

**“CONFERENCE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES IN SCIENTIFIC
INNOVATIVE RESEARCH”**

Volume 11. November 2024

Odam genetikasini o'rganishda qo'llaniladigan metodlar

Andijon davlat Pedagogika instituti Biologiya yo'nalishi talabasi

Marufjonova Maftuna

Andijon davlat Pedagogika instituti Biologiya fan o'qituvchisi

Yo'ldashev Abduvali

Kalit so'zlar: Geneologik metod, egizaklar metodi, sitogenetik metod, biokimyoviy metod, populyatsion va molekulyar-genetik metodlar, monozygota va dizigota.

Odam genetikasini o'rganishda qo'llaniladigan metodlar genetik axborotni aniqlash, nasldan-naslga o'tishini va turli xastaliklarning sabablari, ularning rivojlanish mexanizmlarini o'rganishda muhim ahamiyatga ega.Odam genetikasini o'rganishda qo'llaniladigan asosiy metodlar quyidagilardan iborat:

Genealogik metodi(naslshunoslik metodi):Mohiyati: Nasl-shajarani o'rganish orqali irsiy kasalliklar yoki belgilar qanday meros bo'lib qolishini aniqlash. Qo'llanishi: Bu metod bir oiladagi irsiy kasalliklarning avloddan-avlodga o'tishini kuzatish uchun Afzalligi:Oddiy va tarixiy ma'lumotlar asosida ishlanadi.Kamchiligi: Kamida bir necha avlod ma'lumotlari kerak.

Egizaklar metodikasi:Mohiyati: Monozygot (bir tuxumdan) va dizigot (ikki tuxumdan) egizaklarning belgilarida farqlarni solishtirish orqali irsiyat va muhitning rolini o'rganish.Qo'llanishi: Aqliy qobiliyat, temperament, yoki kasalliklarga moyillik kabi belgilarni o'rganishda ishlatiladi.Afzalligi: Irsiyat va muhitning ta'sirini ajratishga yordam beradi.

Sitogenetik metodi:Mohiyati: Xromosomalarni mikroskop ostida o'rganish orqali genetik o'zgarishlar va kasalliklarni aniqlash.Qo'llanishi: Down sindromi, Klinefelter sindromi kabi kasalliklarni tashxislashda qo'llaniladi.Afzalligi: Xromosoma darajasidagi anomaliyalarni aniqlaydi.

Biokimyoviy metodi:Mohiyati: Fermentlar, oqsillar va boshqa moddalarni o'rganish orqali genetik kasalliklarni aniqlash.Qo'llanishi: Fenilketonuriya, galaktozemiya kabi metabolik kasalliklarni tashxislashda ishlatiladi.Afzalligi: Molekulyar darajada aniq ma'lumot beradi.

“CONFERENCE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES IN SCIENTIFIC INNOVATIVE RESEARCH”

Volume 11. November 2024

Populyatsion-genetik metodi: Mohiyati: Populyatsiyalarda genlar chastotasi va ularning taqsimlanishini o'rganish. Qo'llanishi: Genetik kasalliklarning populyatsiyadagi tarqalishini o'rganish va prognozlashda ishlatiladi. Afzalligi: Katta miqyosdagi ma'lumotlar bilan ishlash imkoniyatini beradi.

Molekulyar-genetik metodi: Mohiyati: DНK darajasidagi o'zgarishlarni aniqlash orqali genetik kasalliklar va belgilarni o'rganish. Qo'llanishi: Genomni sekvenirlash, gen mutatsiyalarini aniqlash va individual genlarni o'rganishda qo'llaniladi. Afzalligi: Eng aniq va zamonaviy metod hisoblanadi.

Hibridologik metodi: Mohiyati: Turli genetik o'zgarishlarga ega organizmlarni chatishtirish orqali irsiyat qonuniyatlarini o'rganish. Qo'llanishi: Asosan hayvonlar yoki hujayra darajasidagi tadqiqotlarda ishlatiladi. Afzalligi: Yangi genetik kombinasiyalarni yaratish va ularni o'rganish imkonini beradi.

Bu metodlar odam genetikasini o'rganishda turli darajadagi va turli maqsadlar uchun qo'llaniladi. Zamonaviy tibbiyotda asosan molekulyar-genetik va biokimyoviy usullar keng qo'llanmoqda.

Yuqoridagi ma'lumotlardan kelib chiqib shuni aytish mumkinki ushbu metodlar zamonaviy tibbiyot va genetik tadqiqotlarda keng qo'llanilib, kasalliklarni erta tashxislash, genetik kasalliklarning profilaktikasi va davolash usullarini ishlab chiqishda katta rol o'ynaydi.

Foydalanilgan asabiyotlar:

1. Abdullayev H., Karimov F., & Ahmedov S. (2015). Genetika asoslari. Toshkent.
2. Musayev S. (2020). Tibbiyot genetikasi. Toshkent: O'zMU nashriyoti.
3. Kunkel, T.A., & Bebenek, K. (2000). DNA replication fidelity and its implications for human disease. *Nature Reviews Genetics*, 1(1), 67-72.
4. Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A.R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74(12), 5463-5467.
5. Mardis, E.R. (2008). Next-generation DNA sequencing methods. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 387-402.