

UO'K: 635.63:631.527:577.2

ISSIQXONA SHAROITIDA YETISHTIRISHGA MOSLASHGAN BODRING DURAGAYLARINI YARATISHDA GENOMIK SELEKSIYA (GENOMIC SELECTION, GS)NING AHAMIYATI VA AFZALLIKLARI**Esonov Sadridin Olimovich** 

SPE va KITI Andijon ITS direktori

Kamilov Murodjon Muqumjonovich 

q.x.f.f.d

Abdullayev Ismoiljon Ibraximjonovich 

q.x.f.f.d., dotsent

Rahmonov Shuxratbek Husanboyevich 

q.x.f.f.d.

Annotatsiya. Maqplada issiqxona sharoitida yetishtirishga moslashgan bodring (*Cucumis sativus* L.) F1 duragaylarini yaratishda genomik seleksiya (GS) texnologiyasining ilmiy-metodik asoslari, afzalliklari va amaliy tatbiq imkoniyatlari tahlil qilingan. An'anaviy fenotipik saralash hamda markerga asoslangan seleksiya (MAS) bilan qiyosiy tahlil asosida GS usulining miqdoriy (poligenli) belgilar — hosildorlik, partenokarpiya, meva sifati, kasalliklarga va abiotik stresslarga chidamlilik bo'yicha bashorat aniqligini oshirishdagi ustunligi ko'rsatilgan. O'rgatuvchi populyatsiya hajmi, marker zichligi va belgi irsiylanish darajasining genomik bashorat aniqligiga ta'siri baholangan. GS texnologiyasini Andijon ilmiy-tajriba stansiyasining issiqxona bodringi seleksiya dasturiga joriy etish seleksiya siklini qisqartirish va genetik yutuqni tezlashtirish imkonini berishi asoslangan.

Kalit so'zlar: *bodring, Cucumis sativus, genomik seleksiya, GEBV, markerga asoslangan seleksiya, F1 duragay, partenokarpiya, ginoitsiylik, issiqxona, miqdoriy belgilar, bashorat aniqligi.*

Аннотация. В статье проанализированы научно-методические основы, преимущества и возможности практического применения технологии геномной селекции (ГС) при создании Ф1 гибридов огурца (*Cucumis sativus* Л.), адаптированных к выращиванию в тепличных условиях. На основе сравнительного анализа с традиционным фенотипическим отбором и маркер-ориентированной селекцией (МАС) показано преимущество метода ГС в повышении точности прогнозирования по количественным (полигенным) признакам — урожайности, партенокарпии, качеству плодов, устойчивости к болезням и абиотическим стрессам. Оценено влияние объёма обучающей популяции, плотности маркеров и уровня наследуемости признака на точность геномного прогнозирования. Обосновано, что внедрение технологии ГС в селекционную программу по тепличному огурцу Андижанской научно-опытной станции позволит сократить селекционный цикл и ускорит генетический прогресс.

Ключевые слова: *огурец, Cucumis sativus, геномная селекция, ГЕБВ, маркер-ориентированная селекция, Ф1 гибрид, партенокарпия, гиноцийность, теплица, количественные признаки, точность прогнозирования.*

Abstract. The article analyses the scientific and methodological foundations, advantages and practical implementation potential of genomic selection (GS) technology for the development of greenhouse-adapted F1 cucumber (*Cucumis sativus* L.) hybrids. Through a comparative assessment with conventional phenotypic selection and marker-assisted selection (MAS), the superiority of GS in improving prediction accuracy for quantitative (polygenic) traits — yield, parthenocarpy, fruit quality, disease and abiotic-stress tolerance — is demonstrated. The effects of training-population size, marker density and trait heritability on genomic prediction accuracy are evaluated. It is substantiated that integrating GS into the greenhouse cucumber breeding programme of the Andijan Scientific-Experimental Station will shorten the breeding cycle and accelerate genetic gain.

Keywords: *cucumber, Cucumis sativus, genomic selection, GEBV, marker-assisted selection, F1 hybrid, parthenocarpy, gynoecey, greenhouse, quantitative traits, prediction accuracy.*

Kirish. Bodring (*Cucumis sativus* L., $2n = 2x = 14$) — dunyo bo'yicha keng tarqalgan, iqtisodiy ahamiyati yuqori bo'lgan sabzavot ekini bo'lib, ayniqsa himoyalangan grunt (issiqxona) sharoitida yetishtiriladigan asosiy ekinlardan hisoblanadi. Himoyalangan maydonlarning jadal kengayishi va yil davomida barqaror hosil olishga bo'lgan talabning ortishi issiqxona sharoitiga maxsus moslashgan yangi duragaylarga ehtiyojni kuchaytirmoqda. Bunday duragaylar oldiga qator o'ziga xos talablar qo'yiladi: partenokarpik (urug'lanishsiz) meva tugish, ginotsiyli (ayol gulli) jins ifodasi, yuqori va barqaror hosildorlik, tijoriy meva sifati, zamburug'li va virusli kasalliklarga chidamlilik hamda past yorug'lik, harorat tebranishlari va tuproq sho'rlanishi kabi abiotik stress omillariga moslashuvchanlik.

An'anaviy fenotipik saralashga asoslangan seleksiya ushbu murakkab belgilar majmuini bir vaqtda yaxshilashda sezilarli cheklavlarga duch keladi. Miqdoriy (poligenli) belgilar ko'p sonli, kichik ta'sirli genlar tomonidan boshqarilib, atrof-muhit ta'siriga kuchli bog'liq bo'ladi. Natijada fenotip bo'yicha saralash ko'p yillik takroriy sinovlarni talab etadi, samaradorligi past va seleksiya sikli uzoq davom etadi. Markerga asoslangan seleksiya (marker-assisted selection, MAS) ayrim asosiy lokuslarni (QTL) tegishli markerlar orqali tanlash imkonini bersa-da, ko'plab kichik ta'sirli genlar boshqaradigan miqdoriy belgilar uchun uning samaradorligi cheklangan bo'lib qoladi.

Ushbu muammoni hal etishda genomik seleksiya (genomic selection, GS) istiqbolli yondashuv sifatida shakllandi. Yevropa olimi Meuwissen va hamkasblari (2001) tomonidan taklif etilgan ushbu usul genom bo'ylab joylashgan zich markerlar (SNP) majmuidan foydalanib, har bir nomzod liniyaning umumiy genomik seleksiya qiymati — GEBV (genomic estimated breeding value)ni bashorat qilishga asoslanadi [1]. GS usuli ayrim markerlarning statistik ahamiyatligini aniqlashni talab etmaydi, ya'ni u genomdagi barcha markerlarni bir vaqtda hisobga oladi va shu tariqa kichik ta'sirli genlarning umumiy hissasini ham qamrab oladi. Bu esa miqdoriy belgilar bo'yicha bashorat aniqligini sezilarli darajada oshiradi [2, 4].

Bodring genomining to'liq sekvensiyalanishi (Huang va boshq., 2009) va zich SNP-marker resurslarining yaratilishi ushbu ekinda genomik seleksiyani amalda qo'llash uchun mustahkam asos yaratdi [5]. Ushbu maqolaning maqsadi — issiqxona sharoitiga moslashgan bodring F1 duragaylarini yaratishda genomik seleksiyaning ilmiy-metodik asoslari, an'anaviy usullar va MAS bilan qiyosiy afzalliklari hamda Sabzavot, poliz ekinlari va kartoshkachilik ilmiy-tadqiqot instituti Andijon ilmiy-tajriba stansiyasi seleksiya dasturida uni joriy etish imkoniyatlarini tahlil qilishdan iborat.

Tadqiqot materiallari va usullari. Tadqiqot ob'ekti sifatida Sabzavot, poliz ekinlari va kartoshkachilik ilmiy-tadqiqot instituti Andijon ilmiy-tajriba stansiyasining issiqxona bodringi seleksiya dasturidagi ginotsiyli va partenokarpik boshlang'ich liniyalar hamda duragay kombinatsiyalari olingan. Ishda genomik seleksiyaning metodologik tamoyillari, statistik modullari va bashorat aniqligiga ta'sir etuvchi omillar ilmiy adabiyotlar tahlili va seleksiya dasturi amaliyoti asosida qiyosiy-tahliliy usulda o'rganildi.

Genomik seleksiya ish jarayoni quyidagi asosiy bosqichlarni o'z ichiga oladi (1-rasm):

- (1) o'rgatuvchi populyatsiyani (training population) shakllantirish — fenotipik va genotipik ma'lumotlarga ega liniyalar to'plami;
- (2) yuqori zichlikdagi SNP-markerlar bilan genotiplash;
- (3) maqsadli belgilarni aniq fenotiplash (hosildorlik, meva parametrlari, chidamlilik);
- (4) genotip-fenotip bog'lanishi asosida bashorat modelini o'rgatish va kross-validatsiya orqali baholash;
- (5) fenotiplanmagan nomzod liniyalar uchun GEBV bashorat qilish va ular asosida erta saralashni amalga oshirish.

Genomik bashorat uchun bir nechta statistik modellar qo'llaniladi. GBLUP (genomic best linear unbiased prediction) va RR-BLUP (ridge regression BLUP) usullari barcha markerlar ta'sirini umumiy dispersiya orqali baholaydi va poligenli belgilarga mos keladi [3, 7]. Bayes oilasidagi modellar (BayesA, BayesB, Bayesian LASSO) esa markerlarga turli dispersiya tayinlab, yirik ta'sirli QTL larni hisobga olishda samarali [6]. Keyingi yillarda noxiziqli bog'lanishlar va epistazni modellashirishda mashinali va chuqur o'rganish (machine/deep learning) usullari ham qo'llanilmoqda. Bashorat aniqligi (r) odatda o'rgatuvchi va test to'plamlari o'rtasidagi kross-validatsiya asosida, bashorat qilingan GEBV hamda kuzatilgan fenotip o'rtasidagi Pirson korrelyatsiya koeffitsienti orqali baholanadi.

Natijalar va ularning tahlili

Genomik seleksiya va markerga asoslangan seleksiyaning qiyosiy tahlili. Genomik seleksiyaning MAS dan asosiy farqi — u bir yoki bir

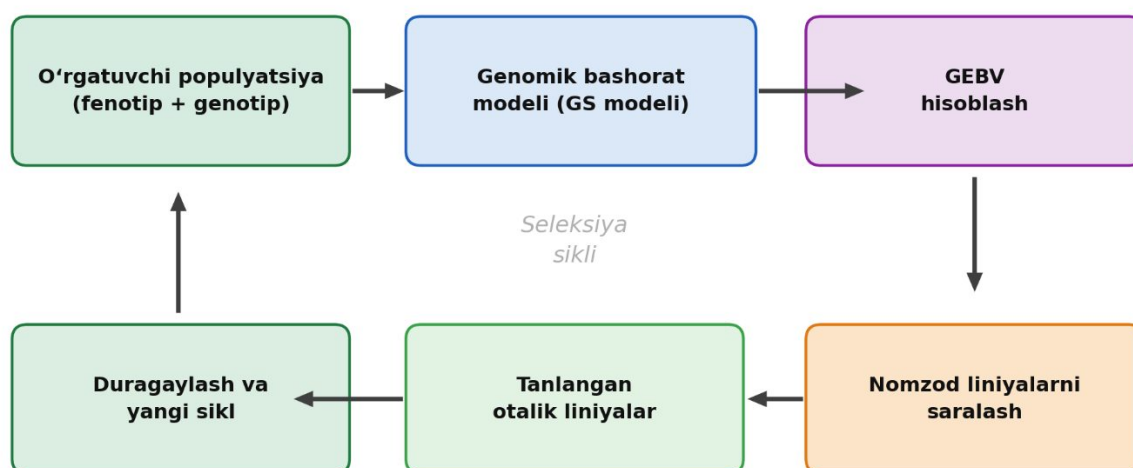
nechta asosiy lokusga emas, balki butun genomga tayanishidir. MAS monogenli yoki oligogenli belgilarda (masalan, ayrim kasalliklarga chidamlilik genlari) samarali bo'lsa-da, ko'p sonli kichik ta'sirli genlar boshqaradigan miqdoriy belgilarda uning quvvati keskin pasayadi. GS esa markerlarning umumiy hissasini qamrab olgani sababli aynan shunday belgilarda ustun turadi. Ushbu prinsipial farqlar 1-jadvalda keltirilgan.

1-jadval

Markerga asoslangan seleksiya (MAS) va genomik seleksiya (GS)ning qiyosiy tavsifi

Qiyosiy mezon	MAS	GS
Markerlar soni	Kam sonli (asosiy QTL lar)	Genom bo'ylab zich (minglab SNP)
Belgi tabiati	Asosan monogenli/oligogenli	Poligenli, miqdoriy belgilar
Kichik ta'sirli genlar	Hisobga olinmaydi	Hisobga olinadi
Bashorat ob'ekti	Ayrim lokuslar	Umumiy qiymat (GEBV)
QTL aniqlash zarurati	Zarur	Zarur emas
Miqdoriy belgida samara	Past	Yuqori
Siklni tezlashtirish	Cheklangan	Yuqori (erta saralash)

1-rasmda keltirilgan sikl shuni ko'rsatadiki, GS da saralash nomzod liniyalari fenotip bo'yicha to'liq sinovdan o'tishidan oldin, faqat genotip asosida amalga oshirilishi mumkin. Bu — seleksiya sikli davomiyligini qisqartirishning asosiy manbaidir.



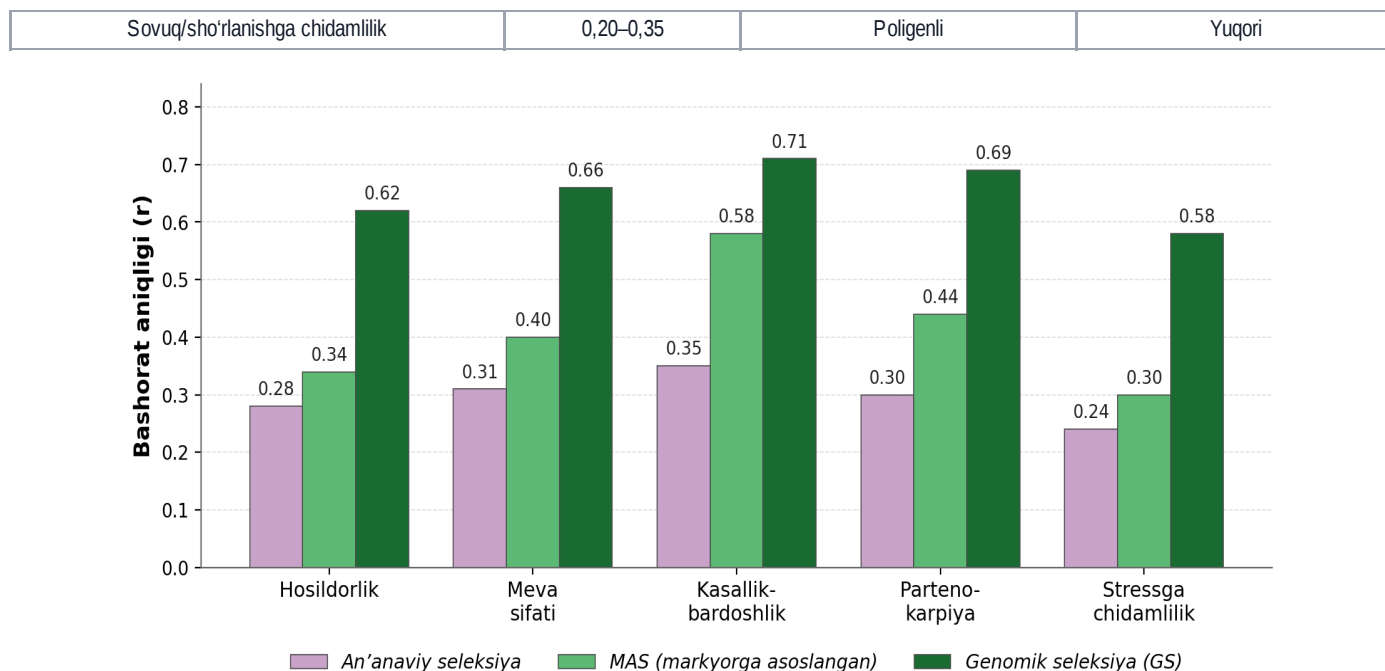
1-rasm. Genomik seleksiya ish siklining umumiy sxemasi

Issiqxona bodringi uchun maqsadli belgilar va ularning GS uchun mosligi. Issiqxona bodringi seleksiyasida maqsadli belgilar genetik arxitektura va irsiylanish darajasi (h^2) bo'yicha farqlanadi. Yuqori irsiylanuvchi, oligogenli belgilar (masalan, un-shudringga chidamlilik) MAS bilan ham muvaffaqiyatli tanlanishi mumkin. Ammo past-o'rta irsiylanuvchi, poligenli belgilar (umumiy hosildorlik, past yorug'likka va abiotik stressga moslashuv) aynan GS usulidan eng ko'p foyda ko'radi. Maqsadli belgilarning tavsifi 2-jadvalda keltirilgan.

2-jadval

Issiqxona bodringi seleksiyasidagi maqsadli belgilar va ularning GS uchun mosligi

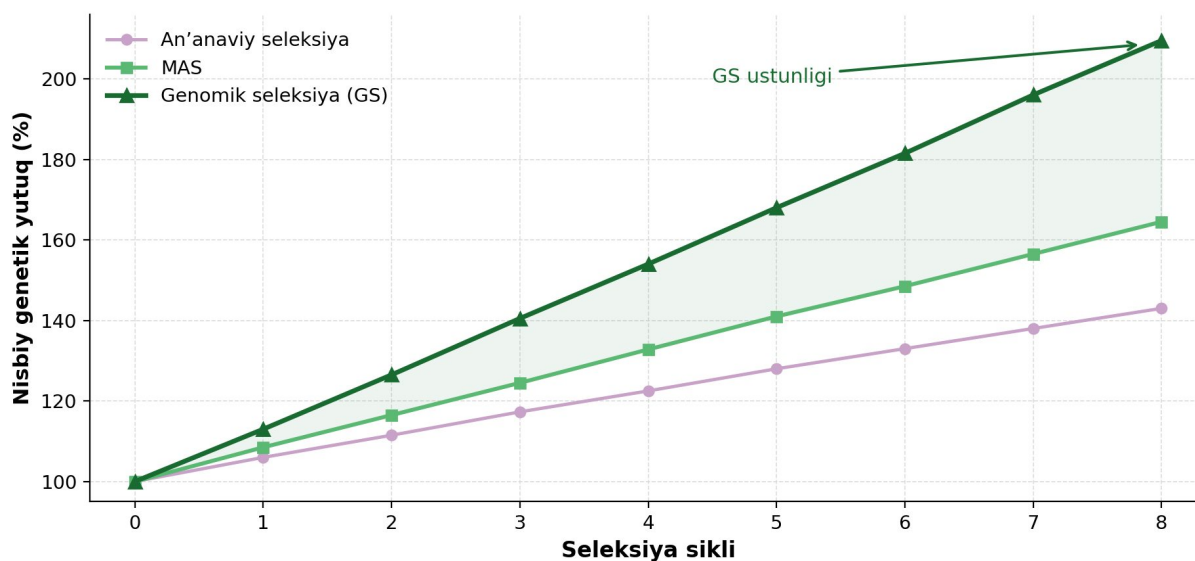
Maqsadli belgi	h^2 (taxminiy)	Genetik arxitektura	GS uchun moslik
Partenokarpiya	0,55–0,70	Oligogenli–poligenli	Yuqori
Ginotsiyli jins ifodasi	0,60–0,75	Asosan oligogenli	O'rta–yuqori
Umumiy hosildorlik	0,25–0,40	Poligenli	Yuqori
Meva uzunligi va shakli	0,45–0,65	Oligogenli–poligenli	Yuqori
Un-shudringga chidamlilik	0,50–0,70	Oligogenli	Yuqori
Soxta un-shudringga chidamlilik	0,35–0,55	Poligenli	Yuqori
Past yorug'likka moslashuv	0,20–0,35	Poligenli	Yuqori



2-rasm. Seleksiya belgilari bo'yicha bashorat aniqligini usullar kesimida solishtirish

2-rasm ma'lumotlaridan ko'rinadiki, barcha maqsadli belgilarda genomik seleksiyaning bashorat aniqligi (r) an'anaviy fenotipik saralash va MAS usullariga nisbatan yuqori. Ayniqsa past irsiylanuvchi, poligenli belgilarda (hosildorlik, stressga chidamlilik) farq eng sezilarli: bu belgilarda MAS deyarli samara bermas ekan, GS esa amaliy ahamiyatli aniqlikka erishadi.

Seleksiya sikllari bo'yicha genetik yutuq dinamikasi. Seleksiya samaradorligining muhim ko'rsatkichi — vaqt birligidagi genetik yutuqdir. GS da erta saralash imkoniyati va sikl davomiyligining qisqarishi to'planadigan genetik yutuqni tezlashtiradi. 3-rasmda uchta usul bo'yicha seleksiya sikllari davomida to'plangan nisbiy genetik yutuq dinamikasi ko'rsatilgan. Ko'rinib turibdiki, dastlabki sikllardan boshlab GS usuli an'anaviy seleksiya va MAS dan yuqori genetik yutuq ta'minlaydi va bu ustunlik sikllar ortishi bilan ortib boradi. Bu natija GS ni uzoq muddatli seleksiya dasturlari uchun strategik jihatdan afzal usul sifatida ko'rsatadi.



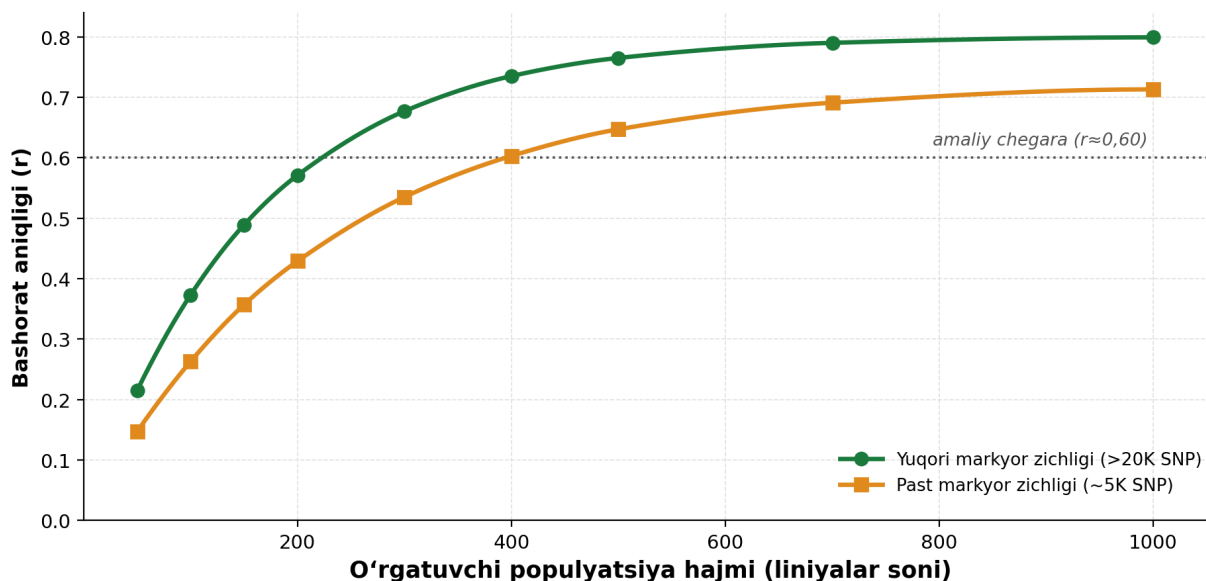
3-rasm. Seleksiya sikllari bo'yicha to'plangan nisbiy genetik yutuq dinamikasi

Bashorat modellari va bashorat aniqligiga ta'sir etuvchi omillar. Genomik bashorat aniqligi tanlangan statistik modelga ham bog'liq. Har bir model ma'lum genetik arxitekturaga mos keladi. Asosiy modellarning qiyosiy tavsifi 3-jadvalda keltirilgan.

Genomik bashoratning asosiy statistik modellari

Model	Asosiy tamoyil	Afzalligi	Cheklanishi
GBLUP / RR-BLUP	Barcha markerlarga umumiy dispersiya	Barqaror, tez, poligenli belgilarga mos	Yirik QTL ni kamroq ajratadi
BayesA / BayesB	Markerlarga turli dispersiya	Yirik QTL li belgilarga samarali	Hisoblash talabi yuqori
Bayesian LASSO	Marker ta'sirini siqish	Oraliq arxitekturaga mos	Sozlashga sezgir
Mashinali o'rganish	Nochiziqli bog'lanishlar	Epistaz va murakkab ta'sirlar	Katta ma'lumot talab qiladi

Modeldan tashqari, bashorat aniqligiga ta'sir etuvchi eng muhim omillardan biri — o'rgatuvchi populyatsiya hajmi hamda marker zichligidir. 4-rasmda bu omillarning ta'siri aks ettirilgan.

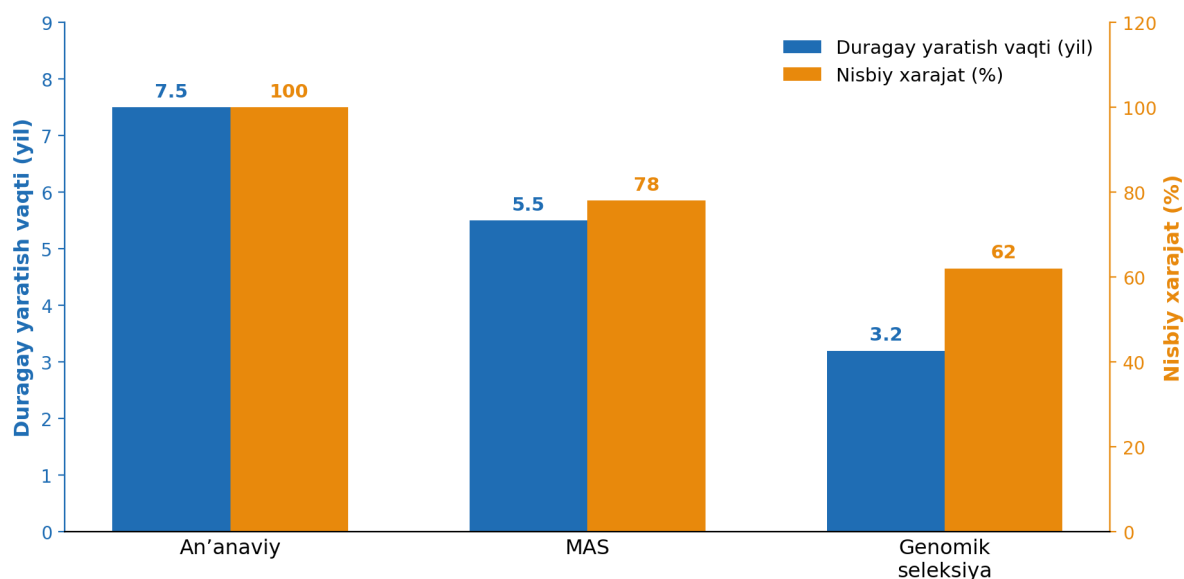


4-rasm. O'rgatuvchi populyatsiya hajmi va marker zichligining bashorat aniqligiga ta'siri

4-rasmdan ko'rinadiki, o'rgatuvchi populyatsiya hajmi ortgan sari bashorat aniqligi oshadi, ammo ma'lum chegaradan keyin o'sish sekinlashadi (to'yinish egrisi). Yuqori marker zichligi (>20 ming SNP) past zichlikka nisbatan barqaror yuqori aniqlik ta'minlaydi. Amaliy nuqtai nazardan, ishonchli bashorat uchun o'rgatuvchi populyatsiya ko'pincha kamida 200–300 liniyadan iborat bo'lishi va o'rgatuvchi hamda nomzod to'plamlar genetik jihatdan yaqin bo'lishi maqsadga muvofiq.

Vaqt va xarajat samaradorligi hamda amaliy tatbiq. Seleksiya usulini tanlashda uning vaqt va iqtisodiy samaradorligi hal qiluvchi ahamiyatga ega. 5-rasmda uchta usul bo'yicha duragay yaratish vaqti va nisbiy xarajat solishtirilgan.

Genomik seleksiya dastlab genotiplash xarajatlarini talab etsa-da, erta saralash va sikl davomiyligining qisqarishi hisobiga duragay yaratish umumiy vaqtini va takroriy dala sinovlari xarajatlarini sezilarli darajada kamaytiradi. Genotiplash narxining yildan-yilga pasayib borishi GS ni o'rta va yirik seleksiya dasturlari uchun iqtisodiy jihatdan tobora qulay usulga aylantirmoqda.



5-rasm. Seleksiya usullarining vaqt va nisbiy xarajat samaradorligi

Andijon ilmiy-tajriba stansiyasi sharoitida GS texnologiyasini bosqichma-bosqich joriy etish quyidagi imkoniyatlarni ochadi: ginotsiyli va partenokarpik boshlang'ich liniyalari bazasida o'rgatuvchi populyatsiya shakllantirish; issiqxonaga moslashuv belgilari (past yorug'lik, harorat stressi, kasalliklar) bo'yicha GEBV asosida erta saralashni tashkil etish; hamda istiqbolli F1 kombinatsiyalarni oldindan bashorat qilish orqali dala sinovlari hajmini optimallashtirish. Bu yondashuv stansiyaning mahalliy sharoitga moslashgan, raqobatbardosh issiqxona bodringi duragaylarini yaratish salohiyatini sezilarli darajada oshiradi [8].

Xulosa. O'tkazilgan tahlil natijalari asosida quyidagi xulosalarga kelindi:

1. Genomik seleksiya butun genomga tayangan holda kichik ta'sirli genlarni ham qamrab olgani sababli, miqdoriy (poligenli) belgilar bo'yicha an'anaviy fenotipik saralash va MAS dan ustun bashorat aniqligini ta'minlaydi.
2. Issiqxona bodringi uchun muhim bo'lgan hosildorlik, past yorug'likka va abiotik stressga moslashuv kabi past-o'rta irsiylanuvchi belgilarda GS ning afzalligi eng sezilarli namoyon bo'ladi.
3. Erta saralash va seleksiya sikli davomiyligining qisqarishi GS da genetik yutuqni tezlashtiradi va uzoq muddatda bu ustunlik ortib boradi.
4. Bashorat aniqligi o'rgatuvchi populyatsiya hajmi, marker zichligi, belgi irsiylanishi va tanlangan statistik modelga bog'liq; ishonchli natija uchun yetarli hajmdagi va genetik jihatdan yaqin o'rgatuvchi populyatsiya zarur.
5. Genomik seleksiyani Andijon ilmiy-tajriba stansiyasining issiqxona bodringi seleksiya dasturiga joriy etish mahalliy sharoitga moslashgan, raqobatbardosh F1 duragaylarini yaratish jarayonini tezlashtirish va samaradorligini oshirish uchun istiqbolli yo'nalish hisoblanadi.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps // *Genetics*. – 2001. – Vol. 157, № 4. – P. 1819–1829.
2. Heffner E.L., Sorrells M.E., Jannink J.-L. Genomic selection for crop improvement // *Crop Science*. – 2009. – Vol. 49, № 1. – P. 1–12.
3. VanRaden P.M. Efficient methods to compute genomic predictions // *Journal of Dairy Science*. – 2008. – Vol. 91, № 11. – P. 4414–4423.
4. Crossa J., Pérez-Rodríguez P., Cuevas J. et al. Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives // *Trends in Plant Science*. – 2017. – Vol. 22, № 11. – P. 961–975.
5. Huang S., Li R., Zhang Z. et al. The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. // *Nature Genetics*. – 2009. – Vol. 41, № 12. – P. 1275–1281.

6. Desta Z.A., Ortiz R. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement // Trends in Plant Science. – 2014. – Vol. 19, № 9. – P. 592–601.
7. de los Campos G., Hickey J.M., Pong-Wong R. et al. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding // Genetics. – 2013. – Vol. 193, № 2. – P. 327–345.
8. Jannink J.-L., Lorenz A.J., Iwata H. Genomic selection in plant breeding: from theory to practice // Briefings in Functional Genomics. – 2010. – Vol. 9, № 2. – P. 166–177.