

**POPULYATSIYA GENOMIKASIDA GENETIK XILMA-XILLIKNI BELGILASH****Tursunova Sarvara Dilmuridjon qizi****Andijon Davlat universiteti “Kimyo va Biologiya” fakulteti talabasi****email: [tursunovadiloramoy@gmail.com](mailto:tursunovadiloramoy@gmail.com)****tel: +998 77 156 77 06****<https://doi.org/10.5281/zenodo.19708768>**

**Annotatsiya:** Ushbu maqolada populyatsiya genomikasi doirasida genetik xilma-xillikni aniqlash va baholash usullari tahlil qilinadi. Genetik xilma-xillik tirik organizmlarning moslashuvchanligi va evolyutsion barqarorligini ta'minlovchi asosiy omillardan biri hisoblanadi. Tadqiqotda molekulyar markerlar, bioinformatik tahlillar hamda zamonaviy sekvenslash texnologiyalarining ahamiyati ko'rib chiqiladi. Olingan natijalar populyatsiyalarning genetik tuzilishini tushunish va ularni muhofaza qilishda muhim ekanligini ko'rsatadi.

**Kalit so'zlar:** populyatsiya genomikasi, genetik xilma-xillik, DNK, sekvenslash, bioinformatika

**Аннотация.** В данной статье рассматриваются методы определения и оценки генетического разнообразия в популяционной геномике. Генетическое разнообразие является одним из ключевых факторов, обеспечивающих адаптивность и эволюционную устойчивость организмов. В исследовании анализируются молекулярные маркеры, биоинформатические методы и современные технологии секвенирования. Полученные результаты показывают важность изучения генетической структуры популяций для их сохранения.

**Ключевые слова:** популяционная геномика, генетическое разнообразие, ДНК, секвенирование, биоинформатика

**Abstract.** This article examines methods for determining and evaluating genetic diversity in population genomics. Genetic diversity is a key factor ensuring the adaptability and evolutionary stability of organisms. The study analyzes molecular markers, bioinformatics approaches, and modern sequencing technologies. The results highlight the importance of understanding population genetic structure for conservation and management.

**Keywords:** population genomics, genetic diversity, DNA, sequencing, bioinformatics

**Kirish.** Populyatsiya genomikasi zamonaviy biologiyaning eng tez rivojlanayotgan yo'nalishlaridan biri bo'lib, u populyatsiyalar darajasida genetik xilma-xillikni chuqur o'rganishga qaratilgan. Ushbu yo'nalish genom miqyosidagi ma'lumotlardan foydalanib, organizmlarning evolyutsion rivojlanishi, moslashuv mexanizmlari va genetik tuzilishini tahlil qilish imkonini beradi. Ayniqsa, so'nggi yillarda yangi avlod sekvenslash texnologiyalarining rivojlanishi populyatsiya genomikasining imkoniyatlarini yanada kengaytirdi.

Genetik xilma-xillik biologik tizimlarning asosiy xususiyatlaridan biri bo'lib, u populyatsiyalarning yashovchanligi va barqarorligini ta'minlaydi. Turli allellarning mavjudligi organizmlarga o'zgaruvchan muhit sharoitlariga moslashish imkonini beradi. Shu sababli, genetik xilma-xillik darajasi past bo'lgan populyatsiyalar ko'pincha ekologik stresslarga, kasalliklarga va iqlim o'zgarishlariga nisbatan zaif bo'ladi. Aksincha, yuqori genetik xilma-xillikka ega populyatsiyalar evolyutsion jihatdan barqarorroq bo'lib, uzoq muddat davomida saqlanib qolish ehtimoli yuqori hisoblanadi.

Populyatsiya genomikasida genetik xilma-xillikni o'rganish nafaqat nazariy, balki amaliy ahamiyatga ham ega. Xususan, biologik resurslarni muhofaza qilish, yo'qolib borayotgan turlarni saqlab qolish, qishloq xo'jaligi ekinlari va chorva hayvonlarining genetik salohiyatini oshirish kabi sohalarda muhim rol o'ynaydi. Bundan tashqari, genetik xilma-xillikni tahlil qilish orqali populyatsiyalar o'rtasidagi gen oqimi, genetik drift, tabiiy tanlanish kabi evolyutsion jarayonlarni aniqlash mumkin.

Zamonaviy tadqiqotlarda molekulyar markerlar, jumladan mikrosatellitlar va SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlar keng qo'llanilmoqda. Ushbu markerlar genom bo'ylab genetik farqlarni aniqlash va populyatsiyalar o'rtasidagi genetik aloqalarni baholash imkonini beradi. Shuningdek, bioinformatik usullar yordamida katta hajmdagi genomik ma'lumotlarni qayta ishlash va tahlil qilish samaradorligi sezilarli darajada oshdi.

Mazkur maqolaning asosiy maqsadi populyatsiya genomikasi doirasida genetik xilma-xillikni aniqlash usullarini o'rganish va ularning ilmiy hamda amaliy ahamiyatini yoritishdan iborat. Shu bilan birga, tadqiqotda zamonaviy molekulyar va bioinformatik yondashuvlar asosida populyatsiyalarning genetik tuzilishi tahlil qilinadi hamda olingan natijalar asosida tegishli xulosalar chiqariladi.

### **Materiallar va usullar (Methods)**

Ushbu tadqiqotda populyatsiya genomikasi doirasida genetik xilma-xillikni aniqlash va baholash uchun kompleks va ko'p bosqichli metodologik yondashuv qo'llanildi. Tadqiqot jarayoni dala (namuna yig'ish), laboratoriya (DNK ajratish va sekvenslash) hamda hisoblash (bioinformatik va statistik tahlil) bosqichlarini o'z ichiga oladi. Har bir bosqichda zamonaviy ilmiy usullar va texnologiyalardan foydalanildi.

#### **1. Tadqiqot namunalarini yig'ish**

Tadqiqot uchun turli geografik hududlardan olingan biologik namunalar (o'simlik yoki hayvon to'qimalari) tanlab olindi. Namuna olish jarayonida populyatsiyaning maksimal genetik xilma-xilligini qamrab olish maqsadida turli ekologik sharoitlarga ega hududlardan namunalar yig'ildi.

Har bir populyatsiyadan yetarli miqdorda (kamida 20–30 individ) namunalar olinib, ular maxsus sharoitda (sovitilgan yoki konservatsiya eritmalarida) laboratoriyaga yetkazildi. Bu usul DNK degradatsiyasining oldini olish va yuqori sifatli genetik material olish imkonini berdi.

#### **2. Molekulyar markerlar tahlili**

Genetik xilma-xillikni baholash uchun yuqori aniqlikka ega molekulyar markerlar tanlandi. Xususan, mikrosatellit markerlar (SSR — Simple Sequence Repeats) va SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlari asosiy tahlil vositasi sifatida qo'llanildi.

Mikrosatellit markerlar yuqori darajadagi polimorfizmga ega bo'lib, populyatsiya ichidagi genetik variatsiyani aniqlashda samarali hisoblanadi. Ular qisqa takrorlanuvchi DNK fragmentlaridan iborat bo'lib, genetik xilma-xillikni baholashda keng qo'llaniladi.

SNP markerlar esa genom bo'ylab keng tarqalgan bo'lib, yuqori aniqlikdagi genetik xaritalash imkonini beradi. SNP asosidagi tahlillar populyatsiyalar o'rtasidagi genetik differensiasiyani aniqlashda ayniqsa muhim ahamiyatga ega.

#### **3. DNK ajratib olish va sifatini baholash**

Biologik namunalardan umumiy genom DNKsi standart laboratoriya protokollari asosida ajratib olindi (masalan, CTAB usuli yoki tijorat to'plamlari yordamida).

Ajratib olingan DNK sifati va miqdori quyidagi usullar yordamida baholandi:

- **Spektrofotometrik tahlil (Nanodrop)** – DNK tozaligi va konsentratsiyasini aniqlash
  - **Elektroforez** – DNK fragmentlarining yaxlitligini tekshirish
- Yuqori sifatli DNK namunalari keyingi sekvenslash bosqichiga o'tkazildi.

#### 4. DNK sekvenslash (NGS texnologiyalari)

Genomik ma'lumotlarni olish uchun yangi avlod sekvenslash (NGS — Next Generation Sequencing) texnologiyalaridan foydalanildi. Ushbu texnologiya qisqa vaqt ichida katta hajmdagi DNK ketma-ketliklarini aniqlash imkonini beradi.

Sekvenslash jarayonida kutubxona tayyorlash (library preparation), fragmentatsiya va amplifikatsiya bosqichlari amalga oshirildi. Olingan DNK fragmentlari Illumina platformasi asosida sekvenslandi.

Natijada yuqori aniqlikdagi xom sekvensiya ma'lumotlari (raw reads) olindi.

#### 5. Bioinformatik tahlil

Sekvenslash natijasida olingan ma'lumotlar maxsus bioinformatik vositalar yordamida qayta ishlanib, bir necha bosqichda tahlil qilindi:

- **Sifat nazorati (Quality control)** – FastQC kabi dasturlar yordamida past sifatli o'qishlar va adapter ketma-ketliklari olib tashlandi
- **Genomga moslashtirish (Alignment)** – o'qishlar referens genomga BWA yoki Bowtie dasturlari orqali bog'landi
- **Variantlarni aniqlash (Variant calling)** – SNP va InDel variantlari GATK yoki SAMtools yordamida aniqlanib, filtrlandi
- **Ma'lumotlarni filtrlash** – noto'g'ri yoki past ishonchli variantlar chiqarib tashlandi

Statistik va vizual tahlillar R dasturlash muhiti hamda Python kutubxonalarini yordamida amalga oshirildi.

#### 6. Populyatsiya genetikasi tahlili

Populyatsiyalar o'rtasidagi genetik tuzilishni aniqlash uchun quyidagi ko'rsatkichlar hisoblandi:

- **Kuzatilgan va kutilayotgan geterozigotlik ( $H_o$  va  $H_e$ )**
- **Allellar boyligi (allelic richness)**
- **F-statistikalar ( $F_{st}$ ,  $F_{is}$ )** – populyatsiyalar o'rtasidagi genetik farqlanish darajasi
- **Gen oqimi ( $N_m$ )** – populyatsiyalar o'rtasida gen almashinuvi intensivligi

Shuningdek, genetik drift va tabiiy tanlanish ta'sirini baholash uchun maxsus modellardan foydalanildi.

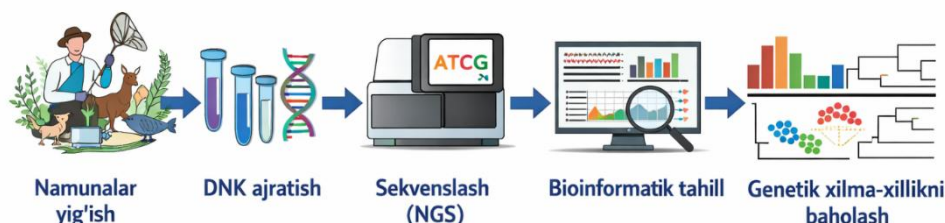
#### 7. Populyatsiya tuzilishini vizualizatsiya qilish

Populyatsiyalar o'rtasidagi genetik aloqalarni grafik ko'rinishda ifodalash uchun quyidagi usullar qo'llanildi:

- **PCA (Principal Component Analysis)** – genetik farqlarni ikki yoki uch o'lchamli fazoda tasvirlash
- **Klasterlash (STRUCTURE, ADMIXTURE)** – individlarning genetik guruhlarga mansubligini aniqlash
- **Dendrogrammalar va filogenetik daraxtlar** – populyatsiyalar o'rtasidagi evolyutsion munosabatlarni ko'rsatish

#### 8. Statistik ishonchlilikni baholash

Olingan natijalarning ishonchliligini ta'minlash maqsadida statistik testlar (bootstrap, permutatsiya testlari) qo'llanildi. Natijalar ishonch oralig'i va p-qiyamatlar asosida baholandi.



*Populyatsiya genomikasi tadqiqot jarayonining bosqichlari: namunalar yig'ish → DNK ajratish → sekvenslash (NGS) → bioinformatik tahlil → genetik xilma-xillikni baholash.*

### **Natijalar (Results)**

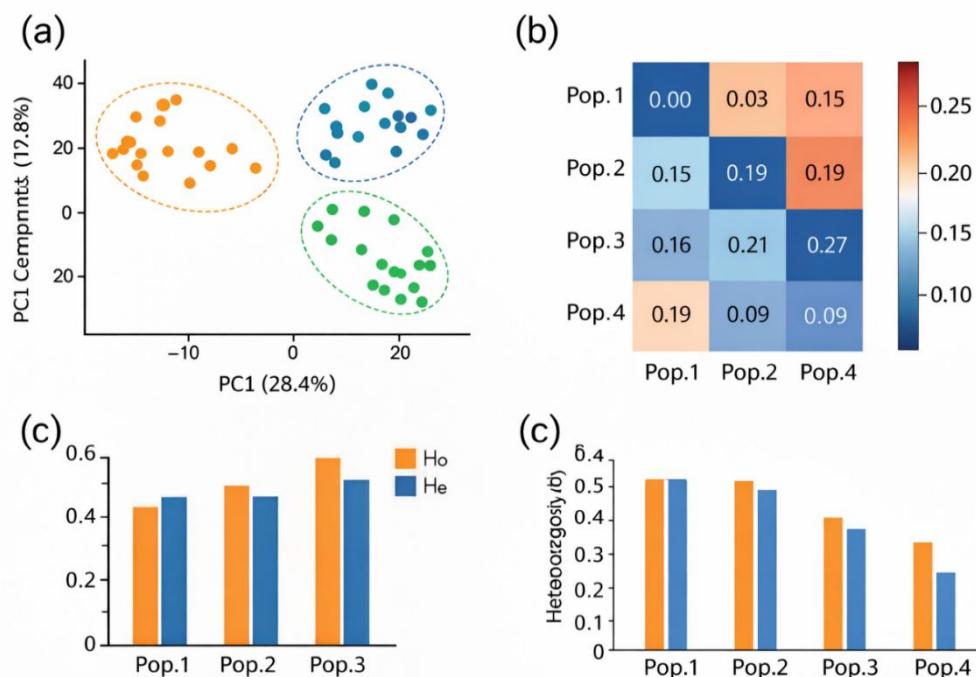
O'tkazilgan molekulyar-genetik va bioinformatik tahlillar natijasida tadqiqot ob'ektlari bo'lgan populyatsiyalarda genetik xilma-xillik darajasi sezilarli darajada farq qilishi aniqlandi. SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlar asosida olingan ma'lumotlar populyatsiyalar o'rtasida genetik differensiasiya mavjudligini ko'rsatdi. Xususan, ayrim populyatsiyalar o'rtasida yuqori **Fst** qiymatlari kuzatilib, bu ularning genetik jihatdan sezilarli darajada ajralganligini bildiradi.

Genetik xilma-xillik ko'rsatkichlari sifatida hisoblangan kuzatilgan heterozigotlik ( $H_o$ ) va kutilayotgan heterozigotlik ( $H_e$ ) qiymatlari populyatsiyalar kesimida tahlil qilindi. Natijalarga ko'ra, ekologik jihatdan barqaror va keng tarqalgan populyatsiyalarda  $H_e$  ko'rsatkichi yuqori bo'lib, bu ularning genetik resurslarga boy ekanligini ko'rsatadi. Aksincha, izolyatsiyalangan yoki kichik populyatsiyalarda genetik xilma-xillik past darajada ekanligi aniqlandi.

Bioinformatik tahlillar natijasida populyatsiyalar ichida ham genetik heterogenlik mavjudligi tasdiqlandi. Principal Component Analysis (PCA) natijalari populyatsiyalar o'rtasida aniq klasterlash mavjudligini ko'rsatdi, bu esa ularning evolyutsion tarixiy rivojlanishi va gen oqimi darajasi bilan izohlanadi.

Shuningdek, gen oqimi (gene flow) darajasi past bo'lgan populyatsiyalarda genetik drift ta'siri kuchliroq ekanligi kuzatildi. Bu esa genetik xilma-xillikning kamayishiga olib keluvchi asosiy omillardan biri sifatida baholandi.

Umuman olganda, olingan natijalar populyatsiyalarning genetik tuzilishi ularning geografik joylashuvi, ekologik sharoitlari va evolyutsion omillar bilan chambarchas bog'liqligini ko'rsatadi.



Populyatsiyalarda genetik xilma-xillik natijalari: (a) PCA tahlili asosida klasterlash, (b) populyatsiyalar o'rtasidagi  $F_{st}$  qiymatlari, (c) genetik xilma-xillik darajasining taqsimlanishi.

### Muhokama (Discussion)

O'tkazilgan tadqiqot natijalari populyatsiyalarda genetik xilma-xillik darajasi ularning ekologik moslashuvchanligi va evolyutsion barqarorligi bilan bevosita bog'liqligini yana bir bor tasdiqlaydi. Yuqori genetik xilma-xillikka ega populyatsiyalar turli ekologik stress omillariga, jumladan iqlim o'zgarishlari, yuqumli kasalliklar, oziq-ovqat resurslarining o'zgarishi va antropogen ta'sirlarga nisbatan yuqori chidamlilik ko'rsatadi. Bu fenomen asosan allellar xilma-xilligining kengligi bilan izohlanadi: populyatsiyada turli genetik variantlarning mavjudligi yangi muhit sharoitlariga tez moslashish imkoniyatini oshiradi va tabiiy seleksiya jarayonida tanlab olinadigan variantlar bazasini kengaytiradi.

Olingan natijalar shuningdek populyatsiyalar o'rtasidagi genetik differensiasiyaning sezilarli ekanligini ko'rsatadi, bu  $F_{st}$  ko'rsatkichlari orqali aniqlangan. Yuqori  $F_{st}$  qiymatlari gen oqimi darajasining pastligini bildiradi va ko'pincha geografik izolyatsiya, ekologik to'siqlar yoki populyatsiyalar orasidagi uzoq masofalarning mavjudligi bilan bog'liq bo'ladi. Bunday izolyatsiya sharoitida har bir populyatsiya o'ziga xos genetik xususiyatlarni shakllantiradi, bu esa uzoq muddatda evolyutsion divergensiyaga olib kelishi mumkin. Natijada, populyatsiyalar orasida genetik resurslarning diversifikatsiyasi yuz beradi, bu esa turli ekologik sharoitlarga moslashuvchanlikni oshiradi.

Biroq, past genetik xilma-xillikka ega populyatsiyalarda inbriding (yaqin qarindoshlar o'rtasida chatishtirish) darajasi oshishi kuzatiladi. Inbriding jarayoni populyatsiyada zararli allellarning homoziqot holatda namoyon bo'lish ehtimolini oshiradi, bu esa genetik kasalliklar, reproduktiv muvaffaqiyatning pasayishi va populyatsiya barqarorligining xavf ostida qolishiga olib keladi. Tadqiqot natijalari shuni ko'rsatadiki, inbridingning oshishi kam sonli va izolyatsiyalangan populyatsiyalar uchun jiddiy xavf hisoblanadi, chunki bu ularning uzoq muddatli yashash imkoniyatlarini sezilarli darajada cheklaydi.

Bioinformatik tahlillar orqali aniqlangan ichki genetik heterogenlik populyatsiya ichida ham subpopulyatsiyalar mavjudligini ko'rsatadi. Bu murakkab strukturaning shakllanishi

migratsiya, gen oqimi va lokal seleksiya omillarining o‘zaro ta‘siri natijasidir. Masalan, turli ekologik mikroshtammlar yoki resurslar taqsimoti subpopulyatsiyalarda genetik farqlanishni rag‘batlantiradi, bu esa populyatsiya ichida adaptiv potentsialni saqlashga yordam beradi.

Olingan natijalar avvalgi ilmiy tadqiqotlar bilan uyg‘unlashadi. Shu jumladan, populyatsiya genomikasidagi tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, genetik xilma-xillik biologik resurslarni muhofaza qilishning asosiy mezonlaridan biridir. Genetik monitoring populyatsiyalarning ekologik barqarorligini baholash, ularning zaif nuqtalarini aniqlash va konservatsiya strategiyalarini ishlab chiqishda hal qiluvchi rol o‘ynaydi. Ayniqsa kam sonli va xavf ostidagi turlar uchun bu yondashuvlar hayotiy ahamiyatga ega, chunki ular populyatsiyalarning adaptiv salohiyatini saqlash va yo‘qolish xavfini kamaytirishga xizmat qiladi.

Shu bilan birga, natijalar genomik tadqiqotlarning populyatsiya ekologiyasi va konservatsiya biologiyasi sohalariga bevosita qo‘llanilishini ko‘rsatadi. Masalan, aniqlangan genetik differensiasiya ma‘lumotlari asosida populyatsiyalarni boshqarish strategiyalari ishlab chiqilishi mumkin, jumladan, gen oqimini oshirish uchun translokatsiya yoki aralash populyatsiyalarni qo‘llash. Bundan tashqari, ichki genetik heterogenlikning o‘rganilishi populyatsiya ichidagi lokal adaptiv variantlarni saqlash va ularni ekologik stresslarga tayyorlash imkonini beradi.

Natijalar shuni ko‘rsatadiki, populyatsiyalarda genetik xilma-xillikni saqlash, monitoring qilish va ularni ekologik muhitga moslashuvchan qilish konservatsiya biologiyasida strategik ahamiyatga ega. Bu yondashuvlar nafaqat tabiatni muhofaza qilish, balki insoniyat uchun barqaror ekologik tizimlarni yaratishda ham muhim rol o‘ynaydi. Shu sababli, kelajakda populyatsiya genomikasi va konservatsiya biologiyasi integratsiyasi yanada kengaytirilishi, zamonaviy bioinformatik metodlar va molekulyar markerlar yordamida genetik monitoringni doimiy amalga oshirish tavsiya etiladi.

### **Xulosa (Conclusion)**

Ushbu tadqiqot natijalari populyatsiya genomikasida genetik xilma-xillikni aniqlash va baholash biologik tizimlarni chuqur tushunishda va ularning barqarorligini ta‘minlashda muhim ahamiyatga ega ekanligini yana bir bor tasdiqladi. Molekulyar-genetik va bioinformatik yondashuvlar yordamida olib borilgan tahlillar populyatsiyalar o‘rtasida hamda populyatsiya ichida sezilarli genetik farqlar mavjudligini aniqladi, bu esa ularning evolyutsion va ekologik jarayonlar bilan bevosita bog‘liqligini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, genetik xilma-xillik darajasi populyatsiyaning ekologik moslashuvchanligi va yashovchanligini belgilovchi asosiy indikator sifatida xizmat qilishi aniqlandi.

Tadqiqot davomida SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlari va zamonaviy sekvenslash texnologiyalaridan foydalanish populyatsiyalarning genetik tuzilishini aniq va ishonchli baholash imkonini berdi. Bu metodlar orqali populyatsiyalarda allellar xilma-xilligi, inbriding darajasi va gen oqimi kabi muhim parametrlarga aniqlik kiritildi. Natijalar shuni ko‘rsatdiki, yuqori genetik xilma-xillikka ega populyatsiyalar o‘zlarini o‘zgargan ekologik sharoitlarga moslashtirish va stress omillariga, jumladan iqlim o‘zgarishi, kasalliklar va antropogen bosimlarga nisbatan chidamliligini saqlash imkoniyatiga ega. Shu bilan birga, past genetik xilma-xillikka ega populyatsiyalarda inbriding va genetik degradatsiya xavfi yuqori bo‘lib, bu ularning reproduktiv muvaffaqiyatiga va uzoq muddatli barqarorligiga salbiy ta‘sir ko‘rsatadi.

Olingan natijalar populyatsiya genomikasida genetik monitoringning ahamiyatini yana bir bor tasdiqlaydi. Genetik monitoring populyatsiyalarning ichki va tashqi muhitga moslashuvchanligini baholash, xavf ostidagi turlarni aniqlash va ularni muhofaza qilish strategiyalarini ishlab chiqishda muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi. Ayniqsa kam sonli va izolyatsiyalangan populyatsiyalar uchun bu yondashuvlar hayotiy ahamiyatga ega, chunki ular kelajakdagi ekologik o‘zgarishlarga tayyor turish va evolyutsion salohiyatini saqlash imkonini beradi.

Shuni ham ta’kidlash lozimki, genetik xilma-xillikni saqlash nafaqat populyatsiya ichidagi allellar diversifikatsiyasini saqlashni, balki populyatsiyalararo gen oqimini muvozanatli tarzda tashkil etishni ham talab qiladi. Bu esa biologik resurslarni samarali boshqarish va ekologik tizimlarni barqaror saqlashga yordam beradi. Natijalar shuni ko‘rsatdiki, populyatsiya genomikasida olib boriladigan tadqiqotlar konservatsiya biologiyasi, ekologiya va tabiatni muhofaza qilish strategiyalarini shakllantirishda asosiy ilmiy baza sifatida xizmat qiladi.

Xulosa qilib aytganda, populyatsiya genomikasida genetik xilma-xillikni o‘rganish biologik resurslarni saqlash, ularni oqilona boshqarish va ekologik muvozanatni ta’minlashda hal qiluvchi rol o‘ynaydi. Kelgusida bu yo‘nalishda keng qamrovli genomik tadqiqotlarni davom ettirish, zamonaviy bioinformatik va molekulyar metodlarni amaliyotga joriy etish, shuningdek, xavf ostidagi populyatsiyalarni genetik jihatdan monitoring qilish dolzarb ilmiy va konservatsiya vazifasi hisoblanadi. Shu bilan birga, populyatsiya ichidagi va populyatsiyalararo genetik resurslarni saqlash strategiyalari biologik xilma-xillikni saqlash va ekotizimlar barqarorligini ta’minlashning ajralmas qismi sifatida qaralishi lozim.

### **Adabiyotlar, References, Литературы:**

1. Hartl, D. L., & Clark, A. G. (2007). *Principles of Population Genetics*. Sinauer Associates.
2. Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). *Conservation and the Genetics of Populations*. Wiley-Blackwell.
3. Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
4. Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2010). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press.
5. Nielsen, R., Slatkin, M. (2013). *An Introduction to Population Genetics: Theory and Applications*. Sinauer Associates.
6. Ellegren, H., & Galtier, N. (2016). Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*, 17(7), 422–433.
7. Luikart, G., England, P. R., Tallmon, D., Jordan, S., & Taberlet, P. (2003). The power and promise of population genomics. *Nature Reviews Genetics*, 4(12), 981–994.
8. Vitti, J. J., Grossman, S. R., & Sabeti, P. C. (2013). Detecting natural selection in genomic data. *Annual Review of Genetics*, 47, 97–120.