



QORAMOLLAR SELEKSIYASIDA DNK MARKERLARIGA ASOSLANGAN PROGNOZLASH MODELLARINING SAMARADORLIGI

Hamidova Ruxsora Normo'min qizi

Samarqand davlat veterinariya meditsinasi

chorvachilik va biotexnologiyalar universiteti tayanch doktoranti

Ilmiy rahbar: Xujamov Jurabek Nayimovich

Annotatsiya: Ushbu maqolada qoramollar seleksiyasida DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining samaradorligi, ularning nasliy qiymatni baholashdagi o'rni hamda an'anaviy seleksiya usullaridan farqli jihatlari tahlil qilinadi. Genomik seleksiya, xususan, yagona nukleotid polimorfizmlari (SNP) asosida hayvonlarning sut mahsuldorligi, sut tarkibi, tana vazni, o'sish sur'ati, reproduktiv xususiyatlari va kasalliklarga chidamliligini oldindan baholash imkoniyatlari ko'rib chiqiladi. Tadqiqotda genomik nasliy qiymatni baholashda qo'llaniladigan statistik modellar, jumladan, GBLUP, Bayes usullari va mashinaviy o'rganish algoritmlarining afzalliklari hamda cheklovlari ilmiy adabiyotlar asosida qiyosiy tahlil qilinadi. Prognozlash aniqligiga ta'sir ko'rsatuvchi asosiy omillar — referens populyatsiya hajmi, genotip va fenotip ma'lumotlarining sifati, zot xususiyatlari hamda modelni mustaqil ma'lumotlarda tekshirish jarayoni yoritiladi. Tahlil natijalari DNK markerlariga asoslangan prognozlash seleksiya qarorlarini erta bosqichda qabul qilish, naslchilik xarajatlarini kamaytirish va iqtisodiy jihatdan muhim belgilar bo'yicha genetik taraqqiyotni jadallashtirishga xizmat qilishini ko'rsatadi.

Kalit so'zlar: qoramolchilik, DNK markerlari, genomik seleksiya, SNP, prognozlash modeli, genomik nasliy qiymat, GBLUP, Bayes modeli, mashinaviy o'rganish, seleksiya samaradorligi.

Abstract: This article examines the effectiveness of DNA marker-based prediction models in cattle breeding, focusing on their role in estimating genetic



merit and supporting selection decisions. Particular attention is given to genomic selection using single nucleotide polymorphisms (SNPs) to predict economically important traits, including milk yield, milk composition, growth performance, reproductive efficiency, and disease resistance. The study provides a comparative analysis of genomic prediction approaches, including genomic best linear unbiased prediction (GBLUP), Bayesian models, and machine learning algorithms. Factors influencing prediction accuracy, such as reference population size, genotype and phenotype quality, breed structure, and independent validation, are discussed. The literature-based analysis indicates that genomic prediction can improve the early identification of genetically superior animals, reduce dependence on lengthy progeny testing, and accelerate genetic progress. However, the practical effectiveness of these models depends on the representativeness of the reference population, the quality of available data, and the suitability of the selected statistical approach for the target population and trait.

Keywords: *cattle breeding, DNA markers, genomic selection, SNP, prediction models, genomic estimated breeding value, GBLUP, Bayesian models, machine learning, selection efficiency.*

Kirish

Chorvachilikda yuqori mahsuldor, sogʻlom va mahalliy sharoitga moslashuvchan qoramollarni yetishtirish qishloq xoʻjaligining iqtisodiy samaradorligini oshirishda muhim ahamiyatga ega. Ayniqsa, sut va goʻsht mahsulotlariga boʻlgan talabning ortib borishi mavjud qoramol zotlarining genetik salohiyatidan oqilona foydalanishni, naslchilik ishlarini ilmiy asosda tashkil etishni va seleksiya jarayonida zamonaviy biotexnologiyalardan foydalanishni taqozo etmoqda.

Anʼanaviy seleksiyada hayvonlarni tanlash koʻpincha ularning tashqi koʻrinishi, mahsuldorlik koʻrsatkichlari, nasl-nasabi va avlodlarining natijalariga asoslanadi. Biroq koʻplab xoʻjalik jihatdan muhim belgilar murakkab irsiy xususiyatga ega boʻlib, ularning shakllanishida koʻplab genlar bilan bir qatorda



oziqlantirish, saqlash sharoiti, iqlim va parvarish omillari ham ishtirok etadi. Shu sababli yosh hayvonning kelajakdagi mahsuldorligini faqat tashqi belgilar yoki ota-onasining ko'rsatkichlari asosida ishonchli baholash har doim ham mumkin emas.

Molekulyar genetikaning rivojlanishi ushbu muammoni hal etishda yangi imkoniyatlarni yaratdi. DNK markerlari hayvon genomidagi irsiy farqlarni aniqlash va ularni xo'jalik uchun muhim belgilar bilan bog'liq holda baholash imkonini beradi. Ayniqsa, genom bo'ylab tarqalgan minglab SNP markerlaridan foydalanish orqali hayvonning genomik nasliy qiymatini, ya'ni kelajak avlodlariga o'tkazishi mumkin bo'lgan genetik ustunligini prognozlash mumkin.

Meuwissen, Hayes va Goddard tomonidan 2001-yilda taklif etilgan genomik seleksiya yondashuvi ko'plab markerlarning ta'sirini birgalikda hisobga olish orqali genetik qiymatni prognozlash uchun nazariy asos yaratdi [1]. Keyingi yillarda bu yondashuv sut yo'nalishidagi qoramolchilikda keng rivojlandi. Wiggans va hammualliflar genomik baholash seleksiya aniqligini oshirish, avlodlar almashinuvi davrini qisqartirish va naslchilik dasturlarining samaradorligini yaxshilashga yordam berishini ta'kidlaydilar [2].

Shu bilan birga, DNK markerlarining mavjudligi o'z-o'zidan yuqori aniqlikdagi prognozni kafolatlamaydi. Modelning natijasi hayvonlarning genetik tarkibi, ma'lumotlar bazasining hajmi, belgining irsiylanish darajasi va statistik usulning to'g'ri tanlanishiga bog'liq. Demak, asosiy masala faqat genetik ma'lumotlarni olish emas, balki ulardan seleksiya qarorlarida ishonchli foydalanish imkonini beradigan prognozlash modelini ishlab chiqish va baholashdan iborat.

Mazkur maqolaning maqsadi qoramollar seleksiyasida DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining samaradorligini ilmiy manbalar asosida tahlil qilish, ularning afzalliklari va cheklovlarini aniqlash hamda amaliy naslchilikda qo'llash bo'yicha tavsiyalar ishlab chiqishdan iborat.

Materiallar va metodlar

Tadqiqot adabiyotlar tahlili va qiyosiy metodologik yondashuv asosida tashkil etildi. Tahlil uchun genomik seleksiya nazariyasini ishlab chiqqan



fundamental tadqiqotlar, sut yoʻnalishidagi qoramollarni genomik baholash tajribasiga bagʻishlangan ilmiy sharhlar hamda kichik populyatsiyalarda prognoz aniqligini oshirish masalalarini oʻrgangan manbalar tanlandi [1–4].

Tahlil jarayonida DNK markerlariga asoslangan prognozlashning uchta asosiy jihati oʻrganildi: birinchidan, genetik maʼlumotlar asosida nasliy qiymatni hisoblash usullari; ikkinchidan, modellar samaradorligini baholash mezonlari; uchinchidan, olingan prognozlarning amaliy seleksiya qarorlariga taʼsiri.

Genomik prognozlash jarayoni quyidagi ketma-ketlikda koʻrib chiqildi:

1. Hayvonlarning DNK namunalariidan SNP markerlari boʻyicha genotip maʼlumotlarini olish.
2. Sut mahsuldorligi, sut tarkibi, tirik vazn, oʻsish tezligi va reproduktiv belgilar kabi fenotipik koʻrsatkichlarni yigʻish.
3. Genotip va fenotip maʼlumotlarini yagona tahliliy bazaga birlashtirish.
4. Referens populyatsiya yordamida statistik model parametrlarini baholash.
5. Modelni oʻqitishda foydalanilmagan hayvonlar maʼlumotlari asosida prognoz aniqligini tekshirish.
6. Modellar bir xil maʼlumotlar va bir xil baholash mezonlari asosida oʻzaro taqqoslash.

Tahlilda uchta asosiy model guruhi koʻrib chiqildi. Birinchi guruhga GBLUP — genomik qarindoshlik matritsasiga asoslangan chiziqli aralash model kiritildi. Ikkinchi guruh Bayes usullaridan, jumladan, BayesA va BayesB modellaridan iborat boʻldi. Uchinchi guruhga esa tasodifiy oʻrmon (Random Forest), gradient boosting va neyron tarmoqlar kabi mashinaviy oʻrganish usullari kiritildi. Ushbu algoritmlar turli genetik arxitekturalarda belgilar va markerlar oʻrtasidagi munosabatlarni turlicha ifodalashi mumkin.

Modellar samaradorligini baholashda prognozlangan genomik nasliy qiymat (GEBV) bilan mustaqil baholashda aniqlangan nasliy qiymat oʻrtasidagi korrelyatsiya, prognoz xatosi, determinatsiya koeffitsiyenti va hisoblash xarajatlari



asosiy mezonlar sifatida belgilandi. Haqiqiy nasliy qiymatni bevosita aniqlash qiyin bo'lganligi sababli amaliy tadqiqotlarda tasdiqlangan nasliy qiymat baholari yoki tegishli statistik tuzatishlardan o'tgan mustaqil fenotipik ma'lumotlardan foydalanish zarur.

Ushbu maqola yangi hayvonlar guruhida o'tkazilgan laboratoriya tajribasi emas, balki ilmiy adabiyotlar va prognozlash metodologiyasining qiyosiy tahlilidir. Shu sababli maqolada muayyan xo'jalikdan olingan yangi statistik natijalar yoki tajriba orqali aniqlangan model ustunligi da'vo qilinmaydi.

Natijalar

Ilmiy manbalar tahlili DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining samaradorligi bir necha o'zaro bog'liq omillarga taqalishini ko'rsatadi. Eng muhim natijalardan biri shundaki, genomik seleksiya hayvonning yoshi va o'z mahsuldorlik ko'rsatkichlari hali to'liq shakllanmagan davrda ham uning genetik salohiyatini baholash imkonini beradi. Bu, ayniqsa, naslchilik uchun istiqbolli buqalarni erta tanlashda muhimdir [2; 3].

An'anaviy seleksiyada yosh buqaning nasliy qiymatini ishonchli baholash uchun uning avlodlari mahsuldorligi haqidagi ma'lumotlar to'planishi talab qilinishi mumkin. Genomik prognozlash esa DNK namunasi asosida dastlabki genetik baholashni amalga oshirish imkonini beradi. Natijada naslchilikka jalb qilinadigan hayvonlarni oldindan saralash, avlodlar almashinuvi muddatini qisqartirish va resurslarni istiqbolli genotiplarga yo'naltirish mumkin.

Genomik baholash samaradorligi bo'yicha chop etilgan tadqiqotlarda prognoz ishonchliligi hayvonlar guruhi, belgining irsiylanish darajasi va model xususiyatlariga qarab farq qilishi qayd etilgan. Masalan, 2009-yildagi ilmiy sharhda AQSh, Yangi Zelandiya, Avstraliya va Niderlandiya ma'lumotlari asosida yosh sut yo'nalishidagi buqalar uchun GEBV ishonchliligi 20–67 foiz oralig'ida bo'lgani bayon etilgan [3]. Bu qiymatlar hozirgi barcha populyatsiyalar uchun universal ko'rsatkich emas, balki genomik seleksiyaning dastlabki amaliy tadqiqotlarida kuzatilgan natijalardir.



1-jadval. DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining qiyosiy xususiyatlari

Model	Asosiy xususiyati	Afzalligi	Cheklovi
GBLUP	Genomik qarindoshlikni hisobga oladi	Hisoblash va amaliy qo'llash nisbatan qulay	Ko'pincha marker ta'sirlarini umumiy chiziqli modelda baholaydi
BayesA	Markerlar ta'sirining dispersiyasi turlicha bo'lishiga imkon beradi	Ta'siri katta markerlarni hisobga olishda foydali bo'lishi mumkin	Parametrlarni baholash va hisoblash murakkabroq
BayesB	Markerlar ta'sirini tanlab, ayrimlarini nolga yaqin deb modellashtiradi	Ayrim belgilar uchun siyrak genetik ta'sirlarni ifodalashi mumkin	Natija model farazlari va ma'lumotlar sifatiga sezgir
Random Forest	Chiziqli bo'lmagan munosabatlarni modellashtiradi	Murakkab o'zaro ta'sirlarni aniqlash imkoniyati bor	Katta ma'lumot talab qilishi, natijani izohlash qiyinlashishi mumkin
Gradient boosting	Ketma-ket quriladigan modellar orqali xatoni kamaytiradi	Murakkab munosabatlarni o'rganishi mumkin	Parametrlarni noto'g'ri tanlash ortiqcha moslashuvga olib keladi
Neyron tarmoqlar	Ko'p qatlamli hisoblash orqali murakkab naqshlarni o'rganadi	Katta va sifatli ma'lumotlarda moslashuvchan	Yetarli ma'lumot va hisoblash resurslarini talab qiladi



Manba: [1–4] asosida umumlashtirildi. Jadvalda keltirilgan xususiyatlar umumiy metodologik taqqoslash bo‘lib, muayyan qoramol populyatsiyasida o‘lchangan natijalar emas.

Jadvaldan ko‘rinadiki, barcha vaziyatlarda eng yaxshi natija beradigan yagona model mavjud deb hisoblash to‘g‘ri emas. GBLUP katta hajmdagi genotip ma’lumotlarini standartlashtirilgan tarzda tahlil qilish uchun qulay. Bayes modellarining ayrim turlari esa markerlar ta’sirining bir xil bo‘lmasligi haqidagi farazlardan foydalanadi. Mashinaviy o‘rganish usullari chiziqli bo‘lmagan bog‘lanishlarni aniqlashi mumkin, biroq ularning murakkabligi avtomatik ravishda yuqori prognoz aniqligini anglatmaydi.

Kichik qoramol populyatsiyalariga bag‘ishlangan tadqiqotlar referens guruhning hajmi va genetik tarkibi prognoz sifatiga sezilarli ta’sir ko‘rsatishini ta’kidlaydi. Bir zot ichidagi genetik jihatdan yaqin populyatsiyalar ma’lumotlarini birlashtirish foydali bo‘lishi mumkin. Ammo genetik jihatdan uzoq zotlar ma’lumotlarini to‘g‘ridan-to‘g‘ri birlashtirishda prognoz aniqligi pasayishi ehtimoli mavjud [4].

Ikkinchi muhim natija — prognozlash modelining sifati markerlar soni bilan cheklanmasligidir. Markerlar genom bo‘ylab yetarli darajada qamrovni ta’minlashi, genetik variantlar bilan bog‘liqligi va ma’lumotlar bazasi maqsadli populyatsiyani ifodalashi kerak. Bundan tashqari, fenotipik o‘lchovlarda xatolar, nasl-nasab ma’lumotlaridagi nomuvofiqliklar yoki genotiplarning yetishmasligi modelning ishonchliligini kamaytirishi mumkin.

Uchinchi natija shundan iboratki, genomik seleksiyaning iqtisodiy samarasi faqat prognoz aniqligi bilan belgilanmaydi. Hayvonlarni erta tanlash imkoniyati, avlodlar almashinuvi tezligi, genotiplash xarajatlari va tanlangan hayvonlarning keyingi avloddagi real mahsuldorligi ham hisobga olinishi zarur. Demak, yuqori statistik aniqlikka ega modelning o‘zi xo‘jalik uchun eng foydali qarorni kafolatlamaydi.

Muhokama



DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining seleksiyadagi ahamiyati genetik axborotni amaliy qarorga aylantira olishida namoyon bo'ladi. An'anaviy usullarda hayvonning nasliy ustunligini aniqlash ko'p hollarda uzoq vaqt davomida to'plangan mahsuldorlik ma'lumotlariga tayanadi. Genomik seleksiya esa mavjud genotip ma'lumotlarini ilgari to'plangan fenotipik va nasl-nasab ko'rsatkichlari bilan birgalikda tahlil qilib, tanlash jarayonini tezlashtirishi mumkin.

Biroq prognozlash samaradorligini baholashda ayrim muhim metodologik masalalarga e'tibor qaratish lozim. Birinchi masala — modelni o'qitish va tekshirish uchun foydalaniladigan ma'lumotlarning mustaqilligi. Agar bir oilaga mansub yoki yaqin qarindosh hayvonlar o'qitish va tekshirish guruhlariga tasodifiy taqsimlansa, model ayrim genetik o'xshashliklarni yodlab olishi va haqiqiy amaliy sharoitdagidan yuqori natija ko'rsatishi mumkin. Shu bois prognozlash maqsadiga qarab hayvonlarni avlodlar, oilalar yoki vaqt davrlari bo'yicha ajratib tekshirish maqsadga muvofiq.

Ikkinchi masala — turli modellarni adolatli taqqoslashdir. GBLUP, Bayes modellari va mashinaviy o'rganish algoritmlari bir xil ma'lumotlar to'plami, bir xil tekshirish sxemasi va bir xil baholash mezonlari asosida solishtirilishi kerak. Aks holda, kuzatilgan farq modelning ustunligidan emas, balki ma'lumotlarni ajratish usuli yoki boshlang'ich shartlardan kelib chiqishi mumkin.

Uchinchi masala zot va populyatsiya xususiyatlari bilan bog'liq. Bir zot uchun ishlab chiqilgan prognozlash modeli boshqa zotda xuddi shunday aniqlikni namoyon etmasligi mumkin. Bunga allel chastotalari, markerlar bilan sababchi genetik variantlar o'rtasidagi bog'lanish darajasi va populyatsiyaning genetik tuzilishi ta'sir ko'rsatadi. Shuning uchun O'zbekiston sharoitida foydalaniladigan qoramol zotlari uchun mahalliy referens populyatsiyani shakllantirish, genotip ma'lumotlarini real mahsuldorlik ko'rsatkichlari bilan bog'lash va modellarni mahalliy sharoitda tekshirish alohida ahamiyatga ega.

Sut yo'nalishidagi qoramollarda sut miqdori bilan bir qatorda yog' va oqsil miqdori, elin salomatligi, reproduktiv ko'rsatkichlar va mahsuldor foydalanish



muddati ham hisobga olinishi lozim. Go'sht yo'nalishidagi qoramollarda esa tirik vazn ortishi, ozuqadan foydalanish samaradorligi, tana tuzilishi va kasalliklarga chidamlilik muhim mezonlar hisoblanadi. Ushbu belgilarni yagona seleksiya indeksida birlashtirish iqtisodiy maqsadlarga mos qarorlar qabul qilishga yordam beradi.

Shuningdek, genomik prognozlashdan foydalanishda genetik xilma-xillikni saqlash masalasi ham e'tibordan chetda qolmasligi kerak. Faqat eng yuqori genomik bahoga ega bo'lgan kam sonli hayvonlardan foydalanish qarindoshlik darajasining oshishi va ayrim allellarning populyatsiyada haddan tashqari ko'payishiga olib kelishi mumkin. Shu sababli nasliy qiymat bilan birga qarindoshlik, inbriding xavfi va zotning uzoq muddatli moslashuvchanligini ham hisobga olish zarur.

Umuman olganda, ilmiy adabiyotlar genomik seleksiyaning salohiyati yuqori ekanini tasdiqlaydi. Lekin uning samaradorligi texnologiyaning o'ziga emas, balki ma'lumotlar sifati, modelning to'g'ri tanlanishi, mustaqil tekshirish va seleksiya dasturining maqsadlariga moslashtirilishiga ham bog'liq. Shu nuqtayi nazardan, genomik prognozlashni an'anaviy naslchilik usullarining o'rnini to'liq egallaydigan vosita sifatida emas, balki ularning aniqligi va amaliy imkoniyatlarini kengaytiradigan yondashuv sifatida qarash maqsadga muvofiq.

Xulosa

Qoramollar seleksiyasida DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellaridan foydalanish genetik salohiyati yuqori hayvonlarni erta aniqlash, nasliy qiymatni baholash va seleksiya jarayonini ilmiy asosda tashkil etish uchun muhim imkoniyat yaratadi. SNP markerlariga asoslangan genomik baholash hayvonning tashqi ko'rinishi yoki qisqa muddatli mahsuldorlik natijalarigagina tayanib qolmasdan, uning genomidagi ko'plab irsiy farqlarni birgalikda hisobga olish imkonini beradi.

Tahlil natijalari GBLUP, Bayes modellarining turli shakllari va mashinaviy o'rganish algoritmlari o'ziga xos afzallik hamda cheklovlarga ega ekanini ko'rsatadi. Shu sababli modelni tanlashda uning murakkabligidan ko'ra ma'lumotlar tarkibiga



mosligi, mustaqil tekshirishdagi natijalari, prognoz barqarorligi va amaliy xarajatlari muhimroq hisoblanadi.

Genomik seleksiyaning samaradorligini oshirish uchun quyidagi yoʻnalishlarga eʼtibor qaratish tavsiya etiladi:

- Mahalliy qoramol zotlari boʻyicha genotip va fenotip maʼlumotlarini birlashtiruvchi referens bazani shakllantirish.
- Sut va goʻsht mahsuldorligi bilan birga reproduktiv belgilar, kasalliklarga chidamlilik va mahsuldor foydalanish muddatini ham prognozlash.
- GBLUP va Bayes modellarini asosiy taqqoslash mezonlari sifatida qoʻllab, mashinaviy oʻrganish usullarini mustaqil tekshirish orqali baholash.
- Prognozlash natijalarini alohida xoʻjaliklar va turli avlodlarda tekshirib, modelning yangi hayvonlarga nisbatan ishonchliligini aniqlash.
- Genomik baholash bilan birga genetik xilma-xillik, qarindoshlik va inbriding xavfini nazorat qilish.
- Genotiplash xarajatlari va kutilayotgan genetik yutuqni hisobga olib, texnologiyaning iqtisodiy samaradorligini baholash.

Xulosa qilib aytganda, DNK markerlariga asoslangan prognozlash modellarining haqiqiy samaradorligi genetik axborotni sifatli statistik tahlil qilish va uni amaliy seleksiya qarorlari bilan uygʻunlashtirishga bogʻliq. Mahalliy populyatsiyalar uchun ishonchli maʼlumotlar bazasi va muntazam mustaqil tekshirish tizimi shakllantirilsa, genomik seleksiya qoramolchilikda mahsuldorlikni oshirish, naslchilik ishlarini takomillashtirish va uzoq muddatli genetik taraqqiyotni taʼminlashga xizmat qilishi mumkin.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. 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>



2. 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>
3. 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>
4. Lund, M. S., van den Berg, I., Ma, P., Brøndum, R. F., & Su, G. (2016). Review: How to improve genomic predictions in small dairy cattle populations. *Animal*, 10(6), 1042–1049. <https://doi.org/10.1017/S1751731115003031>
5. Bouquet, A., & Juga, J. (2013). Integrating genomic selection into dairy cattle breeding programmes: A review. *Animal*, 7(5), 705–713. <https://doi.org/10.1017/S1751731112002248>
6. Pryce, J. E., & Daetwyler, H. D. (2012). Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: A review of international research. *Animal Production Science*, 52(3), 107–114. <https://doi.org/10.1071/AN11098>
7. Tade, B., & Melesse, A. (2024). A review on the application of genomic selection in the improvement of dairy cattle productivity. *Ecological Genetics and Genomics*, 31, 100257. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2024.100257>