ketliklarni FASTA formatida saqlash.

C. Filogenetik daraxt qurish

- MEGA yoki PhyML dasturlarida filogenetik analiz qilish.
- UPGMA yoki Maximum Likelihood usullaridan birini qo'llash.
- Daraxt natijalarini vizualizatsiya qilish va sharhlash.

4. Natijalarni tahlil qilish va xulosa chiqarish

- Olingan filogenetik daraxtdan organizmlar o'rtasidagi qarindoshlik aloqalarini tushuntirish.
- Evolyutsion yo'nalishlar va umumiy ajdodlarni aniqlash.
- Xatoliklar va tahlil cheklovlarini muhokama qilish.

Kerakli dasturlar va vositalar:

- NCBI GenBank
- Clustal Omega / MUSCLE

- MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)
- PhyML / RAxML

Savollar

1. Molekulyar filogenetika nima va u qanday maqsadda ishlatiladi?
2. Filogenetik tahlilda qaysi molekulalar eng ko'p qo'llaniladi? Nega?
3. DNK, RNK va oqsillarning filogenetik tahlildagi o'rni nimada?
4. Sekvenslash (DNA sequencing) nima va uning qanday usullari mavjud?

V.KO‘CHMA MASHG‘ULOT MAZMUNI

1. Bioinformatsion bazalardan biologiyaning turli tarmoqlariga oid ma'lumotlarni olish va tahlil qilish (6 soat).

Mashg'ulot turi:	Ko'chma	laboratoriya	mashg'uloti
Mashg'ulot o'tkaziladigan joy:			
	<ul style="list-style-type: none">• Universitet kompyuter xonasi / ilmiy markaz• Biotexnologiya laboratoriyasi		
	• Tabiat qo'ynida	(natijalarni	muhokama qilish)

Davomiyligi: 2-3 soat

1. Mashg'ulotning maqsadi

- Talabalarga bioinformatsion bazalar bilan ishlashni o'rgatish.
- Biologiyaning turli tarmoqlari uchun muhim bo'lgan ma'lumotlarni izlash va tahlil qilish ko'nikmalarini shakllantirish.
- Biologik ma'lumotlarni analiz qilishda zamonaviy bioinformatika vositalaridan foydalanishni mustahkamlash.

2. Mashg'ulotning bosqichlari

I. Kirish (30 daqiqa)

Joy: Kompyuter xonasi yoki ilmiy markaz

1. Bioinformatika va uning ahamiyati

- Bioinformatika fanining biologiyadagi roli.
- Asosiy bioinformatsion bazalar:
 - NCBI (GenBank, PubMed, BLAST)
 - UniProt (oqsil ma'lumotlari)
 - PDB (oqsillar tuzilishi)
 - Ensembl (genom ma'lumotlari)
 - KEGG (biokimyoviy yo'llar va metabolizm)

2. Talabalarga savol:

- Bioinformatsion bazalar qanday tarmoqlarda qo'llaniladi?

- Qaysi biologik tarmoqlarda bioinformatika eng muhim ahamiyat kasb etadi?

II. Asosiy qism (90 daqiqa)

Joy: Kompyuter xonasi / laboratoriya

1. Ma'lumotlarni olish va tahlil qilish

Guruh topshiriqlari:

- Talabalar 3-4 kishilik guruhlariga bo'linadi.
- Har bir guruh ma'lum bir biologik yo'nalish bo'yicha ma'lumot izlash va tahlil qilish bilan shug'ullanadi.
- Guruhlar NCBI, UniProt, PDB yoki KEGG bazalaridan foydalanib, quyidagi tarmoqlar bo'yicha ma'lumot to'playdi:

A. Genetika va genomika

- NCBI GenBank'dan inson yoki boshqa organizm genlarini topish va tahlil qilish.
- Biror kasallik bilan bog'liq genlarni izlash va mutatsiyalarni tahlil qilish.

B. Biotexnologiya va farmakologiya

- KEGG bazasidan bioximyoviy yo'llar va dorilar ta'sir mexanizmlarini izlash.
- O'simlik yoki mikroorganizmlarning genom ma'lumotlarini topish.

C. Oqsillar va tuzilish biologiyasi

- UniProt va PDB bazalaridan oqsillar haqidagi ma'lumotlarni yuklab olish va ularning funksiyasini o'rganish.
- Biror kasallik bilan bog'liq oqsilning tuzilishini tahlil qilish.

D. Evolyutsion biologiya va filogenetika

- NCBI BLAST yordamida organizmlar o'rtasidagi evolyutsion bog'liqlikni aniqlash.
- DNK yoki oqsil ketma-ketliklarini taqqoslash orqali organizmlar o'rtasidagi o'xshashliklarni topish.

2. Natijalarni vizualizatsiya qilish

- Har bir guruh o'z natijalarini Excel, MEGA yoki PyMOL kabi dasturlarda vizualizatsiya qiladi.
- Olingan ma'lumotlar jadval yoki grafik ko'rinishda taqdim etiladi.

III. Natijalarni tahlil qilish va muhokama (30-60 daqiqa)

Joy: Ochiq maydon yoki kutubxona

- Har bir guruh o'z natijalarini taqdim etadi.
- Quyidagi savollar bo'yicha muhokama o'tkaziladi:
 1. Topilgan bioinformatsion ma'lumotlar qanday biologik xulosalar chiqarishga yordam berdi?
 2. Ma'lumotlarni tahlil qilishda qanday qiyinchiliklarga duch kelindi?
 3. Olingan natijalar real ilmiy tadqiqotlarda qanday qo'llanilishi mumkin?
 4. Kelajakda bioinformatika qanday rivojlanishi mumkin?

3. Talabalar uchun uyga vazifa

1. O'rganilgan bioinformatsion bazalar bo'yicha qisqa hisobot tayyorlash.
2. Olingan natijalar bo'yicha ilmiy maqola yoki taqdimot tayyorlash.
3. Bioinformatikaning o'z sohasi uchun qanday foydali bo'lishini tahlil qilish.

4. Mashg'ulotdan kutiladigan natijalar

- ✓ Talabalar bioinformatsion bazalar bilan ishlashni o'rganadi.
- ✓ Biologiyaning turli sohalarida bioinformatika qanday qo'llanilishini tushunishadi.
- ✓ Ilmiy ma'lumotlarni izlash, tahlil qilish va vizualizatsiya qilish bo'yicha amaliy ko'nikmalarga ega bo'ladilar.
- ✓ Zamonaviy biologik tadqiqotlarda bioinformatikaning ahamiyatini tushunib yetadilar.

Qo'shimchalar:

- Agar imkoniyat bo'lsa, mashg'ulotni genomika laboratoriyasi yoki ilmiy markaz bilan hamkorlikda o'tkazish tavsiya etiladi.
- Talabalarning mustaqil ishlashi uchun NCBI yoki UniProt bo'yicha tutorial videolar taqdim etish foydali bo'ladi.

2. Biologik axborotlar tarkibidagi nukleotid ketma-ketliklari asosida taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish (6 soat)

Nukleotid ketma-ketliklarini taqqoslash orqali filogenetik daraxt tuzish

Mashg'ulot turi: Ko'chma laboratoriya mashg'uloti

Mashg'ulot o'tkaziladigan joy:

- Universitet kompyuter xonasi (ma'lumotlarni izlash va tahlil qilish)
- Tabiat qo'ynida yoki muzey (filogenetik daraxt natijalarini muhokama qilish)

Davomiyligi: 3 soat

1. Mashg'ulotning maqsadi

- Talabalarga nukleotid ketma-ketliklarini tahlil qilish va filogenetik daraxt yaratish bo'yicha amaliy ko'nikmalarni o'rgatish.
- Biologik evolyutsiya va turli organizmlar o'rtasidagi qarindoshlik munosabatlarini tushuntirish.
- Bioinformatik vositalardan foydalangan holda evolyutsion aloqalarni o'rganish.

2. Mashg'ulotning bosqichlari

I. Kirish (30 daqiqa)

Joy: Kompyuter xonasi yoki laboratoriya

1. Filogenetik tahlil haqida qisqacha tushuncha
 - Nukleotid ketma-ketliklari va ularning biologik axborotdagi o'rni.
 - Organizm va genlar o'rtasidagi evolyutsion aloqalarni filogenetik daraxt orqali aniqlash.
 - Filogenetik daraxt tuzish usullari (UPGMA, Neighbor-Joining, Maximum Likelihood).
2. Asosiy bioinformatson bazalar haqida tushuncha
 - NCBI GenBank – Genetik ma'lumotlarni yuklab olish.
 - BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) – DNK va RNK ketma-ketliklarini taqqoslash.

- Clustal Omega / MUSCLE – Nukleotid tekislash (alignment).
- MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) – Filogenetik daraxt yaratish.

3. Savol-javob

- “Filogenetik daraxt qanday ma’lumotlar asosida quriladi?”
- “Qanday qilib DNK ketma-ketliklari asosida qarindoshlik munosabatlarini aniqlash mumkin?”

II. Amaliy qism (90 daqiqa)

Joy: Kompyuter xonasi

1. Ma’lumotlarni izlash va tayyorlash

Guruh topshiriqlari:

- Talabalar 3-4 kishilik guruhlariga bo‘linadi.
- NCBI GenBank yoki boshqa bioinformatsion bazalardan o‘simlik, hayvon yoki bakteriyalarga oid DNK/RNK ketma-ketliklarini yuklab olishadi.
- Har bir guruh bir xil gen (masalan, COI geni yoki 16S rRNA) bo‘yicha bir necha turga oid ma’lumotlarni yig‘adi.

2. BLAST orqali DNK ketma-ketliklarini taqqoslash

- Har bir guruh BLAST dasturidan foydalangan holda yig‘ilgan DNK ketma-ketliklarini taqqoslaydi.
- Eng o‘xshash ketma-ketliklarni aniqlash va ularning evolyutsion masofalarini hisoblash.

3. DNK ketma-ketliklarini tekislash (alignment)

- Clustal Omega yoki MUSCLE dasturlaridan foydalanib ketma-ketliklarni tekislash.
- Xatolarni aniqlash va ketma-ketliklarni moslashtirish.

4. Filogenetik daraxt yaratish

- MEGA yoki PhyML dasturida UPGMA yoki Maximum Likelihood usuli yordamida filogenetik daraxt qurish.
- Daraxtda qarindoshlik munosabatlarini tahlil qilish.

III. Natijalarni tahlil qilish va muhokama (60 daqiqa)

Joy: Tabiat qo‘ynida yoki ochiq maydon

1. Har bir guruh o‘z natijalarini taqdim etadi
 - Olingan filogenetik daraxtni tushuntirish.
 - “Qaysi organizmlar o‘zaro yaqin qarindosh hisoblanadi?”
 - “Nima uchun ayrim organizmlar filogenetik daraxtda uzoq joylashgan?”
2. Muhokama
 - Filogenetik daraxt natijalari real hayotdagi evolyutsion munosabatlarga mos keladimi?
 - Xatoliklar va ma’lumotlar cheklovlari qanday bo‘lishi mumkin?
 - Filogenetik tahlil natijalari qaysi biologik tarmoqlarda ishlatiladi?
 - Tibbiyot (virus evolyutsiyasi, pandemiya tahlili)
 - Ekologiya va tabiatni muhofaza qilish
 - Genetika va biotexnologiya

3. Talabalar uchun uyga vazifa

1. Filogenetik tahlil natijalari bo‘yicha hisobot tayyorlash.
2. Mashg‘ulot davomida olingan ma’lumotlar asosida ilmiy taqdimot tayyorlash.
3. Boshqa organizmlar uchun mustaqil filogenetik tahlil o‘tkazish va natijalarini taqqoslash.

4. Mashg‘ulotdan kutiladigan natijalar

✓ Talabalar DNK ketma-ketliklarini tahlil qilish va filogenetik daraxt yaratish ko‘nikmalariga ega bo‘ladilar.

✓ Biologik evolyutsiyani tushunish va real misollar orqali qarindoshlik aloqalarini aniqlash.

✓ Zamonaviy bioinformatika dasturlaridan foydalanish bo‘yicha tajriba orttiradilar.

✓ Filogenetik tahlil natijalarini real biologik masalalarga qo‘llash imkoniyatlarini tushunadilar.

Qo‘shimcha imkoniyatlar:

- Agar imkoniyat bo'lsa, mashg'ulotni biologiya laboratoriyasi bilan hamkorlikda o'tkazish.
- Tabiatda olingan namunalarni laboratoriyada tahlil qilish va natijalarini filogenetik daraxt bilan solishtirish.
- Mobil ilovalar yoki bioinformatika platformalaridan (Galaxy, Geneious) foydalanish orqali tahlillarni mustaqil o'tkazish.

VI.GLOSSARIY

A

- **Algoritm** – Muayyan muammoni hal qilish uchun ketma-ket bajariladigan buyruqlar majmuasi.
- **Animatsiya** – Biologik jarayonlarni tushuntirish uchun ishlatiladigan dinamik tasvirlar yoki multimedialar.
- **API (Application Programming Interface)** – Dasturlar o'rtasida ma'lumot almashinuvini ta'minlaydigan interfeys.

B

- **Big Data** – Biologiya bo'yicha katta hajmdagi ma'lumotlarni tahlil qilish va saqlash usullari.
- **Bioinformatika** – IT texnologiyalar yordamida biologik ma'lumotlarni saqlash, tahlil qilish va modellashtirish sohasi.
- **Blended Learning (Aralash ta'lim)** – An'anaviy va raqamli ta'lim usullarini birlashtirish.
- **BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)** – DNK va oqsil ketma-ketliklarini taqqoslash vositasi.

C

- **Cloud Computing (Bulutli hisoblash)** – Biologiya fanida katta hajmdagi ma'lumotlarni saqlash va qayta ishlash uchun internet orqali xizmatlardan foydalanish.
- **Clustal Omega** – Nukleotid va oqsil ketma-ketliklarini tekislash uchun ishlatiladigan bioinformatik dastur.
- **Chatbot** – Talabalarga yordam beradigan, savollarga javob beruvchi sun'iy intellekt tizimi.
- **Coding (Dasturlash)** – Biologiya uchun dasturiy ilovalar yaratish jarayoni.

D

- **DNA Sequencing (DNK sekvensiyalash)** – DNK tarkibidagi nukleotidlar ketma-ketligini aniqlash usuli.
- **Database (Ma'lumotlar bazasi)** – Biologik ma'lumotlarni saqlash va boshqarish tizimi (masalan, GenBank, UniProt).
- **Digital Microscope (Raqamli mikroskop)** – Kattalashtirilgan tasvirlarni elektron qurilmalar orqali ko'rsatadigan mikroskop.
- **Distance Learning (Masofaviy ta'lim)** – Internet orqali biologiya fanini o'qitish usuli.

E

- **E-learning (Elektron ta'lim)** – Elektron vositalar orqali biologiya fanini o'qitish usuli.

- **Ensembl** – Eukariot organizmlar genomlarini tahlil qilish va vizualizatsiya qilish uchun mo‘ljallangan bioinformatika platformasi.
- **Educational Apps (Ta’lim ilovalari)** – Biologiyani o‘rganish uchun mo‘ljallangan mobil yoki veb-ilovalar.

F

- **Flipped Classroom (Teskari sinf)** – Dars davomida amaliy mashg‘ulotlarga ko‘proq e’tibor qaratib, nazariyani mustaqil o‘rganish modeli.
- **Filogenetik daraxt** – Organizmlar o‘rtasidagi evolyutsion bog‘liqlikni tasvirlovchi grafik tasvir.

G

- **Gamification (O‘yinlashtirish)** – O‘yin elementlari orqali biologiya fanini qiziqarli o‘qitish usuli.
- **GenBank** – Nukleotid ketma-ketliklari bo‘yicha xalqaro bioinformatik ma’lumotlar bazasi.
- **Google Classroom** – O‘qituvchilar va talabalarga masofaviy ta’lim jarayonini tashkil qilish uchun mo‘ljallangan platforma.

H

- **HapMap** – Inson genomidagi genetik farqlarni o‘rganish uchun mo‘ljallangan ma’lumotlar bazasi.
- **HTML (HyperText Markup Language)** – Biologiya bo‘yicha veb-sahifalar yaratishda ishlatiladigan dasturlash tili.

I

- **Interactive Learning (Interaktiv ta’lim)** – Biologiya fanini o‘qitishda talabalar bilan faol aloqa orqali o‘qitish usuli.
- **Internet of Things (IoT)** – Biologik tajribalarni kuzatish va avtomatlashtirish uchun internetga ulangan qurilmalar.

K

- **KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)** – Genetik va metabolik yo‘llarni tahlil qilish uchun mo‘ljallangan bioinformatika platformasi.

L

- **Learning Management System (LMS)** – Biologiya fanini masofaviy o‘qitish va nazorat qilish uchun mo‘ljallangan onlayn tizimlar (Moodle, Blackboard).

M

- **MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)** – Molekulyar evolyutsiya va filogenetik tahlil uchun dasturiy ta’minot.
- **Machine Learning (Mashina o‘rganishi)** – Biologik ma’lumotlarni avtomatik tahlil qilish uchun sun’iy intellekt algoritmlari.
- **Moodle** – Masofaviy ta’lim uchun mo‘ljallangan platforma.

N

- **NCBI (National Center for Biotechnology Information)** – Biologik va genetik ma'lumotlar bazasi.
- **Neural Network (Asab tarmog'i)** – Biologik tahlillarda sun'iy intellekt yordamida prognoz qilish texnologiyasi.

O

- **Online Simulation (Onlayn simulyatsiya)** – Biologik jarayonlarni kompyuter yordamida modellashtirish.

P

- **Phylogenetics (Filogenetika)** – Organizmlar evolyutsiyasini o'rganish.
- **PDB (Protein Data Bank)** – Oqsillar va DNK molekulalarining 3D tuzilmalari haqida ma'lumotlar bazasi.
- **Python** – Biologik ma'lumotlarni tahlil qilish uchun ishlatiladigan dasturlash tili.

R

- **R programming** – Biologik statistik tahlillar uchun dasturlash tili.
- **RNA-seq** – RNK tahlil qilish texnologiyasi.

S

- **Smartboard** – Biologiya fanini vizual tarzda o'qitish uchun interaktiv doska.
- **Software (Dasturiy ta'minot)** – Biologik ma'lumotlarni qayta ishlash va vizualizatsiya qilish uchun dasturlar.
- **STEM (Science, Technology, Engineering, Mathematics)** – Biologiyani texnologiya bilan bog'liq holda o'qitish modeli.

T

- **3D Printing** – Biologik modellarni yaratishda ishlatiladigan texnologiya.
- **Tableau** – Biologik ma'lumotlarni vizualizatsiya qilish dasturi.
- **TED-Ed** – Biologiya fanini tushuntirish uchun video resurslar.

U

- **UniProt** – Oqsillar haqida bioinformatik ma'lumotlar bazasi.
- **USB Microscope** – Kompyuterga ulanadigan mikroskop turi.

V

- **Virtual Lab (Virtual laboratoriya)** – Biologik eksperimentlarni onlayn o'tkazish imkonini beruvchi simulyatsiya.
- **VR (Virtual Reality)** – Biologiya fanini interaktiv o'qitish uchun ishlatiladigan texnologiya.

W

- **Webinar** – Internet orqali biologiya bo'yicha ma'ruzalar o'tkazish.
- **Wikipedia** – Biologik ma'lumotlarni o'rganish uchun keng tarqalgan ochiq manba.

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 Sudyalari oliy kengashi. Sudyalari 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.ees.uni-ruse.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.- Т., 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.: Vinom, 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. Ishmuamedov R.J., M.Mirsoliyeva. O‘quv jarayonida innovatsion ta’lim texnologiyalari. – Т.: Fan va texnologiyalar, 2014.- 60 b.
38. Xoliknazarov B. Individual rivojlanish biologiyasi. -Т.: 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 Publiciations. 2015. 191.
45. Mitchell H.Q. “Traveller” B1, B2, MM Publiciations. 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