

**NCBI MA'LUMOTLAR BAZASINING ZAMONAVIY
BIOINFORMATIKA VA GENETIK TADQIQOTLAR UCHUN TAQDIM
ETADIGAN IMKONIYATLARI**

*G'ulomjonova Dilshoda Bahtiyor qizi,
Dadaboyeva Havasxon Adhamjon qizi,
Komilov Donyor Jo'rayevich
Namangan Davlat Universiteti
dilshodagulomjonova1@gmail.com*

Annotatsiya: Ilm-fan, ayniqsa biologiya, bioinformatika va tibbiyot sohalarida, genetik va molekulyar ma'lumotlarning doimiy kengayib borishi zamonaviy tadqiqotlar uchun kuchli resurslar va ma'lumotlar bazalarini yaratish, hamda ularni boshqarish uchun ishonchli platformalarga bo'lgan talab va ehtiyojlarni yanada ortiradi. National Center for Biotechnology Information (NCBI) ushbu talabni qondirish maqsadida global ilmiy foydalanuvchilar uchun zamonaviy ma'lumotlar bazalari va tahlil vositalarini taqdim etadi. NCBI nafaqat ma'lumotlarni saqlash va ularga kirish imkoniyatini ta'minlaydi, balki zamonaviy tadqiqotlar uchun yangi imkoniyatlarni yaratadigan vositalar va texnologiyalarni ham taklif etadi. NCBI tomonidan boshqariladigan GenBank, BLAST, PubMed, GEO va ClinVar kabi resurslar bugungi kunda genetik ma'lumotlarni tahlil qilish, gen ifodalanishini o'rganish va genetik kasalliklarni aniqlashda asosiy manba bo'lib xizmat qilmoqda. Ushbu vositalar biologik ma'lumotlarni oson va tezkor tarzda tahlil qilish imkoniyatini berib, zamonaviy biologiya va tibbiyotning rivojlanishiga ulkan hissa qo'shmoqda.

Kalit so'zlar: NCBI, GenBank, BLAST, ClinVar, bioinformatika, genomika, PubMed, PDB.

Abstract: The ever-expanding volume of genetic and molecular data in science, especially in the fields of biology, bioinformatics, and medicine, is increasing the demand and need for powerful resources and databases for modern research, as well as reliable platforms for their management. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) provides modern databases and analysis tools for global scientific users to meet this demand. NCBI not only provides data storage and access, but also offers tools and technologies that create new opportunities for modern research. Resources such as GenBank, BLAST, PubMed, GEO, and ClinVar, managed by NCBI, today serve as the main source for analyzing genetic data, studying gene expression, and identifying genetic diseases. These tools make a significant contribution to the development of modern biology and medicine by providing an easy and fast way to analyze biological data.

Keywords: NCBI, GenBank, BLAST, ClinVar, bioinformatics, genomics, PubMed, PDB.

Аннотация: Постоянное расширение генетических и молекулярных данных в науке, особенно в областях биологии, биоинформатики и медицины, еще больше увеличивает спрос и потребность в надежных платформах для создания и управления мощными ресурсами и базами данных для современных исследований. Национальный центр биотехнологической информации (NCBI) предоставляет научным пользователям по всему миру самые современные базы данных и инструменты анализа для удовлетворения этого спроса. NCBI не только обеспечивает хранение данных и доступ к ним, но и предлагает инструменты и технологии, которые создают новые возможности для современных исследований. Такие ресурсы, как GenBank, BLAST, PubMed, GEO и ClinVar, управляемые NCBI, сегодня служат основным источником для анализа генетических данных, изучения экспрессии генов и выявления генетических заболеваний. Эти инструменты позволяют легко и быстро анализировать биологические данные, внося значительный вклад в развитие современной биологии и медицины.

Ключевые слова: NCBI, GenBank, BLAST, ClinVar, биоинформатика, геномика, PubMed

NCBI (National Center for Biotechnology Information)- AQSHning Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi bo'lib, biologiya va biotexnologiya soxalarida axborot almashinuvi va ilmiy tadqiqotlarni qo'llab-quvvatlash maqsadida tashkil etilgan. U 1988-yilda AQSH Milliy Tibbiyot Kutubxonasi (NLM) tarkibida tashkil etilgan. NCBI dunyodagi eng yirik biologik ma'lumotlar bazalaridan biri bo'lib, biologiyaning ko'plab sohalarida katta ilmiy ahamiyatga ega hisoblanadi.

NCBI ko'plab ma'lumot bazalarini o'z ichiga oladi va ulardan asosiy ma'lumot bazalari sifatida quyidagilarni keltirish mumkin:

-GenBank: Dunyo bo'yicha yig'ilgan nuklein kislotalar ketma-ketligi haqida ma'lumotlar saqlaydi. Unda genetik kodlar, gen ekspressiyasi va molekulyar ketma-ketliklar haqida ma'lumotlar bo'ladi. (Tadqiqotchilar genetik ketma-ketliklarni tahlil qilish va yangi ketma-ketliklarni aniqlash uchun foydalanishlari mumkin)

-BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): Nuklein kislotalar va oqsill ketma-ketliklarini taqqoslash va ularning o'xshashligini aniqlash vositasi hisoblanadi. (Undan asosan evalutsion yaqinlikni tahlil qilish va yangi gen yoki oqsil ketma-ketliklarini izlash uchun foydalanish mumkin)

-PubMed: Biotibbiyot va biotexnologiya, genetika sohalarida bo'yicha ilmiy maqolalarning referativ bazasi hisoblanadi. (PubMed orqali tadqiqotchilar zamonaviy

ilmiy maqolalarni qidirib topishlari va ularning annotatsiyasi haqida ma'lumotlarga ega bo'lishlari mumkin)

-Gene: Genlar va ular bilan bog'liq ma'lumotlar saqlanadi. Bu dastur orqali asosan gen tuzilmasi, genetik xaritalar, genlar funksiyasi va ekspressiyasi haqida ma'lumotlar olish mumkin bo'ladi. (Tadqiqotchilar genlarning biologik va tibbiy ahamiyati haqida ma'lumotlar olishda foydalanishlari mumkin)

-Protein: Oqsillar haqida batafsil ma'lumot saqlanadi. Bu dastur orqali oqsil tuzilmalari, funksiyalari va ketma-ketliklari haqida ma'lumotlar olish mumkin.

-SNP (Single Nucleotide Polymorphism Database): Genetik variatsiyalar haqida ma'lumot beradi. Bundan tashqari nuklein kislotalar ketma-ketliklaridagi bitta nukleotid polimorfizmlari haqida ma'lumotlar ham olish mumkin bo'ladi. (Bu dastur orqali genetik variatsiyalarni tahlil qilish va kasalliklarning genetik asoslarini o'rganishda keng foydalanish mumkin)

-RefSeq (Reference Sequence): Biologik tadqiqotlar uchun yaratilgan standart va mos keluvchi ketma-ketliklar bazasi. Bu dastur orqali DNK, RNK va oqsil ketma-ketliklari haqida ma'lumotlar olish mumkin. (RefSeq orqali genomlarni tahlil qilish va qiyosiy tadqiqotlar o'tkazish uchun foydalanish oson va qulay hisoblanadi)

-Taxonomy: Biologik organizmlar klassifikatsiyasi va nomlanishi haqida ma'lumotlar saqlanadi. (Bu dastur orqali tadqiqotchilar turli xil organizmlar o'rtasidagi taksonomik munosabatlarni aniqlashda keng foydalanishlari mumkin)

-Structure: Molekulyar tuzilmalar, DNK va RNK, oqsilning 3D tuzilmalari haqida ma'lumotlar saqlanadi. Bu ma'lumotlar orqali molekulyar tuzilmalarning funksional xususiyatlarini tushunish birmuncha osonlashadi.

-BioSystems: Biologik yo'llar, metabolizm va boshqa tizmlar haqida ma'lumotlar saqlanadi. Bu dastur biokimyoviy jarayonlarni tahlil qilish va organizmdagi o'zaro ta'sirlarni o'rganishni birmuncha qulaylashtiradi.

-OMIM(Online Medelian Inheritance in Man): Insonning irsiy kasalliklari va ularning molekulyar asoslari haqida ma'lumotlar saqlanadi. Bu dasturdan asosan genetik kasalliklarni tadqiq qilish va tashxislashda keng foydalaniladi.

-BookShelf: Biologiya va tibbiyotga oid elektron kitoblar va qo'llanmalar bazasi. Bu dastur foydalanuvchilarga darsliklar va ilmiy qo'llanmalardan bepul foydalanish imkoniyatini beradi.

-GEO(GeneExpression Omnibus): Gen ekspressiyasi ma'lumotlari haqida ma'lumot beradi. Bu dastur orqali DNK va RNK darajasida genlarning faolligini tahlil qilish oson va qulaylashadi.

-ClinicalTrials.gov: Klinik sinovlar, dori-darmon va yangi davolash usullari haqidagi ma'lumotlar saqlanadi. Bu dastur orqali tadqiqotchilar va bemorlar klinik tadqiqotlar t o'g'risidagi ma'lumotlardan foydalanishlari mumkin.

-**Assembly:** Genomik yig'indilar haqida ma'lumotlarni saqlaydi. Bu dastur orqali genomlarning turli xil yig'ilishlarini tahlil qilishda foydalanish mumkin.

-**MeSH(Medical Subject Headings):** Biologik va tibbiy terminlar uchun tuzilgan taksonomik tizm hisoblanib, bu dasturdan PubMed va boshqa ma'lumotlar bazalarini qidiruv tizmlarini yanada yaxshilashda foydalanish mumkin.

-**Genomes:** Turli organizmlarning genomlari haqidagi to'liq ma'lumotlar saqlanadi. Bu dasturdan asosan genomni tahlil qilish va qiyosiy genomika tadqiqotlarida keng foydalaniladi.

-**ClinVar va klinik genomika:** ClinVar platformasi genetik variantlarning klinik ahamiyatini saqlovchi baza sifatida bemorlarning genetik diagnostikasida muhim rol o'ynaydi. Ushbu platforma orqali genetik kasalliklarni aniqlash va shaxsiylashtirilgan davolash usullarini ishlab chiqish bo'yicha tadqiqotlar amalga oshiriladi.

-**Protein Data Bank (PDB):** PDB oqsillar tuzilishi haqidagi keng qamrovli ma'lumotlarni o'z ichiga oladi. Bu baza dori vositalari dizaynini optimallashtirish va molekulyar biologiya sohasida tadqiqotlar uchun muhim hisoblanadi. PDB ma'lumotlarining kengayishi oqsil-molekula o'zaro ta'sirlarini o'rganishga yordam beradi.

Ushbu bazalar ilmiy tadqiqotlar, bioinformatika tahlillari, genetik kasalliklarni o'rganish va ilmiy maqolalar bilan ishlash uchun xizmat qiladi.

NCBI(National Center for Biotechnology Information) ma'lumotlar bazasining ilmiy yangiligi quyidagilarda aks etadi:

- Genom ma'lumotlarining kengayishi va yangilanishi
- BLAST va boshqa tahlil vositalarining rivojlanishi
- Kasalliklarga oid genetik ma'lumotlar
- Proteomika va tuzilma biologiyasi
- Sun'iy intellekt va avtomatlashtirilgan tahlil vositalari
- PubMed platformasining kengayishi va yangiliklari
- Personalizatsiyalangan tibbiyot ma'lumotlari
- Klinik ma'lumotlar yangilanishi
- Transkripton va gen ifodalanishiga oid yangiliklar
- Proteom va oqsil tuzilmasi haqida keng qamrovli ma'lumotlar
- Sun'iy intellekt(AI) integratsiyasi
- Epigenom va transkriptom ma'lumotlari
- Genetik tahlil vositalarining rivojlanishi

Xulosa

Hozirgi zamonaviy rivojlanib borayotgan davrda National Center for Biotechnology Information (NCBI) tomonidan taqdim etilgan ma'lumotlar bazalari va bioinformatika vositalari zamonaviy biologik va klinik tadqiqotlarning ajralmas qismiga aylangan. NCBI nafaqat genetik va molekulyar ma'lumotlarni boshqarishda,

balki global ilmiy tadqiqotlarni qo'llab-quvvatlashda ham muhim rol o'ynaydi. GenBank, PubMed, BLAST, ClinVar va GEO kabi resurslar yordamida tadqiqotchilar genetik ma'lumotlarni o'rganish va tahlil qilish imkoniga ega bo'lib, ilm-fanning rivojlanishiga ulkan hissa qo'shmoqda. Genetik va molekulyar tadqiqotlarning samaradorligini oshiradigan ushbu vositalar yangi texnologiyalar, jumladan, sun'iy intellekt bilan integratsiya jarayonlari, yangilangan axborotlar va tahlil vositalari tadqiqotlarda ko'plab qulaylik va afzalliklarni yaratmoqda. Bu yondashuv ilmiy jarayonlarni avtomatlashtirishga va ma'lumotlarni aniqlik bilan tahlil qilish imkonini bermoqda. Ushbu vositalar biologik xilma-xillikni o'rganishdan tortib, genetik kasalliklarni diagnostika qilish va yangi dori vositalarini yaratishgacha bo'lgan keng ko'lamli vazifalarni qo'llab-quvvatlaydi.

ADABIYOTLAR RO'YXATI

1. Benson, D. A., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J., & Wheeler, D. L. (2005). GenBank. Nucleic Acids Research, 33(D1), D34–D38. doi:10.1093/nar/gki063
2. Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic Local Alignment Search Tool. Journal of Molecular Biology, 215(3), 403–410. doi:10.1016/S0022-2836(05)80360-2
3. Landrum, M. J., Lee, J. M., Riley, G. R., et al. (2014). ClinVar: Public archive of relationships among sequence variation and human phenotype. Nucleic Acids Research, 42(D1), D980–D985. doi:10.1093/nar/gkt1113
4. Edgar, R., Domrachev, M., & Lash, A. E. (2002). Gene Expression Omnibus: NCBI gene expression and hybridization array data repository. Nucleic Acids Research, 30(1), 207–210. doi:10.1093/nar/30.1.207
5. Wheeler, D. L., Church, D. M., Federhen, S., et al. (2003). Database resources of the National Center for Biotechnology Information. Nucleic Acids Research, 31(1), 28–33. doi:10.1093/nar/gkg033
6. Sayers, E. W., Beck, J., Bolton, E. E., et al. (2020). Database resources of the National Center for Biotechnology Information. Nucleic Acids Research, 48(D1), D9–D16. doi:10.1093/nar/gkz899
7. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
8. <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
9. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>
10. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>
11. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo>
12. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar>