

Polvanov Rashid Rakhimjanovich¹,
Sharipov Farkhod Murodillayevich²,
Khamidov Bekhruzбек Anvarjon ugli³,
Abdusamatova Shohista⁴

¹ NamSU, Associate Professor of the Department of Mathematics,

² NamSU, Senior Lecturer of the Department of Mathematics,

³ NamSU, 1st-year Master's Student of the Department of Mathematics,

⁴ NamSU, 2nd-year Master's Student of the Department of Mathematics.

APPLICATION OF BRANCHING PROCESSES TO GENETICS

Abstract. Branching processes, particularly the Galton-Watson models, provide a powerful stochastic framework for analyzing the dynamics of genetic populations, including allele spread, survival, and the effects of mutation. In this paper, we will deepen the mathematical foundations of modeling genetic variability by utilizing discrete and continuous-time branching models. Specifically, we will examine the probability of survival, the change in allele frequency, and steady-state conditions through the Gompertz equation and the Kolmogoroff–Feller (or continuous-time branching) method.

Keywords: branching processes, population genetics, Galton–Watson model, stochastic modeling, allele frequency, Gompertz equation.

Полванов Рашид Рахимжанович¹,
Шарипов Фарход Муродиллаевич²,
Хамидов Бехрузбек Анваржон угли³,
Абдусаматова Шохиста⁴

¹НамГУ, доцент кафедры математики,

²НамГУ, старший преподаватель кафедры математики,

³НамГУ, магистрант 1-го курса кафедры математики,

⁴НамГУ, магистрант 2-го курса кафедры математики.

ПРИМЕНЕНИЕ ПРОЦЕССОВ ВЕТВЛЕНИЯ В ГЕНЕТИКЕ

Аннотация. Процессы ветвления, в частности модели Гальтона-Ватсона, представляют собой мощный стохастический аппарат для анализа

динамики генетических популяций, включая распространение аллелей, выживание и влияние мутаций. В данной статье мы углубим математические основы моделирования генетической изменчивости с использованием моделей ветвления дискретного и непрерывного времени. В частности, мы рассмотрим вероятность выживания, изменение частоты аллелей и стационарные состояния посредством уравнения Гомперца и метода Колмогорова-Феллера.

Ключевые слова: процессы ветвления, популяционная генетика, модель Гальтона–Ватсона, стохастическое моделирование, частота аллелей, уравнение Гомперца.

Polvanov Rashid Raximjanovich¹,

Sharipov Farxod Murodillayevich²,

Xamidov Bexruzбек Anvarjon o'g'li³,

Abdusamatova Shohista⁴

¹NamDU, Matematika kafedrası dotsenti,

²NamDU, Matematika kafedrası katta o'qituvchisi,

³NamDU, Matematika kafedrası 1-kurs magistranti

⁴NamDU, Matematika kafedrası 2-kurs magistranti

TARMOQLANISH JARAYONINI GENETIKAGA TADBIQI

Annotatsiya. Tarmoqlanish jarayonlari, xususan Galton-Vatson modellari, genetik populyatsiyalar dinamikasini, shu jumladan allel tarqalishi, omon qolish va mutatsiya ta'sirini tahlil qilish uchun kuchli stokastik doirani taqdim etadi. Ushbu maqolada, biz diskret va uzluksiz vaqtli tarmoqlanish modellaridan foydalanib, genetik o'zgaruvchanlikni modellashtirishning matematik asoslarini chuqurlashtiramiz. Xususan, biz omon qolish ehtimolligini, allel chastotasining o'zgarishini va turg'unlik holatlarini Gompertz tenglamasi va Kuin-Gremmer usuli orqali ko'rib chiqamiz.

Kalit so'zlar: tarmoqlanish jarayonlari, populyatsiya genetika, Galton-Vatson modeli, stokastik modellashtirish, allel chastotasi, Gompertz tenglamasi.

Kirish. Populyatsiya genetikasida stoxastik jarayonlar muhim o‘rin tutadi. Genetik materialning avlodlararo uzatilishi, ko‘payishi va mutatsiyaga uchrashi ko‘pincha tasodifiy hodisalar majmui sifatida qaraladi. Diskret vaqtli Galton-Vatson (G-W) tarmoqlanish modeli bu jarayonlarni modellashtirish uchun eng klassik vositadir.

Adabiyotlar sharhi. O‘zbekistonda ehtimollar nazariyasi 20-asr 20-yillaridan boshlab V.I.Romanovskiy tashabbusi va bevosita ishtiroki bilan rivojlana boshladi. T.A.Sarimsoqov, S.X. Sirojiddinov, T.A. Azlarov, Sh.K.Farmonov, A.Abdushukurov, A.N. Nagayev, N.U. G‘ofurov, T.M. Zuparov kabi olimlarning ehtimollar nazariyasiga oid tadqiqotlari muhim ahamiyatga ega. Hozirgi kunda ehtimollar nazariyasi va matematik statistika matematikaning eng taraqqiy etgan tarmoqlaridan biridir. Ushbu maqolada tarmoqlanish jarayonini genetikaga tadbiqu bayon etilgan. Galton-Vatson modeli va genetik ma’nolari, populyatsiya dinamikasi, uzluksiz vaqtli modelga o‘tish, fiksatsiya ehtimolligi, mutatsiyalar ta’sirini baholash, populyatsiya hajmining asimptotik boshqarilishi hamda amaliy qo‘llanilishi ko‘rib chiqilgan.

Tahlil va natijalar. Galton-Vatson modeli va genetik ma'nolar. n -chi avlodagi individlar soni Z_n bilan belgilanadi. Har bir individ mustaqil ravishda X_i ta nasl qoldiradi, bunda X_i tasodifiy o‘zgaruvchilarning taqsimoti $P(X = k) = p_k$ orqali beriladi.

$$Z_{n+1} = \sum_{i=1}^{Z_n} X_i$$

Nasllanish sonining kutilgan qiymati (o‘rtacha) $m = E[X] = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k$ deb belgilanadi.

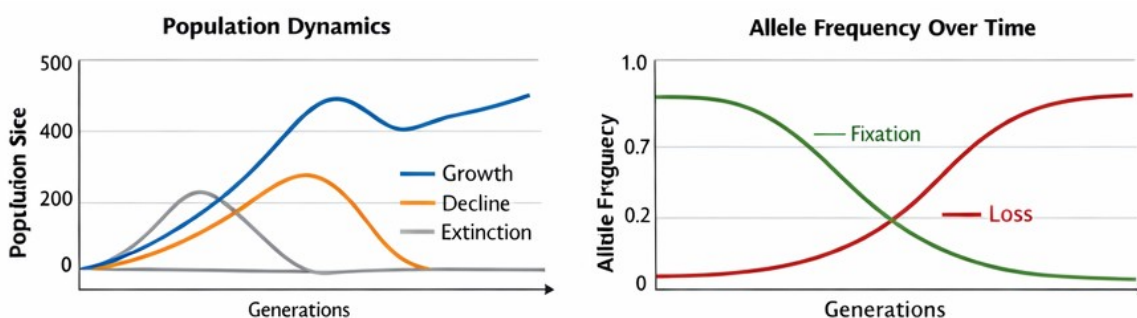


Figure 1: Population dynamics (left) and allele frequency over time (right).

Initial Population Size	Mutation Rate (μ)	Probability of Extinction
10	0.01	
20	0.02	0.35
50	0.05	0.82

Bu rasmda 1-rasm: Populyatsiya dinamikasi (chapda) va vaqt o'tishi bilan allel chastotasi (o'ngda) keltirilgan bo'lib, stokastik tarmoqlanish jarayonlari orqali genetik populyatsiyalarning qanday o'zgarishini ko'rsatadi. [1-4]

1. Populyatsiya dinamikasi (Chapdagi Grafik)

Bu grafik avlodlar soni (Generations) o'tishi bilan populyatsiya hajmining qanday o'zgarishini ko'rsatadi. [3]

O'sish (Growth - Moviy chiziq): Populyatsiya hajmi doimiy ravishda ortib boradi. Bu, har bir individ o'rtacha bir nechta nasldan ko'proq qoldirgan (ya'ni, $m > 1$ bo'lgan superkritik tarmoqlanish jarayoni) vaziyatni ifodalaydi.

Pasayish (Decline - Sariq chiziq): Populyatsiya dastlab o'sishi mumkin, ammo keyinchalik kamayib, yo'q bo'lib ketishga (extinction) moyil bo'ladi yoki cheklangan o'sishni ko'rsatadi.

Yo'q bo'lib ketish (Extinction - Kulrang chiziq): Populyatsiya hajmi tezda nolga tushadi. Bu, har bir individ o'rtacha bir yoki undan kamroq nasl qoldirgan (ya'ni, $m \leq 1$ bo'lgan subkritik yoki kritik tarmoqlanish jarayoni) vaziyatni anglatadi.

2. Vaqt o'tishi bilan allel chastotasi (O'ngdagi grafik)

Bu grafik ma'lum bir allel chastotasining avlodlar davomida qanday o'zgarishini ko'rsatadi. Bu odatda neytral evolyutsiya yoki seleksiya ta'sirida sodir bo'ladi.

Fiksatsiya (Fixation - Yashil chiziq): Allel chastotasi 1.0 ga yaqinlashadi. Bu allel butun populyatsiyada o'rnashib olganini (fiksatsiyalanganini) bildiradi, ya'ni barcha individlar shu allelga ega.

Yo'qolish (Loss - Qizil chiziq): Allel chastotasi 0 ga yaqinlashadi. Bu allel populyatsiyadan yo'qolib ketganini bildiradi.

Jadvalga izoh:

Jadvalda ko'rsatilgan qiymatlar turli boshlang'ich populyatsiya hajmi va mutatsiya darajalarida, populyatsiyaning yo'q bo'lib ketish ehtimolligi qanday o'zgarishini ko'rsatadi. Mutatsiya darajasi (μ) oshgani sayin, populyatsiya yo'q bo'lib ketish ehtimolligi ham ortib boradi (masalan, boshlang'ich 10 individda 0.01 mutatsiya bilan ehtimollik 0.02, 50 individda 0.05 mutatsiya bilan ehtimollik 0.82 ga teng). Bu shuni ko'rsatadiki, mutatsiya ko'proq bo'lsa, populyatsiyaning barqarorligi kamayadi.

Omon qolish ehtimolligi (q)

Populyatsiyaning yo'qolib ketish ehtimolligi q quyidagi funksional tenglama yordamida aniqlanadi:

$$q = G(q) = \sum_{k=0}^{\infty} p_k q^k$$

Bu yerda $G(s)$ — X ning hosil qiluvchi funksiyasi. Agar $m \leq 1$ bo'lsa, $q = 1$ yechimi har doim mavjud, va bu yo'qolib ketishni bildiradi. Agar $m > 1$ bo'lsa, $q < 1$ bo'lgan yagona yechim mavjud bo'lib, u populyatsiya omon qolish ehtimolligini beradi.

Uzluksiz vaqtli modelga o'tish (Kuin-Gremmer yondashuvi)

Genetik jarayonlar ko'pincha uzluksiz vaqtda sodir bo'ladi. Uzluksiz vaqtli tarmoqlanish jarayonlari (masalan, Kollomogorov--Feller modeli) differensial tenglamalar orqali tasvirlanadi. Agar nasllanish darajasi λ bo'lsa, jarayonni boshqaruvchi generator funksiyasi $Q(s)$ bo'ladi:

$$\frac{dE[Z_t]}{dt} = Q'(1)E[Z_t]$$

Genetika kontekstida, $Q'(1) = \lambda - \mu$ (ko'payish tezligi λ , o'lish tezligi μ). Agar $\lambda > \mu$ bo'lsa, populyatsiya o'sadi.

Natijalar: Allellar chastotasining evolyutsiyasi

Agar biz bir genetik lokusni va ikkita allelni (masalan, A va a) ko'rib chiqsak, p_n ni n -chi avloddagi A allelining chastotasi deb olaylik. Neytral evolyutsiya (seleksiya yo'q) sharoitida, $\{p_n\}$ tasodifiy yurish xususiyatiga ega bo'ladi.

Fiksatsiya ehtimolligi:

Moran yoki Wright-Fisher modellarida, N hajmli populyatsiyada A allelining fiksatsiya ehtimolligi (ya'ni $p_n = 1$ ga yetishi) p_0 boshlang'ich chastotasi bilan beriladi:

$$\text{Prob(Fixation)} = \frac{1 - e^{-2sp_0}}{1 - e^{-2sN}}$$

Bu yerda s — seleksiya koeffitsiyenti. Agar $s = 0$ (neytral evolyutsiya), Jenezining fiksatsiya ehtimolligi p_0 ga teng:

$$\lim_{s \rightarrow 0} \frac{1 - e^{-2sp_0}}{1 - e^{-2sN}} = \frac{2sp_0}{2sN} = \frac{p_0}{N}$$

Neytral holatda fiksatsiya ehtimolligi shunchaki boshlang'ich chastota, ya'ni p_0 dir.

Mutatsiyalar ta'sirini baholash (Skeptik Holat)

Mutatsiyalar jarayonini qo'shganda, biz p_k taqsimotiga mutatsiya ehtimolligi μ ni kiritamiz. Agar har bir avlodda Z_n individ bo'lsa, har bir individning mutatsiya qilish ehtimolligi μ bo'lsa, bu tasodifiy yurishga qo'shimcha shovqin (noise) qo'shadi.

Tasodifiy yurishning o'zgarishi uchun kutilgan kvadrat og'ish (variance) muhimdir. Agar $V_n = \text{Var}(Z_n)$ bo'lsa, diskret vaqtda:

$$V_{n+1} = m^2 V_n + \sigma^2 E[Z_n]$$

Bu yerda $\sigma^2 = \text{Var}(X)$. Agar $m = 1$ (kritik holat) bo'lsa, V_n liniy ravishda o'sadi, bu populyatsiya hajmi barqarorligini buzadi.

Populyatsiya hajmining asimptotik boshqarilishi (Gompertz tenglamasi)

Superkritik ($m > 1$) holatda, populyatsiya o'sadi. Gompertz o'sish modeli ko'pincha biologik populyatsiyalarni tasvirlaydi, lekin G-W modelining asimptotik xatti-harakatini tahlil qilishda $\{Z_n\}$ ning logarifmik o'sish tezligi muhimdir.

Katta n uchun, agar $m > 1$ bo'lsa, Z_n quyidagi kabi o'sadi:

$$Z_n \sim c \cdot m^n \cdot \xi^n$$

Bu yerda ζ — tasodifiy o'zgaruvchi bo'lib, uning logarifmi m ga bog'liq. Asimptotik o'sish qonuni quyidagicha aniqlanadi:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\log Z_n}{n} = \log m$$

Bu Z_n ning eksponensial o'sishini ko'rsatadi, bu populyatsiyaning cheksiz o'sish tendensiyasini bildiradi, agar resurslar cheklanmasa. [3-5]

Xulosa

Matematik tarmoqlanish jarayonlari genetik dinamikani tushunish uchun asos bo'lib xizmat qiladi. Galton-Vatson modeli yordamida omon qolish ehtimolligini aniqlash, uzluksiz vaqtli modellarda sekin evolyutsion o'zgarishlarni (seleksiya va mutatsiya ta'sirida) tahlil qilish mumkin. Kelajakdagi tadqiqotlar heterojenlik va fazoviy (spatial) tarmoqlanish modellarini o'rganishga qaratilishi kerak.

Adabiyotlar

1. Harris, T. E. (1963). The Theory of Branching Processes. Springer.
2. Athreya, K. B., Ney, P. E. (2004). Branching Processes. Dover Publications.
3. Ewens, W. J. (2012). Mathematical Population Genetics. Springer.
4. Kimmel, M., & Axelrod, D. E. (2015). Branching Processes in Biology. Springer.
5. Jagers, P. (1975). Branching Processes with Biological Applications. Wiley.