



QORAMOLLARDA MAHSULDORLIKNI OSHIRISHGA YO‘NALTIRILGAN MARKERLARGA ASOSLANGAN SELEKSIYANING ILMIY ASOSLARI

Hamidova Ruxsora Normo'min qizi

Samarqand davlat veterinariya meditsinasi

chorvachilik va biotexnologiyalar universiteti tayanch doktoranti

Ilmiy rahbar: Xujamov Jurabek Nayimovich

Annotatsiya: *Mazkur maqolada qoramollarda sut va go'sht mahsuldorligini oshirishga qaratilgan markerlarga asoslangan seleksiyaning ilmiy-nazariy asoslari, molekulyar-genetik mexanizmlari hamda amaliy imkoniyatlari yoritilgan. Qoramollarning xo'jalik uchun muhim belgilarini shakllantirishda DNK markerlari, miqdoriy belgilar lokuslari (QTL), yagona nukleotid polimorfizmlari (SNP) va genomik nasliy qiymatni baholash usullarining ahamiyati tahlil qilingan. Sut miqdori, sut yog'i va oqsili, o'sish sur'ati hamda reproduktiv xususiyatlar kabi belgilar ko'plab genetik va tashqi muhit omillarining o'zaro ta'sirida shakllanishi asoslab berilgan. Ilmiy adabiyotlarda keltirilgan natijalar asosida markerlarga asoslangan seleksiya va genomik seleksiyaning imkoniyatlari qiyoslangan. Shuningdek, seleksiya samaradorligiga ta'sir etuvchi genetik xilma-xillik, referens populyatsiya hajmi, fenotipik ma'lumotlar sifati va iqtisodiy samaradorlik masalalari ko'rib chiqilgan. Tadqiqot natijalari markerlardan maqsadli va ilmiy asoslangan foydalanish qoramollarning genetik salohiyatini aniqlash, naslchilik qarorlarini takomillashtirish va uzoq muddatli mahsuldorlikni oshirish uchun muhim ekanini ko'rsatadi.*

Kalit so'zlar: *qoramollar seleksiyasi, DNK markerlari, markerlarga asoslangan seleksiya, genomik seleksiya, SNP, QTL, sut mahsuldorligi, go'sht mahsuldorligi, genetik xilma-xillik, nasliy qiymat.*

Kirish



Chorvachilik mahsuldorligini oshirish, mahsulot sifatini yaxshilash va hayvonlarning irsiy salohiyatidan samarali foydalanish zamonaviy naslchilikning asosiy vazifalaridan hisoblanadi. Qoramolchilikda bu vazifalarni amalga oshirish nafaqat oziqlantirish va saqlash sharoitlarini yaxshilashni, balki naslchilik uchun tanlanadigan hayvonlarning genetik xususiyatlarini chuqur o'rganishni ham talab etadi. Chunki yuqori mahsuldorlik faqat qulay parvarish natijasi emas, balki irsiy omillar va tashqi muhit sharoitlarining birgalikdagi ta'siri bilan belgilanadi.

An'anaviy seleksiyada hayvonlarni tanlash ularning sut berishi, tirik vazni, o'sish sur'ati, nasl-nasabi va avlodlarining ko'rsatkichlari asosida amalga oshiriladi. Bunday yondashuv amaliy jihatdan muhim bo'lsa-da, ayrim kamchiliklarga ega. Masalan, yosh hayvonning kelajakdagi mahsuldorligini o'zining to'liq shakllangan fenotipik ko'rsatkichlari mavjud bo'lmasdan turib baholash qiyin. Ayrim reproduktiv yoki uzoq muddatli mahsuldorlik belgilarini aniqlash uchun esa ko'p vaqt talab etiladi.

Molekulyar genetika yutuqlari ushbu muammolarni hal qilishda yangi imkoniyatlarni yaratdi. DNK markerlari genomdagi muayyan genetik variantlarni aniqlash va ularning xo'jalik uchun muhim belgilar bilan bog'liqligini o'rganishga yordam beradi. Markerga asoslangan seleksiya (MAS) ma'lum gen yoki miqdoriy belgilar lokusi bilan bog'langan markerlar yordamida hayvonlarni tanlashni anglatadi. Genomik seleksiya esa genom bo'ylab joylashgan ko'plab markerlar ma'lumotlaridan foydalanib, hayvonning umumiy genetik qiymatini prognozlaydi.

Meuwissen, Hayes va Goddard 2001-yilda genom bo'ylab zich markerlar xaritasi asosida umumiy genetik qiymatni prognozlash yondashuvini ishlab chiqib, zamonaviy genomik seleksiyaning nazariy asoslarini shakllantirdilar [1]. Keyinchalik ushbu usullar sut yo'nalishidagi qoramollarni genetik baholash dasturlariga keng joriy qilindi. Wiggans va hammualliflar genomik ma'lumotlardan foydalanish yosh hayvonlarni tanlash, naslchilik qarorlarini takomillashtirish va genetik taraqqiyotni jadallashtirish imkoniyatlarini tahlil qilganlar [2].



Shu bilan birga, alohida marker bilan belgining o'zaro bog'liqligini aniqlash uning mahsuldorlikka bevosita sabab bo'lishini anglatmaydi. Markerning seleksiyadagi qiymati uning genetik variant bilan bog'liqligi, ushbu bog'liqlikning populyatsiyada saqlanishi va amaliy sharoitda qay darajada ishonchli natija berishi bilan belgilanadi.

Maqolaning maqsadi qoramollarda mahsuldorlikni oshirishga yo'naltirilgan markerlarga asoslangan seleksiyaning ilmiy asoslarini tahlil qilish, asosiy genetik markerlar va prognozlash yondashuvlarining ahamiyatini yoritish hamda ularni amaliy naslchilikda qo'llash bo'yicha tavsiyalar ishlab chiqishdan iborat.

Materiallar va metodlar

Tadqiqot ilmiy adabiyotlarni tahlil qilish, qiyosiy baholash va nazariy umumlashtirish usullari asosida olib borildi. Asosiy manbalar sifatida genomik seleksiyaning fundamental nazariyasiga bag'ishlangan tadqiqotlar, sut yo'nalishidagi qoramollarda QTL xaritalash natijalari, genomik seleksiyaning amaliy tajribasi va markerlar yordamida genetik qiymatni baholash bo'yicha ilmiy sharhlar tanlandi [1–5].

Tahlil jarayonida quyidagi yo'nalishlarga e'tibor qaratildi:

- DNK markerlari va mahsuldorlik belgilarining genetik asoslari;
- markerga asoslangan seleksiya va genomik seleksiyaning farqlari;
- sut va go'sht mahsuldorligi bilan bog'liq genetik variantlarni aniqlash imkoniyatlari;
- genetik prognozlash aniqligiga ta'sir etuvchi omillar;
- seleksiya natijalarini xo'jalik sharoitida baholash mezonlari.

Markerlarga asoslangan seleksiya samaradorligini baholashda marker va belgi o'rtasidagi bog'liqlik, marker allellarining chastotasi, belgining irsiylanish darajasi, fenotipik o'lchovlarning ishonchliligi va tanlash natijasidagi genetik o'zgarishlar asosiy mezonlar sifatida qaraldi.

Genomik seleksiyada hayvonlarning SNP genotiplari fenotipik ko'rsatkichlar va zarur hollarda nasl-nasab ma'lumotlari bilan birlashtiriladi. Ushbu ma'lumotlar



asosida GBLUP yoki Bayes usullari yordamida genomik nasliy qiymat hisoblanishi mumkin. Natijalar modelni ishlab chiqishda qatnashmagan hayvonlar yoki keyingi avlod ma'lumotlari asosida tekshiriladi.

Tadqiqot adabiyotlar sharhi xarakteriga ega. Shu sababli maqolada yangi laboratoriya tajribasi o'tkazilgani yoki muayyan qoramol xo'jaligida mahsuldorlikning aniq foizga oshgani haqida da'vo qilinmaydi. Raqamli natijalar faqat tegishli ilmiy manbalarda e'lon qilingan holatlarda keltiriladi.

Natijalar

Qoramollarda sut miqdori, sut tarkibi, tirik vazn va o'sish sur'ati kabi iqtisodiy jihatdan muhim belgilar, odatda, poligen xususiyatga ega. Ya'ni ularning shakllanishida bitta gen emas, balki ko'plab genetik variantlar va tashqi muhit omillari ishtirok etadi. Shu sababli faqat bitta markerga asoslangan seleksiya barcha mahsuldorlik belgilarini bir xil darajada yaxshilay olmaydi.

Miqdoriy belgilar lokuslari — QTL — genomning muayyan hududlari bo'lib, ular miqdoriy belgilar o'zgarishi bilan statistik jihatdan bog'liq bo'lishi mumkin. SNP markerlari esa DNK ketma-ketligidagi bitta nukleotid bilan farqlanadigan genetik variantlardir. SNP markerlari QTL bilan bog'liqligi orqali seleksiya uchun foydali ma'lumot berishi mumkin.

Georges va hammualliflar tomonidan sut mahsuldorligiga ta'sir qiluvchi QTL hududlari bo'yicha olib borilgan tahlilda sut miqdori, yog' va oqsil miqdori hamda somatik hujayralar ko'rsatkichi bilan bog'liq ko'plab genetik hududlar qayd etilgan [3]. Bu natijalar sut mahsuldorligini genetik jihatdan yaxshilashda bitta gen yoki marker bilan cheklanib qolmasdan, belgining murakkab irsiy tuzilishini hisobga olish zarurligini ko'rsatadi.

Sut tarkibi bilan bog'liq genetik tadqiqotlarda DGAT1 geni alohida ahamiyatga ega. Ushbu gen yog' almashinuvi bilan bog'liq bo'lib, uning ayrim variantlari sut yog'i miqdori va tarkibidagi farqlar bilan bog'langan. Biroq genetik variantning ta'siri zot, populyatsiya va o'rganilayotgan belgi xususiyatlariga qarab



farqlanishi mumkin. Shu sababli bunday markerlarni seleksiyada qo'llashdan oldin maqsadli populyatsiyada tekshirish talab etiladi.

Markerga asoslangan seleksiya, odatda, oldindan aniqlangan genetik variantlar yoki muayyan QTL bilan bog'langan markerlardan foydalanadi. Bu yondashuv katta ta'sirga ega genetik variantlar mavjud bo'lgan belgilar uchun foydali bo'lishi mumkin. Genomik seleksiya esa genom bo'ylab tarqalgan ko'plab markerlarning umumiy ta'sirini hisobga olib, hayvonning genomik nasliy qiymatini prognozlaydi.

1-jadval. Markerga asoslangan va genomik seleksiyaning qiyosiy tavsifi

Taqqoslash mezonlari	Markerga asoslangan seleksiya (MAS)	Genomik seleksiya
Genetik ma'lumot	Tanlangan markerlar yoki genetik hududlar	Genom bo'ylab ko'plab SNP markerlari
Asosiy maqsad	Muayyan foydali variantlarni tanlash	Umumiy genomik nasliy qiymatni baholash
Qo'llash sohasi	Yirik ta'sirli genetik variantlar bilan bog'liq belgilar	Ko'p genlar ta'sir qiladigan murakkab belgilar
Ma'lumot talabi	Belgiga aloqador markerlar haqida ishonchli ma'lumot	Genotiplar va fenotiplar bo'yicha yetarli referens ma'lumotlar
Asosiy cheklov	Marker-belgi bog'liqligi boshqa populyatsiyada o'zgarishi mumkin	Model aniqligi ma'lumotlar sifati va populyatsiyaga bog'liq
Kutiladigan foyda	Maqsadli genetik variantlarni erta tanlash	Bir nechta iqtisodiy belgilar bo'yicha umumiy genetik baholash

Manba: Meuwissen va boshqalar [1], Wiggans va boshqalar [2] hamda Georges va boshqalar [3] ma'lumotlari asosida tuzildi.



Jadvaldan ko'rinadiki, ushbu yondashuvlar bir-biriga qarama-qarshi emas. Aksincha, muayyan yirik ta'sirli genlar bo'yicha markerlar ma'lumoti genomik baholash bilan birgalikda ishlatilishi mumkin. Biroq murakkab mahsuldorlik belgilarini faqat bir necha marker asosida to'liq prognozlash ilmiy jihatdan yetarli emas.

Meuwissen, Hayes va Goddardning 2001-yildagi tadqiqoti genomik prognozlashning statistik asoslarini ko'rsatgan muhim ishlardan biri hisoblanadi [1]. Mualliflar simulyatsion modelda taxminan 50 000 marker gaplotipi ta'sirini baholashni o'rgangan. Tadqiqotda genetik qiymatni prognozlash aniqligi oddiy eng kichik kvadratlar usulida 0,32, marker ta'sirlarining dispersiyasini bir xil deb olgan BLUP yondashuvida 0,73 va Bayes usulida 0,85 bo'lgan.

Bu natijalar markerlar bo'yicha ma'lumotni qanday statistik model bilan tahlil qilish prognoz aniqligiga sezilarli ta'sir ko'rsatishi mumkinligini namoyish etadi. Shu bilan birga, mazkur raqamlar simulyatsiya natijasi bo'lib, ularni barcha qoramol zotlari yoki real xo'jaliklarda kutiladigan aniq natija sifatida talqin qilish mumkin emas.

Wiggins va hammualliflarning 2017-yildagi sharhida AQSh sut yo'nalishidagi qoramollarni genomik baholash tizimining rivojlanishi, SNP genotiplash texnologiyalarining kengayishi va genomik ma'lumotlarning naslchilik qarorlarida qo'llanilishi yoritilgan [2]. Mualliflar genomik baholashni tijoriy sut chorvachiligida muhim seleksiya vositasiga aylangan yondashuv sifatida tavsiflaydi.

Georges va hammualliflarning QTL xaritalash va meta-tahlil tadqiqotida sut mahsuldorligiga ta'sir qiluvchi 55 ta manbadan olingan ma'lumotlar ko'rib chiqilgan. Tahlilda sut miqdori, yog' va oqsil hosildorligi hamda ularning konsentratsiyasi bilan bog'liq QTL hududlari aniqlangan. Xususan, 6-xromosomada 49 cM hududidagi QTL sut miqdori genetik dispersiyasining 4,2 foizi, 87 cM hududidagi boshqa QTL esa 3,6 foizi bilan bog'liq deb baholangan [3].

Ushbu ko'rsatkichlar muayyan tadqiqot doirasidagi genetik dispersiya ulushini anglatadi. Ularni sut miqdorining 4,2 yoki 3,6 foizga oshishi deb talqin qilish



noto'g'ri bo'ladi. Mazkur natijalarning ilmiy ahamiyati sut mahsuldorligining genetik asoslari genomning bir nechta hududlarida joylashganini va seleksiya qarorlarida ularning umumiy ta'sirini hisobga olish zarurligini ko'rsatishidadir.

2-jadval. Ilmiy manbalarda keltirilgan muhim natijalar

Tadqiqot	Asosiy natija	Seleksiya uchun ahamiyati
Meuwissen va boshqalar, 2001 [1]	Simulyatsiyada prognoz aniqligi 0,32; 0,73; 0,85	Statistik modelni to'g'ri tanlash muhimligini ko'rsatadi
Georges va boshqalar, 2004 [3]	6-xromosomadagi ikki QTL hududi sut miqdori genetik dispersiyasining 4,2% va 3,6% ulushi bilan bog'langan	Sut mahsuldorligi bir nechta genetik hududlar ta'sirida shakllanishini ko'rsatadi
Wiggans va boshqalar, 2017 [2]	AQSh sut qoramolchiligida genomik baholash tizimining amaliy rivojlanishi tahlil qilingan	Genomik ma'lumotlarni naslchilik dasturlariga integratsiya qilish imkoniyatini asoslaydi
Tade va Melesse, 2024 [4]	Sut qoramollari mahsuldorligini oshirishda genomik seleksiya imkoniyatlari sharhlangan	Erta tanlash va avlodlar almashinuvi muddatini qisqartirish salohiyatini yoritadi

Izoh: Jadvaldagi natijalar turli tadqiqotlarning metodologiyasi va ma'lumotlariga tegishli. Ular yagona tajribada olingan natijalar emas.

Markerga asoslangan seleksiyaning amaliy samarasi tanlanayotgan belgining biologik va iqtisodiy xususiyatlariga bog'liq. Sut yo'nalishidagi qoramollarda sut yog'i va oqsil miqdori, sut hosildorligi, elin salomatligi hamda reproduktiv belgilarni birgalikda baholash maqsadga muvofiq. Go'sht yo'nalishida esa tirik vazn, kunlik o'sish, ozuqadan foydalanish samaradorligi va tana tuzilishi kabi belgilar ustuvor ahamiyatga ega.



Markerlar yordamida yosh hayvonlar orasidan naslchilik uchun istiqbolli individlarni dastlabki bosqichda tanlash mumkin. Biroq tanlangan hayvonlarning keyingi mahsuldorligi oziqlantirish, saqlash sharoiti, kasalliklar, iqlim va boshqaruv usullariga ham bog'liq bo'ladi. Shu sababli genetik baholashni xo'jalikdagi muntazam fenotipik nazorat bilan birlashtirish zarur.

Bundan tashqari, faqat eng yuqori mahsuldorlik ko'rsatkichiga ega hayvonlarni ko'paytirishga e'tibor qaratish genetik xilma-xillikning kamayishi va qarindosh juftlashtirish xavfining ortishiga sabab bo'lishi mumkin. Shu bois seleksiya indeksida mahsuldorlik bilan birga reproduktiv salomatlik, uzoq muddatli foydalanish imkoniyati va qarindoshlik darajasi ham hisobga olinishi lozim.

Muhokama

O'rganilgan manbalar markerlarga asoslangan seleksiya qoramollarning irsiy salohiyatini aniqlash va naslchilik qarorlarini takomillashtirish uchun ilmiy jihatdan asoslangan vosita ekanini ko'rsatadi. Uning eng muhim afzalligi — genetik ma'lumotlardan hayvonning yoshi va mavjud mahsuldorlik yozuvlari cheklangan sharoitda ham foydalanish imkoniyatidir.

Shunga qaramay, markerlarni aniqlash bilan mahsuldorlikni oshirish o'rtasida avtomatik bog'lanish mavjud emas. Birinchi navbatda, aniqlangan markerning tegishli belgi bilan bog'liqligi yetarlicha ishonchli bo'lishi kerak. Agar marker bir populyatsiyada foydali variant bilan bog'langan bo'lsa, boshqa zotda ushbu bog'liqlik kuchsizroq bo'lishi mumkin. Bu holat genetik tuzilma va marker bilan sababchi variant o'rtasidagi bog'lanish farqlari bilan izohlanadi.

Ikkinchidan, markerga asoslangan seleksiya bilan genomik seleksiyani farqlash muhim. Yirik ta'sirga ega ayrim genetik variantlar bo'yicha markerlar alohida foyda berishi mumkin. Lekin sut miqdori yoki o'sish sur'ati kabi murakkab belgilar ko'plab genetik omillar bilan belgilangani sababli genom bo'ylab keng qamrovli baholash ko'pincha maqsadga muvofiq bo'ladi [1; 2].

Uchinchidan, genetik prognozlash aniqligini baholashda modelni ishlab chiqishda foydalanilgan ma'lumotlar bilan tekshirish ma'lumotlarini ajratish zarur.



Agar model bir xil qarindosh guruhdagi hayvonlar ma'lumotlariga haddan tashqari moslashib qolsa, yangi avlodlarda kutilgan natijani bermasligi mumkin. Shu sababli mustaqil tekshirish, keyingi avlodlarda baholash va imkon qadar turli xo'jaliklar ma'lumotlarida sinovdan o'tkazish seleksiya dasturining ishonchliligini oshiradi.

O'zbekiston sharoitida ushbu yondashuvni rivojlantirish uchun mahalliy qoramol zotlari va xo'jaliklarida tizimli ma'lumotlar to'plash muhim. Bunda genotiplar bilan bir qatorda sut miqdori, sut tarkibi, tirik vazn, o'sish sur'ati, reproduktiv ko'rsatkichlar, oziqlantirish sharoiti va kasallanish holatlarini qayd etish zarur. Mahalliy referens populyatsiya asosida ishlab chiqilgan model tashqi populyatsiyalarda yaratilgan modelga qaraganda maqsadli hayvonlar guruhiga mosroq natija berishi mumkin, ammo bu ustunlik alohida tekshirilishi lozim.

Shuningdek, markerga asoslangan seleksiyaning iqtisodiy samaradorligi alohida baholanishi kerak. Genotiplash xarajatlari, laboratoriya infratuzilmasi, ma'lumotlarni boshqarish, mutaxassislar tayyorlash va kutilayotgan genetik yutuq birgalikda ko'rib chiqilgandagina texnologiyaning xo'jalik uchun amaliy qiymatini aniqlash mumkin.

Demak, markerlarga asoslangan seleksiya mahsuldorlikni oshirishning mustaqil va kafolatlangan vositasi emas. U ishonchli genetik ma'lumotlar, to'g'ri tanlangan statistik usullar, fenotipik nazorat va uzoq muddatli seleksiya maqsadlari bilan uyg'unlashtirilganda eng katta amaliy ahamiyatga ega bo'ladi.

Xulosa

Qoramollarda mahsuldorlikni oshirishga yo'naltirilgan markerlarga asoslangan seleksiya molekulyar genetika, miqdoriy genetika va zamonaviy statistik tahlil usullarining integratsiyasiga tayanadi. DNK markerlari va QTL ma'lumotlari xo'jalik uchun muhim belgilar bilan bog'liq genetik variantlarni aniqlash, naslchilik hayvonlarini erta tanlash va seleksiya qarorlarini ilmiy asoslash imkonini beradi.

Ilmiy adabiyotlar tahlili sut mahsuldorligi ko'plab genetik hududlar ta'sirida shakllanishini hamda genomik prognozlash samaradorligi tanlangan statistik modelga bog'liqligini ko'rsatadi. Shu bilan birga, ayrim markerlar bilan belgilar



o'rtasidagi bog'liqlik boshqa populyatsiyalarda o'zgarishi mumkin. Shu sababli markerlarning amaliy qiymati mahalliy sharoitda tekshirilishi va real mahsuldorlik ko'rsatkichlari bilan tasdiqlanishi lozim.

Tadqiqot asosida quyidagi tavsiyalar ishlab chiqildi:

1. Mahalliy qoramol zotlari bo'yicha genotip va fenotip ma'lumotlarini birlashtiruvchi ishonchli ma'lumotlar bazasini yaratish.
2. Sut miqdori bilan bir qatorda yog' va oqsil miqdori, reproduktiv xususiyatlar, sog'liq va mahsuldor foydalanish muddatini ham seleksiya maqsadlariga kiritish.
3. Yirik ta'sirli genetik variantlar uchun markerga asoslangan seleksiyani, murakkab poligen belgilar uchun esa genomik baholash usullarini maqsadga muvofiq uyg'unlashtirish.
4. Genetik prognozlarni mustaqil hayvonlar guruhida va keyingi avlodlarda tekshirish.
5. Yuqori mahsuldorlik bilan bir qatorda genetik xilma-xillikni saqlash va qarindosh juftlashtirish xavfini kamaytirishga e'tibor qaratish.
6. Genotiplash va seleksiya xarajatlarini kutilayotgan genetik yutuq bilan taqqoslab, texnologiyaning iqtisodiy samaradorligini aniqlash.

Yakuniy xulosa shuki, markerlarga asoslangan seleksiyaning haqiqiy qiymati genetik variantlarni aniqlashning o'zidagina emas, balki ularni to'g'ri talqin qilish, populyatsiyaga mos prognozlash va xo'jalik sharoitida natijalarni muntazam tekshirishda namoyon bo'ladi. Ushbu talablar bajarilganda markerlar qoramolchilikda mahsuldorlikni izchil oshirish va naslchilik ishlarini zamonaviy ilmiy asosda tashkil etishga xizmat qiladi.

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. Georges, M., Nielsen, D., Mackinnon, M., Mishra, A., Okimoto, R., Pasquino, A. T., Sargeant, L. S., Sorensen, A., Steele, M. R., Zhao, X., Womack, J. E., & Hoeschele, I. (1995). Mapping quantitative trait loci controlling milk production in dairy cattle by exploiting progeny testing. *Genetics*, 139(2), 907–920. <https://doi.org/10.1093/genetics/139.2.907>
4. 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>
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. Hayes, B., & Goddard, M. E. (2001). The distribution of the effects of genes affecting quantitative traits in livestock. *Genetics Selection Evolution*, 33, 209–229. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-3-209>
7. Wiggans, G. R., VanRaden, P. M., & Cooper, T. A. (2011). The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *Journal of Dairy Science*, 94(6), 3202–3211. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3866>