



## QORAMOLLARDA GENOTIP VA FENOTIP O'RTASIDAGI MUNOSABATLARNI SNP MARKERLARI ASOSIDA BAHOLASH

*Hamidova Ruxsora Normo'min qizi*

*Samarqand davlat veterinariya meditsinasi*

*chorvachilik va biotexnologiyalar universiteti tayanch doktoranti*

*Ilmiy rahbar: Xujamov Jurabek Nayimovich*

**Annotatsiya.** *Qoramollarda genetik salohiyatni aniqlash va xo'jalik uchun muhim belgilarni ishonchli baholashda genotip hamda fenotip o'rtasidagi munosabatlarni o'rganish muhim ilmiy ahamiyatga ega. Mazkur maqolada bir nukleotidli polimorfizmlar (SNP) asosida genetik variantlarning sut mahsuldorligi, tirik vazn, o'sish sur'ati, reproduktiv xususiyatlar va sog'liq ko'rsatkichlari bilan bog'liqligini baholash usullari tahlil qilinadi. Genom bo'ylab assotsiatsion tadqiqotlar (GWAS), allel chastotasi, genetik ta'sirni statistik modellashtirish va genomik naslchilik qiymatini prognozlashning ilmiy asoslari yoritiladi. Shuningdek, qoramollarda genetik bog'liqliklarni aniqlashda populyatsion tuzilma, qarindoshlik, tashqi muhit va fenotipik ma'lumotlarning sifati bilan bog'liq masalalar ko'rib chiqiladi. Ilmiy manbalar tahlili SNP markerlaridan samarali foydalanish genetik baholash aniqligini oshirishga yordam berishini, biroq aniqlangan statistik bog'liqlik har doim ham bevosita sababiy ta'sirni anglatmasligini ko'rsatadi.*

**Kalit so'zlar:** *qoramol, genotip, fenotip, SNP markerlari, genetik assotsiatsiya, GWAS, allel chastotasi, genomik seleksiya, naslchilik qiymati, statistik modellashtirish.*

Chorvachilikda hayvonlarning mahsuldorligini oshirish uchun ularning irsiy xususiyatlarini aniqlash va tashqi muhit ta'siridan farqlash muhim vazifalardan biri hisoblanadi. Bir xil zotga mansub qoramollar bir xil xo'jalikda boqilgan taqdirda ham sut miqdori, sut tarkibi, tirik vazn, o'sish tezligi va reproduktiv ko'rsatkichlari



bo'yicha farq qilishi mumkin. Bunday farqlar hayvonlarning genetik xususiyatlari, oziqlanish darajasi, yoshi, sog'lig'i va saqlash sharoitlari bilan bog'liq.

Genotip hayvonning ma'lum genetik lokuslarda yoki butun genom bo'ylab mavjud bo'lgan irsiy variantlarini ifodalaydi. Fenotip esa ushbu genetik imkoniyatlar va muhit omillarining o'zaro ta'siri natijasida shakllanadigan kuzatiladigan yoki o'lchanadigan xususiyatlar majmuasidir. Masalan, sigirning sut berish miqdori fenotipik ko'rsatkich bo'lsa, uning genomidagi muayyan SNP lokusida uchraydigan allellar genotipni tavsiflaydi.

Genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatni aniqlash zamonaviy chorvachilikda faqat ilmiy qiziqish bilan cheklanmaydi. Ushbu munosabatlar nasldor hayvonlarni tanlash, mahsuldorlikni oldindan baholash, irsiy kasalliklar xavfini aniqlash va seleksiya dasturlarini takomillashtirish uchun amaliy asos yaratadi. Shu bilan birga, qoramollarning iqtisodiy muhim belgilari odatda ko'plab genetik variantlar va muhit omillari ta'sirida shakllanadi. Shu sababli alohida gen yoki markerning ta'sirini baholash bilan cheklanmasdan, keng qamrovli genetik va statistik tahlil o'tkazish talab etiladi.

Mazkur maqolaning maqsadi qoramollarda SNP markerlari asosida genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni baholash usullarini ilmiy jihatdan yoritish, ushbu munosabatlarga ta'sir qiluvchi omillarni tahlil qilish va genomik seleksiyadagi ahamiyatini asoslashdan iborat.

Genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatni to'g'ri tushunish uchun belgilarning irsiylanish xususiyatlarini hisobga olish kerak. Ayrim belgilar bitta genning o'zgarishi bilan kuchli bog'liq bo'lishi mumkin. Biroq sut mahsuldorligi, o'sish sur'ati, yemdan foydalanish samaradorligi va reproduktiv ko'rsatkichlar kabi murakkab belgilar ko'plab genetik lokuslar ta'sirida shakllanadi.

Bunday belgilar poligen belgilar deb ataladi. Ularning fenotipik qiymati ko'plab genetik variantlarning umumiy ta'siri, hayvonning rivojlanish tarixi va tashqi muhit sharoitlari bilan belgilanadi. Shu sababli bir xil SNP genotipiga ega ikki hayvonda ham turli fenotipik natijalar kuzatilishi mumkin.



Fenotipik farqlarni tahlil qilishda genetik va muhit komponentlarini ajratish muhimdir. Masalan, sut mahsuldorligi past bo'lgan sigirning natijasi faqat uning genetik salohiyati bilan bog'liq bo'lmasligi mumkin. Ratsionning yetarli emasligi, kasallik, laktatsiya davri yoki saqlash sharoitining yomonligi ham sut miqdorini kamaytirishi mumkin. Shuning uchun genotip bilan fenotip o'rtasidagi bog'liqlikni aniqlashda ushbu omillarni statistik model orqali nazorat qilish zarur.

Genetik tahlilda kuzatilgan bog'liqlikni sababiy munosabat bilan tenglashtirmaslik ham muhim. SNP ma'lum bir belgi bilan statistik jihatdan bog'langan bo'lishi mumkin, ammo uning o'zi ushbu belgini bevosita shakllantirmasligi ehtimoli mavjud. Marker boshqa funksional variant bilan birga irsiylanishi yoki populyatsiyaning kelib chiqishi bilan bog'liq farqlarni aks ettirishi mumkin.

SNP markerlarining genetik tadqiqotlardagi o'rni

SNP — DNK ketma-ketligining muayyan nuqtasida bitta nukleotidning boshqa nukleotid bilan almashishi natijasida yuzaga keladigan polimorfizmdir. Bunday markerlar qoramollarning genomida keng tarqalgan bo'lib, zamonaviy genotiplash platformalari yordamida ularning minglab turlarini bir vaqtda aniqlash mumkin.

SNP markerlarining asosiy afzalligi genetik farqlarni standartlashtirilgan shaklda qayd etish va ularni o'lchanadigan fenotipik belgilar bilan taqqoslash imkoniyatidir. Masalan, qoramollarning genotiplari aniqlanib, ularning sut miqdori, sut tarkibi yoki tirik vazni bo'yicha ma'lumotlar to'plansa, ma'lum allellar bilan ushbu belgilar o'rtasidagi statistik munosabatlarni tekshirish mumkin.

SNP markerlari bir necha yo'nalishda qo'llaniladi. Birinchidan, ular alohida genetik variantlarning ma'lum belgi bilan bog'liqligini tekshirishga xizmat qiladi. Ikkinchidan, genom bo'ylab assotsiatsion tadqiqotlar orqali belgilarga aloqador genetik hududlarni aniqlash imkonini beradi. Uchinchidan, ko'plab markerlarning ta'sirini birlashtirish orqali hayvonlarning genomik naslchilik qiymatini hisoblashda foydalaniladi.



Biroq genotiplashda aniqlangan har bir SNP biologik jihatdan muhim bo'laermaydi. Ayrim markerlar funksional ahamiyatga ega bo'lmagan hududlarda joylashishi mumkin. Ularning seleksiya uchun qiymati esa tegishli belgi bilan bog'liqligi, ta'sirining takroran tasdiqlanishi va prognozlash modeliga qo'shadigan hissasi orqali baholanadi.

Genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni baholash usullari

Qoramollarda genetik variantlarning fenotipik belgilarga ta'sirini aniqlashda bir nechta statistik va molekulyar-genetik usullardan foydalaniladi.

Birinchi usul — allel va genotip chastotalarini hisoblash. Ushbu tahlil populyatsiyada ma'lum allellarning qanchalik keng tarqalganini ko'rsatadi. Masalan, ikki allelli SNP lokusida AA, AB va BB genotiplari uchrashi mumkin. Ularning chastotalari populyatsiyaning genetik tuzilishini tavsiflash, kam uchraydigan variantlarni aniqlash va keyingi statistik tahlilni rejalashtirish uchun zarur.

Ikkinchi usul — genotiplar o'rtasidagi fenotipik farqlarni taqqoslash. Bunda turli genotipga ega hayvonlarning sut miqdori, yog' va oqsil ko'rsatkichlari yoki tirik vazni taqqoslanadi. Oddiy taqqoslash dastlabki ma'lumot beradi, biroq yosh, xo'jalik, laktatsiya davri va oziqlanish kabi omillar hisobga olinmasa, natijalar noto'g'ri talqin qilinishi mumkin.

Uchinchi usul — genom bo'ylab assotsiatsion tadqiqot (GWAS). Bu yondashuv genomdagi ko'plab SNP markerlarini muayyan fenotip bilan statistik jihatdan taqqoslashga asoslanadi. GWAS orqali mahsuldorlik belgilariga aloqador genetik hududlarni aniqlash mumkin. Bunda ko'p sonli markerlar tekshirilgani sababli tasodifiy ijobiy natijalar xavfini kamaytirish uchun ko'p martalik testlar bo'yicha statistik tuzatishlar kiritilishi lozim.

To'rtinchi usul — genomik prognozlash. Bu yondashuvda ko'plab SNP markerlarining umumiy ta'siri statistik model yordamida hisoblanadi va hayvonning genomik naslchilik qiymati baholanadi. Bunda maqsad faqat bitta markerning ta'sirini aniqlash emas, balki hayvonning kelajak avlodlariga o'tkazishi mumkin bo'lgan genetik salohiyatini prognozlashdir.



Genetik assotsiatsiyani statistik baholash

SNP markerlari va fenotipik belgilar o'rtasidagi munosabatni baholashda statistik modelning to'g'ri tanlanishi natijaning ishonchliligini belgilaydi. Miqdoriy belgilar uchun umumiy chiziqli model yoki aralash chiziqli modeldan foydalanish mumkin. Bunday modellar genotip ta'sirini boshqa omillarning ta'siridan ajratishga yordam beradi.

Soddalashtirilgan model quyidagicha ifodalanishi mumkin:

$$(y = \mu + G + E + H + \varepsilon)$$

Bu yerda:

- $(y)$  — o'lgan fenotipik ko'rsatkich;
- $(\mu)$  — umumiy o'rtacha qiymat;
- $(G)$  — genotip yoki genetik marker bilan bog'liq ta'sir;
- $(E)$  — yosh, laktatsiya davri va oziqlanish kabi muhit omillari;
- $(H)$  — xo'jalik yoki guruhga tegishli ta'sir;
- $(\varepsilon)$  — modelda hisobga olinmagan tasodifiy qoldiq.

Amaliy tadqiqotlarda modelning tuzilishi ma'lumotlar xususiyatiga qarab o'zgartiriladi. Masalan, bir hayvondan bir necha laktatsiya davomida olingan natijalar o'zaro bog'liq bo'lgani uchun hayvonning individual ta'sirini hisobga olish talab etilishi mumkin. Qarindosh hayvonlar ishtirok etgan tadqiqotlarda esa genetik qarindoshlik matritsasidan foydalanish natijalarni ishonchliroq baholashga yordam beradi.

Statistik natijalarni talqin qilishda p-qiymat bilan bir qatorda ta'sir kattaligi va uning ishonch oralig'ini ham ko'rsatish muhim. Kichik p-qiymat genotiplar o'rtasidagi farq tasodifiy bo'lish ehtimoli pastligini ko'rsatishi mumkin, ammo farqning biologik yoki iqtisodiy jihatdan katta ekanini o'z-o'zidan isbotlamaydi.

Shuningdek, GWASda ko'plab markerlar bir vaqtning o'zida tekshiriladi. Shu sababli oddiy 0,05 ahamiyatlilik chegarasidan foydalanish noto'g'ri ijobiy xulosalar sonini oshirishi mumkin. Bonferroni tuzatishi yoki soxta kashfiyotlar ulushini nazorat qilish usullari kabi yondashuvlar natijalarni baholashda qo'llanadi.



Ilmiy tadqiqotlar natijalari va ularning ahamiyati

Qoramollarda genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni baholash bo'yicha xalqaro tadqiqotlar SNP markerlaridan foydalanish naslchilik samaradorligini oshirishi mumkinligini ko'rsatadi.

Wiggans va hammualliflarning 2017-yilda chop etilgan sharhida AQSh sut chorvachiligida genomik seleksiyaning rivojlanishi tahlil qilingan. Mualliflar genomik ma'lumotlarni an'anaviy genetik baholash tizimiga kiritish iqtisodiy jihatdan muhim belgilar bo'yicha genetik taraqqiyot sur'atini oshirgani, naslchilik qarorlarining aniqligini yaxshilagani va avlodlar almashinuvi oraliq'ini qisqartirishga yordam berganini qayd etgan. Sharhda AQShda rasmiy genomik baholashlar Golshteyn va Jersi zotlari uchun 2009-yilda joriy etilgani ham ko'rsatilgan.

Ushbu tajriba SNP markerlarining ahamiyati faqat ayrim genlarni aniqlash bilan cheklanmasligini ko'rsatadi. Genom bo'ylab ko'plab markerlar haqidagi ma'lumotlar naslchilik qiymatini prognozlashda birgalikda ishlatilishi mumkin. Bunday yondashuv ayniqsa mahsuldorlikka ko'plab genetik omillar ta'sir ko'rsatadigan belgilar uchun muhimdir.

2023-yilda *Journal of Dairy Science* jurnalida chop etilgan GWAS metodologiyasiga oid sharhda esa genetik assotsiatsiyalarni ishonchli aniqlash uchun genotip ma'lumotlarining sifatini tekshirish, populyatsion tuzilmani hisobga olish, statistik ahamiyatni to'g'ri baholash va natijalarni biologik jihatdan izohlash zarurligi ta'kidlangan. Mualliflar noto'g'ri ijobiy yoki noto'g'ri salbiy xulosalar genetik variantlarning ta'sirini baholashga salbiy ta'sir ko'rsatishi mumkinligini ko'rsatgan.

Mazkur tadqiqotlar bir-birini to'ldiradi: genomik seleksiya SNP markerlaridan amaliy foydalanish imkoniyatini namoyon etsa, GWAS bo'yicha metodologik tavsiyalar genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni ilmiy jihatdan ishonchli baholash shartlarini belgilaydi.

Genetik va muhit omillarini farqlash muammosi



Genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni o'rganishda asosiy muammolardan biri genetik ta'sirni tashqi muhit ta'siridan to'g'ri ajratishdir. Masalan, ma'lum bir genotipga ega sigirlar yuqori mahsuldor xo'jaliklarda ko'proq uchrasa, ular bilan sut miqdori o'rtasida kuzatilgan bog'liqlikning bir qismi xo'jalik sharoitlari bilan izohlanishi mumkin.

Populyatsion tuzilma ham muhim ahamiyatga ega. Turli zotlar yoki kelib chiqishi turlicha bo'lgan qoramollar allel chastotalari bilan bir qatorda mahsuldorlik xususiyatlari bo'yicha ham farq qilishi mumkin. Agar ushbu farqlar statistik modelda nazorat qilinmasa, ayrim SNP markerlari fenotip bilan haqiqiy biologik ta'sirga ega bo'lmagan holda bog'langan ko'rinishi mumkin.

Bundan tashqari, SNP markerining ta'siri turli zotlarda bir xil bo'lmashligi mumkin. Bunga allel chastotalari, marker bilan sababchi variant o'rtasidagi irsiy bog'lanish darajasi va populyatsiyalarning genetik tarixi ta'sir qiladi. Shu sababli bir zotda ishlab chiqilgan prognozlash modelini boshqa zotga qo'llashdan oldin uning aniqligini alohida tekshirish kerak.

Yana bir muhim jihat — fenotipik ma'lumotlarning sifati. Sut miqdori noto'g'ri qayd etilgan yoki hayvonlarning yoshi va laktatsiya davri hisobga olinmagan bo'lsa, genetik tahlil natijalari ham ishonchsiz bo'lishi mumkin. Shuning uchun molekulyar-genetik tadqiqotlar standartlashtirilgan zootexnik hisob, laboratoriya tahlillari va sifatli statistik ma'lumotlar bilan ta'minlanishi zarur.

### Qoramolchilikda amaliy qo'llash imkoniyatlari

SNP markerlari asosida genotip va fenotip munosabatlarini baholash qoramolchilikning bir nechta amaliy yo'nalishlarida foydalanilishi mumkin. Birinchidan, sut va go'sht mahsuldorligi bo'yicha istiqbolli hayvonlarni erta tanlash imkonini beradi. Ikkinchidan, genetik kasalliklar bilan bog'liq variantlarni aniqlash va naslchilikda xavfli juftlashtirishlarning oldini olishga yordam beradi. Uchinchidan, hayvonlarning genetik salohiyatini mahsuldorlik ko'rsatkichlari bilan birgalikda baholash orqali naslchilik dasturlarining samaradorligini oshirish mumkin.



O'zbekiston sharoitida ushbu usullarni rivojlantirish uchun mahalliy va chetdan keltirilgan zotlar bo'yicha genetik hamda fenotipik ma'lumotlar bazasini shakllantirish maqsadga muvofiq. Bunda hayvonlarning genotipi bilan bir qatorda sut miqdori, sut tarkibi, tirik vazni, reproduktiv holati, yoshi, oziqlanishi va saqlash sharoitlari ham muntazam qayd etilishi kerak.

Keyingi bosqichda genotip va fenotip ma'lumotlari statistik modellar orqali tahlil qilinib, aniqlangan munosabatlar mustaqil hayvonlar guruhida tekshirilishi lozim. Prognozlash modelining yangi guruhda ham ishonchli ishlashi uning amaliy qiymatini ko'rsatadi. Bunday tekshiruv o'tkazilmasdan turib, ma'lum marker asosida barcha hayvonlarning mahsuldorligi haqida qat'iy xulosa chiqarish ilmiy jihatdan to'g'ri bo'lmaydi.

## **Xulosa**

Qoramollarda genotip va fenotip o'rtasidagi munosabatlarni SNP markerlari asosida baholash zamonaviy molekulyar genetika va seleksiya ishlarining muhim yo'nalishidir. SNP markerlari genetik farqlarni aniqlash, mahsuldorlik belgilariga aloqador genom hududlarini topish va hayvonlarning genomik naslchilik qiymatini prognozlash imkonini beradi.

Genotip va fenotip o'rtasidagi bog'liqlikni ishonchli aniqlash uchun allel chastotalarini hisoblash, genotiplar bo'yicha fenotipik farqlarni taqqoslash, GWAS va genomik prognozlash usullaridan maqsadga muvofiq foydalanish zarur. Statistik modelda hayvonlarning qarindoshligi, populyatsion tuzilma, yoshi, oziqlanishi va xo'jalik sharoitlarini hisobga olish natijalarning aniqligini oshiradi.

Ilmiy tadqiqotlar genomik seleksiya genetik taraqqiyotni tezlashtirish va naslchilik qarorlarini yaxshilashga yordam berishini ko'rsatadi. Biroq SNP markerining fenotip bilan statistik bog'liqligi uning bevosita sababchi ekanini anglatmaydi. Shu sababli aniqlangan natijalar biologik jihatdan izohlanishi, mustaqil populyatsiyalarda tekshirilishi va real xo'jalik ko'rsatkichlari bilan solishtirilishi kerak.



O'zbekiston chorvachiligida SNP markerlari asosidagi genetik baholash tizimlarini rivojlantirish uchun mahalliy qoramol populyatsiyalariga oid sifatli ma'lumotlar bazasini yaratish, genetik va fenotipik kuzatuvlarni birlashtirish hamda prognozlash modellarini mahalliy sharoitda tekshirish muhimdir. Ushbu yondashuv nasldor hayvonlarni ilmiy asosda tanlash, mahsuldorlikni yaxshilash va chorvachilik samaradorligini oshirish uchun mustahkam zamin yaratadi.

## FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Wiggans, G. R., Cole, J. B., Hubbard, S. M., Sonstegard, T. S. (2017). Genomic Selection in Dairy Cattle: The USDA Experience. *Annual Review of Animal Biosciences*, 5, 309–327. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021815-111422>
2. Good Practices in Genome-Wide Association Studies to Identify Candidate Sequence Variants in Dairy Cattle. (2023). *Journal of Dairy Science*, 106(8), 5218–5241. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22694>
3. Goddard, M. E., Hayes, B. J. (2009). Mapping Genes for Complex Traits in Domestic Animals and Their Use in Breeding Programmes. *Nature Reviews Genetics*, 10, 381–391. <https://doi.org/10.1038/nrg2575>
4. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., Goddard, M. E. (2001). Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics*, 157(4), 1819–1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
5. Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Goddard, M. E. (2009). Invited Review: Genomic Selection in Dairy Cattle: Progress and Challenges. *Journal of Dairy Science*, 92(2), 433–443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646>
6. Boichard, D., Ducrocq, V., Croiseau, P., Fritz, S. (2016). Genomic Selection in Domestic Animals: Principles, Applications and Perspectives. *Comptes Rendus Biologies*, 339(7–8), 274–282.
7. The Bovine HapMap Consortium. (2009). Genome-Wide Survey of SNP Variation Uncovers the Genetic Structure of Cattle Breeds. *Science*, 324(5926), 528–532. <https://doi.org/10.1126/science.1167936>