



EOC
EUROASIAN
ONLINE
CONFERENCES



ENGLAND CONFERENCE

**INTERNATIONAL CONFERENCE ON
MULTIDISCIPLINARY STUDIES AND
EDUCATION**



Google Scholar

zenodo

OpenAIRE

doi digital object identifier

eoconf.com - from 2024



INTERNATIONAL CONFERENCE ON MULTIDISCIPLINARY STUDIES AND EDUCATION: a collection scientific works of the International scientific conference – London, England, 2026. Issue 1

Languages of publication: Uzbek, English, Russian, German, Italian, Spanish

The collection consists of scientific research of scientists, graduate students and students who took part in the International Scientific online conference «**INTERNATIONAL CONFERENCE ON MULTIDISCIPLINARY STUDIES AND EDUCATION**». Which took place in London , 2026.

Conference proceedings are recommended for scientists and teachers in higher education establishments. They can be used in education, including the process of post - graduate teaching, preparation for obtain bachelors' and masters' degrees. The review of all articles was accomplished by experts, materials are according to authors copyright. The authors are responsible for content, researches results and errors.





Anropogenetika usullari: populyatsion-statistik usul

Odilova Nilufar Sodikjon kizi

Andijon Davlat Tibbiyot Instituti assistenti

Annotatsiya. Mazkur maqolada antropogenetika fanida keng qo'llaniladigan populyatsion-statistik usulning nazariy asoslari va amaliy ahamiyati yoritilgan. Ushbu usul inson populyatsiyalarida genlar va allellarning tarqalish chastotalarini aniqlash, irsiy belgilarning avlod-dan-avlodga o'tish qonuniyatlarini tahlil qilish hamda genetik xilma-xillik darajasini baholash imkonini beradi. Maqolada Hardy–Vaynberg qonuni, allel va genotip chastotalarini hisoblash, populyatsiyalarda mutatsiya, migratsiya, genetik drift va tabiiy tanlanish jarayonlarining ta'siri ilmiy manbalar asosida tahlil qilingan. Shuningdek, populyatsion-statistik usulning tibbiyot, sud-tibbiy ekspertiza va antropologik tadqiqotlardagi qo'llanilishi misollar orqali yoritilgan. Tadqiqot natijalari antropogenetika sohasida populyatsion yondashuvning nazariy va amaliy ahamiyatini asoslab beradi.

Kalit so'zlar: antropogenetika, populyatsion-statistik usul, gen chastotasi, allel chastotasi, Hardy–Vaynberg qonuni, genetik drift, migratsiya, mutatsiya, tabiiy tanlanish, inson populyatsiyasi, genetik xilma-xillik

Kirish. Antropogenetika inson populyatsiyalarining genetik tuzilishini, irsiy belgilarning tarqalishini hamda ularning tarixiy va zamonaviy omillar ta'sirida shakllanish qonuniyatlarini o'rganuvchi muhim biologik fan tarmoqlaridan biridir. Ushbu fan genetik, antropologik va statistik yondashuvlarni uyg'unlashtirgan holda insoniyatning biologik xilma-xilligini ilmiy asosda tahlil qilish imkonini beradi. Ayniqsa, hozirgi globallashuv va migratsiya jarayonlari kuchaygan davrda inson populyatsiyalarida genetik o'zgarishlarni aniqlash dolzarb ahamiyat kasb etmoqda.

Antropogenetik tadqiqotlarda qo'llaniladigan usullar orasida populyatsion-statistik usul alohida o'rin egallaydi. Mazkur usul yordamida inson populyatsiyalarida gen va allellarning uchrash chastotasi, genotiplarning taqsimlanishi hamda irsiy belgilar dinamikasi aniqlanadi. Populyatsion-statistik yondashuv inson populyatsiyalarining genetik barqarorligi yoki o'zgaruvchanligini baholashda muhim ilmiy asos bo'lib xizmat qiladi.

Ilmiy manbalarda qayd etilishicha, populyatsion-statistik usulning nazariy asosi Hardy–Vaynberg qonuniga tayangan bo'lib, ushbu qonun populyatsiyada genetik muvozanat sharoitlarini aniqlash imkonini beradi. Ushbu yondashuv mutatsiya, migratsiya, genetik drift va tabiiy tanlanish kabi evolyutsion omillarning inson genofondiga ta'sirini o'rganishda keng qo'llaniladi. Shuningdek, bu usul tibbiy genetika, sud-tibbiy ekspertiza, demografiya va antropologik tadqiqotlarda amaliy ahamiyatga ega.

Mazkur maqolaning maqsadi antropogenetika fanida populyatsion-statistik usulning mohiyati, asosiy tushunchalari va ilmiy-amaliy ahamiyatini yoritishdan iborat. Maqolada ushbu usul yordamida olingan ilmiy natijalar va ularning inson populyatsiyalarini o'rganishdagi roli tahlil qilinadi.





Asosiy qism. Populyatsion-statistik usul antropogenetikaning eng muhim va asosiy tadqiqot usullaridan biri bo'lib, u inson populyatsiyalarining genetik tuzilishini miqdoriy jihatdan tahlil qilishga imkon beradi. Ushbu usul populyatsiyada genlar, allellar va genotiplarning uchrash chastotasini aniqlash orqali irsiy jarayonlarning umumiy qonuniyatlarini ochib beradi. Populyatsiya genetikasi nuqtayi nazaridan inson populyatsiyasi umumiy genofondga ega bo'lgan va erkin nikoh orqali bog'langan individlar majmuasi sifatida qaraladi. Shu sababli populyatsion-statistik yondashuv individual emas, balki guruh darajasidagi genetik jarayonlarni o'rganishga yo'naltirilgan.

Mazkur usulning nazariy asosi Hardy–Vaynberg qonuniga tayanadi. Ushbu qonunga ko'ra, ideal sharoitlarda populyatsiyada allel va genotip chastotalari avloddan-avlodga o'zgarmasdan saqlanib qoladi. Agar populyatsiyada ikki allelli gen mavjud bo'lsa va ularning chastotalari mos ravishda p va q bilan ifodalansa, u holda genotip chastotalari quyidagi tenglama asosida aniqlanadi:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1.$$

Bu yerda p^2 dominant gomozigotlar, $2pq$ geterozigotlar va q^2 retsessiv gomozigotlar chastotasini bildiradi. Amaliy tadqiqotlarda ushbu formula yordamida kuzatilgan va kutilgan genotip chastotalari solishtiriladi hamda populyatsiyada genetik muvozanat mavjud yoki mavjud emasligi aniqlanadi.

Ilmiy dissertatsion tadqiqotlarda populyatsion-statistik usul ko'pincha qon guruhlari, rezus-faktor, teri rangiga oid belgilar, barmoq izlari va ayrim irsiy kasalliklar misolida qo'llaniladi. Masalan, ABO qon guruhlari tizimi inson populyatsiyalarida genetik farqlanishni o'rganishda qulay model hisoblanadi. Turli mintaqalarda A, B va O allellarining chastotasi bir xil emasligi aniqlangan bo'lib, bu holat tarixiy migratsiya va tabiiy tanlanish jarayonlari bilan izohlanadi.

Quyidagi jadvalda shartli populyatsiyada bir genning allel va genotip chastotalari populyatsion-statistik usul asosida hisoblangan.

Jadval. Populyatsiyada genotip va allel chastotalarini aniqlash (namuna)

Genotip	Individlar soni	Chastota
AA	36	0,36
Aa	48	0,48
aa	16	0,16
Jami	100	1,00

Ushbu jadval asosida allel chastotalari quyidagicha aniqlanadi:

$$p(A) = 0,36 + 0,5 \times 0,48 = 0,60,$$

$$q(a) = 0,16 + 0,5 \times 0,48 = 0,40.$$

Natijalar Hardy–Vaynberg muvozanatiga yaqin bo'lib, populyatsiyada genetik barqarorlik mavjudligini ko'rsatadi.

Populyatsion-statistik usul yordamida genetik jarayonlarga ta'sir etuvchi asosiy omillar ham o'rganiladi. Mutatsiyalar genofondni yangi allellar bilan boyitadi va populyatsiyada genetik xilma-xillikni oshiradi. Migratsiya jarayoni turli populyatsiyalar o'rtasida genlar almashinuviga olib keladi va allel





chastotalarini o'zgartiradi. Genetik drift kichik populyatsiyalarda tasodifiy o'zgarishlar orqali genetik tuzilishga sezilarli ta'sir ko'rsatadi. Tabiiy tanlanish esa muhit sharoitlariga eng mos individlarning ko'payishini ta'minlaydi.

Tibbiy antropogenetikada populyatsion-statistik usul irsiy kasalliklarning tarqalish darajasini aniqlashda muhim ahamiyatga ega. Ushbu yondashuv yordamida retsessiv kasalliklar tashuvchilarining ehtimoli hisoblanadi va profilaktik chora-tadbirlar rejalashtiriladi. Shuningdek, sud-tibbiy ekspertizada populyatsion-statistik ma'lumotlar shaxsni identifikatsiya qilishda qo'llaniladi. Demografik va tarixiy tadqiqotlarda esa bu usul inson populyatsiyalarining kelib chiqishi va rivojlanish bosqichlarini tushuntirishga xizmat qiladi.

Xulosa. Ushbu maqolada antropogenetikaning populyatsion-statistik usullari tahlil qilinib, ularning inson populyatsiyalaridagi genetik xususiyatlarni o'rganishda qanday qo'llanilishi ko'rsatildi. Tadqiqot natijalari shuni isbotladiki, populyatsion-statistik usullar insonlarning genetik strukturasi, allel chastotalari taqsimotini va populyatsiyalar orasidagi genetik farqlarni aniqlashda samarali vosita hisoblanadi.

Maqolada populyatsion statistika yordamida genetik o'zgarishlar va ularning demografik omillar bilan bog'liqligi aniqlangan. Shu bilan birga, ushbu usullar inson populyatsiyasidagi irsiy kasalliklar tarqalishi, adaptatsiya jarayonlari va evolyutsion tendensiyalarni baholashda muhim ahamiyatga ega ekanligi ko'rsatildi.

Populyatsion-statistik yondashuv antropogenetika tadqiqotlarida aniq va ishonchli natijalar berib, kelajakda genetik monitoring, tibbiy genetika va antropologik tadqiqotlarda yanada keng qo'llanish imkonini yaratadi. Shu bilan birga, ushbu usullarning samaradorligi ma'lumotlar sifati va statistik modellashtirish uslublariga bog'liq ekanligi ta'kidlandi.

Natijada, antropogenetikaning populyatsion-statistik usullari inson populyatsiyasini ilmiy asosda o'rganish, genetik xavflarni baholash va evolyutsion jarayonlarni tadqiq etishda muhim ilmiy vosita sifatida qaraladi. Ushbu yondashuvlarning amaliy qo'llanilishi bioetika va tibbiy genetik sohalarda ham katta ahamiyatga ega bo'lishi kutilmoqda.

Adabiyotlar

1. Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P., & Piazza, A. (1994). *The History and Geography of Human Genes*. Princeton University Press.
2. Hartl, D. L., & Clark, A. G. (2007). *Principles of Population Genetics* (4th ed.). Sinauer Associates.
3. Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
4. Allendorf, F. W., & Luikart, G. (2007). *Conservation and the Genetics of Populations*. Blackwell Publishing.
5. King, R. C., Stansfield, W. D., & Mulligan, P. K. (2006). *A Dictionary of Genetics* (7th ed.). Oxford University Press.
6. Jobling, M. A., Hurles, M. E., & Tyler-Smith, C. (2013). *Human Evolutionary Genetics* (2nd ed.). Garland Science.

