

## BIOINFORMATIKA USULLARI VA GENOMIK MA'LUMOT ANALIZI

**Sherimbetova Xayriniso Shuxrat qizi**

Muhammad Al-Xorazmiy nomidagi

Toshkent Axborot texnologiyalari universiteti Urganch filiali

Kompyuter injiniringi fakulteti,

Telekommunikatsiya texnologiyalari yo'nalishi talabasi

**Annotatsiya:** Bioinformatika usullari va genomik ma'lumot analizi biologiya va kompyuter fanlari kesishgan joyda joylashgan ilmiy soha hisoblanadi. Ushbu yo'nalish genomlar, genlar va boshqa biologik ma'lumotlarni tahlil qilish uchun hisoblash usullaridan foydalanadi. Bioinformatika yordamida genetik ma'lumotlar, protein tuzilmalari va ularning funksiyalari haqidagi bilimlar kengaytiriladi. Ushbu sohada foydalaniladigan asosiy usullar ma'lumotlarni to'plash, saqlash, qayta ishlash va tahlil qilishni o'z ichiga oladi. Bioinformatik tahlil yordamida yangi dorilarni ishlab chiqish, genetik kasalliklarni aniqlash va qishloq xo'jaligida genetik modifikatsiyalarni amalga oshirish mumkin. Shuningdek, bu soha o'zgaruvchan biologik ma'lumotlar bilan ishlash uchun mashina o'rganish va sun'iy intellekt texnologiyalaridan foydalanishni talab etadi.

**Kalit so'zlar:** Bioinformatika, genomika, gen ma'lumotlari, tahlillar, mashina o'rganish, sun'iy intellekt, biologik ma'lumotlar, genetik kasalliklar, dori ishlab chiqish, genetik modifikatsiyalar va h.k.

Bioinformatika — biologik ma'lumotlarni, xususan, genetik va genomik ma'lumotlarni tahlil qilish va saqlash uchun hisoblash usullarini qo'llashni o'z ichiga olgan ilmiy soha. Ushbu yo'nalish biologiya, informatika, matematika va statistika sohalarining kesishgan nuqtasida joylashgan bo'lib, biologik ma'lumotlarni tushinishda muhim rol o'ynaydi. Bioinformatika zamonaviy biotexnologiya va genomik tadqiqotlarda ajralmas qism hisoblanadi. Genomik ma'lumotlarni tahlil qilish orqali tadqiqotchilar genlarning tuzilishini, ularning funksiyalarini va o'zaro aloqalarini aniqlash imkoniyatiga ega bo'ladilar. Bu esa kasalliklarni aniqlash, davolash usullarini ishlab chiqish va yangi dori vositalarini yaratishga yordam beradi. Bioinformatika usullari va genomik ma'lumot analizi zamonaviy ilm-fan va tibbiyotda muhim ahamiyatga ega. Bu usullar orqali kasalliklar va ularning sabablarini aniqlash, erta diagnostika va shaxsiylashtirilgan tibbiyotga yo'l ochish imkoniyati yaratiladi. Har bir insonning genetik xususiyatlarini hisobga olgan holda individual davolash strategiyalarini ishlab chiqish, dori vositalarining samaradorligini oshirish va yon ta'sirlarni kamaytirish imkoniyatini beradi.

Genomik ma'lumotlar yordamida yangi dori vositalarini ishlab chiqish jarayonini tezlashtirish va aniqroq maqsadlar belgilash mumkin. Ushbu tahlil va bioinformatika usullari biologik tizimlarning murakkabligi va ularning o'zaro aloqalarini tushinishga yordam beradi, bu esa hayotiy jarayonlarni chuqurroq o'rganishga imkon yaratadi. O'simliklarning genetik modifikatsiyasi, ularning hosildorligini oshirish va ekologik muammolarni hal qilishda ham bioinformatika muhim rol o'ynaydi. Genomik tahlil natijalarini yig'ish va saqlash imkonini beruvchi ma'lumotlar bazalari tadqiqotlar uchun qulay platforma taqdim etadi. O'qilgan xaritalash natijalari biologik talqin qilinishidan oldin qiziqishning genomik xususiyatlarini o'qish qamrovi asosida umumlashtirilishi kerak. Genomik xususiyatlarni tahlil qilish turli xil biologik jarayonlar va kasalliklarning murakkab mexanizmlarini tushinishda muhim rol o'ynaydi. Yuqori mahsuldorlikni sekvensiyalash texnologiyalaridagi yutuqlar tufayli tadqiqotchilar endi genomning tuzilishi, funktsiyasi va regulyatsiyasi haqida qimmatli tushunchalarni taqdim etadigan katta hajmdagi genomik ma'lumotlardan foydalanish imkoniyatiga ega.

Shuningdek, bioinformatika va genomik tadqiqotlar global miqyosda amalga oshirilishi, ilmiy hamkorlikni va bilim almashish jarayonini rivojlantirishga yordam beradi. Umuman olganda,

bioinformatika va genomik ma'lumotlar analizi inson hayoti va sog'lig'i uchun katta ahamiyatga ega bo'lib, ilmiy va amaliy sohalarida inqilobiy o'zgarishlarni amalga oshirishi mumkin. Genomik Ma'lumotlarni Tahlil Qilish Usullari

- Genomlarni sekvenslash — genetik materialning asosiy ma'lumotlarini olish jarayoni. NGS (Next-Generation Sequencing) texnologiyalari yordamida juda katta hajmdagi genetik ma'lumotlarni tez va samarali tarzda olish mumkin.
- Bioinformatika usullari yordamida olingan ma'lumotlarni saqlash va boshqarish uchun turli xil ma'lumotlar bazalari (masalan, GenBank, Ensembl) yaratiladi. Bu ma'lumotlar bazalari tadqiqotchilarga kerakli ma'lumotlarni tezda topish imkonini beradi.
- Genomik ma'lumotlarni tahlil qilish uchun statistik va algoritmik usullar qo'llaniladi. Bu jarayonda sekvenslar o'rtasidagi o'xshashliklarni aniqlash, genlarni klassifikatsiya qilish va biologik funksiyalarni aniqlash kabi vazifalar bajariladi.
- Genomik ma'lumotlar asosida turli xil kompyuter modellarini yaratish orqali genlar o'rtasidagi o'zaro ta'sirlar va ularning biologik tizimdagi roli o'rganiladi. Bu modellashtirish usullari kasalliklarning mexanizmlarini tushunishga yordam beradi.
- Molekulyar dinamik simulyatsiyalari yordamida proteinlar va boshqa biomolekulalar o'rtasidagi interaktsiyalar o'rganiladi. Bu usullar yordamida biomolekulalarning strukturalari va dinamikasi haqida chuqur ma'lumot olish mumkin.

Bioinformatika va genomik ma'lumotlar analizi zamonaviy biologiya va tibbiyotning ajralmas qismi bo'lib, biologik ma'lumotlarni tahlil qilish va tushunish orqali kasalliklarni aniqlash va davolashda muhim ahamiyatga ega. Ushbu sohada texnologiyalar va usullar, shuningdek, kelajakda ilm-fan va tibbiyot rivojida yangi ufqlarni ochishga yordam beradi. Bioinformatika ilmiy tadqiqotlarni yanada samarali va tezkor o'tkazishga imkon beruvchi kuchli vosita sifatida ahamiyatini yo'qotmaydi. Bioinformatika biologiyaning ko'plab sohalarining muhim qismiga aylandi. Bioinformatikaning tahlil usullari ushbu soha rivojlanishidan oldin deyarli imkonsiz bo'lgan katta hajmdagi eksperimental ma'lumotlarni sharhlash imkonini beradi. Genetika va genomika sohasida bioinformatika genomlarning funksional annotatsiyasi, mutatsiyalarni aniqlash va tahlil qilishda yordam beradi. Bularning ichida muhim vazifalarning biri gen ekspressiyasi va uni tartibga solish usullarini o'rganishdir.

## Foydalanilgan adabiyotlar:

1. Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2015). *Molecular Biology of the Cell* (6th ed.). New York: Garland Science. pp. 150-175.
2. Benson, D. A., Cavanaugh, M., Clark, K., Karsch-Mizrachi, I., & Ostell, J. (2018). *GenBank. Nucleic Acids Research*, 46(D1), D41-D47.
3. Mount, D. W. (2004). *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. pp. 85-102.
4. Pevsner, J. (2015). *Bioinformatics and Functional Genomics* (2nd ed.). Hoboken: Wiley-Blackwell. pp. 210-230.
5. Zhao, Y., & Zhang, J. (2017). *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. New York: Springer. pp. 55-78.
6. Shendure, J., & Ji, H. (2008). Next-generation DNA sequencing. *Nature Biotechnology*, 26(10), 1135-1145.
7. Durbin, R., Eddy, S. R., Krogh, A., & Mitchison, G. (2010). *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids*. Cambridge University Press. pp. 123-145.