



<https://doi.org/10.70728/a.series.tab.v08.i09.004>

O‘RTA TOLALI G‘O‘ZADA SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIK, GENETIK XILMA-XILLIK VA SSR MARKER–BELGI ASSOTSIATSIYALARI

Aliqulov Muhammad

*O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi
Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti,
Yuqori-Yuz ko‘chasi, 266-uy, Qibray tumani,
Toshkent viloyati, 111208, O‘zbekiston
E-mail: aliqulovmuhammad5@gmail.com*

Shavqiyev Jaloliddin

*O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi
Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti,
Yuqori-Yuz ko‘chasi, 266-uy, Qibray tumani,
Toshkent viloyati, 111208, O‘zbekiston
E-mail: jaloliddinshavkiev1992@gmail.com*

Abdurasulov Farhod

*O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi
Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti,
Yuqori-Yuz ko‘chasi, 266-uy, Qibray tumani,
Toshkent viloyati, 111208, O‘zbekiston
E-mail: farhod.abdurasulov19944894@gmail.com*

Azimov Abdulahat

*O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi
Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti,
Yuqori-Yuz ko‘chasi, 266-uy,
Qibray tumani, Toshkent viloyati, 111208, O‘zbekiston
E-mail: azimov.abdulahat@bk.ru*

Annotatsiya. Tadqiqotda 17 ta o‘rta tolali g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) genotipi sho‘rlanmagan, o‘rtacha (0,3–0,6%) va kuchli (0,6–0,9%) sho‘rlangan dala sharoitlarida fenotipik hamda 20 ta SSR lokusi asosida molekulyar baholandi. Genotip, sho‘rlanish darajasi va ularning o‘zaro ta’siri barcha o‘rganilgan agrobiologik va tola sifat belgilariga sezilarli ta’sir ko‘rsatdi ($P < 0,001$). Kuchli sho‘rlanishda o‘simlik bo‘yi 77,26 sm dan 49,04 sm gacha, ko‘sak og‘irligi 5,28 g dan 3,88 g gacha, chigitli paxta hosildorligi esa 26,74 dan 8,72 g o‘simlik⁻¹ gacha kamaydi. Orzu, Mehnat, T-1090 va T-2000 genotiplari hosildorlikni, T-1001, L-217 va T-1024 esa ayrim tola sifat ko‘rsatkichlarini nisbatan barqaror saqladi.

SSR tahlilida 53 ta allel aniqlandi; lokuslarning 95% i polimorf bo‘lib, o‘rtacha He 0,488 va PIC 0,436 ni tashkil etdi. Genotiplar uchta genetik guruhga ajraldi, AMOVA bo‘yicha variatsiyaning 42% i guruhlar o‘rtasida va 58% i guruhlar ichida kuzatildi. NAU3588, BNL3545, BNL1421, NAU5434 va TMB1295 lokuslarida qulay, JESPR65 lokusida esa SFI bilan bog‘liq noqulay nomzod allel–belgi assotsiatsiyasi aniqlandi. Ushbu assotsiatsiyalarni seleksiyada qo‘llashdan oldin yirik va mustaqil populyatsiyalarda validatsiya qilish zarur.

Kalit so‘zlar: g‘o‘za genofondi; sho‘rlanishga chidamlilik; SSR markerlari; genetik xilma-xillik; populyatsion tuzilish; marker–belgi assotsiatsiyasi; tola sifati; markerlarga asoslangan seleksiya.

Abstract. In this study, 17 upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes were evaluated phenotypically under non-saline, moderately saline (0.3–0.6% total soluble salts), and highly saline (0.6–0.9%) field conditions and molecularly using 20 SSR loci. Genotype, salinity level, and their interaction significantly affected all the investigated agronomic and fiber-quality traits ($P < 0.001$). Under severe salinity, mean plant height decreased from 77.26 to 49.04 cm, boll weight from 5.28 to 3.88 g, and seed cotton yield from 26.74 to 8.72 g plant⁻¹. The Orzu, Mehnat, T-1090, and T-2000 genotypes maintained relatively high yield, whereas T-1001, L-217, and T-1024 showed greater stability for selected fiber-quality traits. SSR analysis detected 53 alleles, with 95% of the loci being polymorphic. Mean expected heterozygosity (He) and polymorphism information content (PIC) were 0.488 and 0.436, respectively. The genotypes were classified into three major genetic groups. AMOVA revealed that 42% of the total genetic variation occurred among groups and 58% within groups. Favorable candidate marker–trait associations were detected at the NAU3588, BNL3545, BNL1421, NAU5434, and TMB1295 loci, whereas an unfavorable allele at JESPR65 was associated with an increased short fiber index (SFI). These candidate associations require validation in larger, independent populations before their application in marker-assisted breeding.

Keywords: cotton germplasm; salinity tolerance; SSR markers; genetic diversity; population structure; marker–trait association; fiber quality; marker-assisted selection.

KIRISH. O‘rta tolali g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) yuqori hosildorligi va turli agroekologik sharoitlarga keng moslashuvchanligi tufayli dunyo miqyosida yetishtiriladigan g‘o‘zaning asosiy qismini tashkil etadi. Biroq O‘zbekiston va Markaziy Osiyoning boshqa sug‘oriladigan hududlarida tuproq sho‘rlanishi g‘o‘zaning unib chiqishi, dastlabki rivojlanishi, vegetativ o‘sishi, ko‘sak shakllanishi, hosildorligi va tolaning texnologik sifat ko‘rsatkichlarini cheklovchi asosiy abiotik omillardan biridir. Sho‘rlanish ta’sirida yuzaga keladigan osmotik stress, ionlar toksikligi, mineral oziqlanish muvozanatining buzilishi va oksidlovchi stress fotosintetik jarayonlar hamda assimilyatlarning reproduktiv organlarga taqsimlanishiga salbiy ta’sir ko‘rsatadi. G‘o‘za sho‘rlanishga nisbatan o‘rtacha chidamli ekin hisoblansa-da, uning javob reaksiyasi navlar va seleksiya liniyalari o‘rtasida sezilarli darajada farqlanadi. Bunday genotipik o‘zgaruvchanlik sho‘rlanishga chidamli boshlang‘ich materiallarni aniqlash va seleksiya jarayonida foydalanish imkonini beradi (Sikder et al., 2020; Chaudhary et al., 2024).

Tabiiy sho‘rlangan dala sharoitida genotiplarni fenotipik baholash mahalliy muhitga moslashgan donorlarni aniqlashda muhim ahamiyatga ega. Biroq fenotipik tanlash samaradorligi muhit omillari va genotip $\times$ muhit o‘zaro ta’siri tufayli cheklanishi mumkin. Shu sababli fenotipik baholashni molekulyar markerlar asosidagi tahlillar bilan birlashtirish seleksiya materiallarini yanada ishonchli tavsiflash imkonini beradi. SSR markerlari kodominantligi, ko‘p allelliligi, takrorlanuvchanligi va amaliy laboratoriya sharoitida qo‘llash qulayligi bilan genetik xilma-xillikni baholashda samarali vosita hisoblanadi. Ular genotiplar o‘rtasidagi genetik qarindoshlikni aniqlash, bir-birini takrorlovchi materiallarni ajratish, istiqbolli ota-ona shakllarini tanlash hamda seleksiya uchun nomzod allellarni aniqlash imkonini beradi (Abdurakhmonov et al., 2008; Kuang et al., 2022).

Genetik xilma-xillik, populyatsion tuzilish va marker–belgi assotsiatsiyalarini birgalikda o‘rganish genofondning seleksion qiymatini kompleks baholashga xizmat qiladi. Genetik xilma-xillik va populyatsion tuzilish tahlillari genotiplarning o‘zaro munosabatlari hamda genetik bazani kengaytirish uchun mos ota-ona shakllarini aniqlash imkonini bersa, assotsiatsiya tahlili muayyan allellarning foydali yoki noqulay fenotipik belgilar bilan bog‘liqligini ko‘rsatadi. Ushbu molekulyar ma’lumotlarni turli sho‘rlanish darajalarida olingan fenotipik natijalar bilan integratsiyalash sho‘rlanishga chidamli, yuqori hosildor va barqaror tola sifatiga ega genotiplarni tanlashning ilmiy asoslarini mustahkamlaydi.

Mazkur tadqiqotning maqsadi tabiiy tuproq sho‘rlanishi sharoitida o‘rta tolali g‘o‘za genotiplarining agrobiologik va tola sifati belgilarini baholash, 20 ta SSR lokusi asosida allelik xilma-xillik va populyatsion differensiallanishni tavsiflash, nomzod allel–belgi assotsiatsiyalarini aniqlash hamda sho‘rlanishga chidamli g‘o‘za navlarini yaratish uchun fenotipik jihatdan bir-birini to‘ldiruvchi va genetik jihatdan farqlangan ota-ona shakllarini tavsiya etishdan iborat.

ADABIYOTLAR TAHLILI VA METODOLOGIYA. Tadqiqot materiali sifatida O‘zbekiston g‘o‘za seleksiyasi dasturlariga mansub 17 ta o‘rta tolali g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) genotipi tanlandi: Yulduz-2, T-1001, T-1002, T-1003, T-1004, T-1005, T-1024, T-1050, T-1080, T-1090, T-2000, Orzu, Ishonch, Mehnat, L-217, L-218 va L-421.

Dala tajribalari 2024–2025-yillarda O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi institutining Toshkent viloyati Qibray tumanida joylashgan tajriba stansiyasida (41,389° sh.k.; 69,465° shq.u.) o‘tkazildi. Tajriba hududi yarim qurg‘oqchil kontinental iqlimga ega bo‘lib, tadqiqotlar sug‘oriladigan bo‘z tuproq sharoitida olib borildi.

Genotiplar tuproq sho‘rlanishining uch xil darajasida baholandi: sho‘rlanmagan nazorat, o‘rtacha sho‘rlangan (umumiy eruvchan tuzlar miqdori 0,3–0,6%) va kuchli sho‘rlangan (0,6–0,9%) sharoitlar. Har bir sho‘rlanish muhiti alohida tajriba sifatida tashkil etilib, genotiplar ikki takrorlanishli tasodifiy to‘liq bloklar dizayni asosida joylashtirildi.

Har bir tajriba paykali qator oralig‘i 60 sm bo‘lgan to‘rtta qatordan tashkil topdi. Qatordagi o‘simliklar orasidagi masofa 10–15 sm etib belgilandi. Hisobga olish va fenotipik baholash uchun har bir paykalning markaziy ikki qatoridan tasodifiy tanlangan 10 ta o‘simlikdan foydalanildi. Tanlangan o‘simliklar bo‘yicha olingan ko‘rsatkichlarning o‘rtacha qiymati tegishli paykalning tajriba birligi sifatida qabul qilindi.

Tajriba maydonidagi sho‘rlanish darajasini aniqlash uchun ekishdan oldin tuproqning 0–30 sm qatlamidan namunalar olindi. Har bir paykaldan olingan birlamchi namunalar birlashtirilib, umumiy eruvchan tuzlar miqdori bo‘yicha laboratoriya sharoitida tahlil qilindi. Ekinni sug‘orish, oziqlantirish, begona o‘tlar, kasallik va zararkunandalarga qarshi kurashish kabi barcha agrotexnik tadbirlar hudud uchun tavsiya etilgan amaliyotlar asosida bir xil tartibda amalga oshirildi.

O‘simlik bo‘yi fiziologik yetilish bosqichida o‘lchandi. Ko‘sak massasi har bir tajriba birligidan olingan 20 ta yetilgan ko‘sak asosida hisoblandi. Chigitli paxta hosildorligi namuna sifatida olingan o‘simliklardan hisobga olinib, g o‘simlik⁻¹ ko‘rinishida ifodalandi.

Tola namunalari 21 ± 1 °C harorat va $65 \pm 2\%$ nisbiy namlik sharoitida 24 soat davomida konditsionerlandi. Yuqori yarim o‘rtacha tola uzunligi (UHML, dyuym), tola pishiqligi (g teks⁻¹) va kalta tola indeksi (SFI, %) HVI 1000 tizimi (Uster Technologies, Shveytsariya) yordamida o‘lchandi.

Genom DNKsi har bir genotipning yosh va sog‘lom barg namunalaridan PureLink Genomic DNA Mini Kit to‘plami yordamida ishlab chiqaruvchi ko‘rsatmalariga muvofiq ajratib olindi. Ajratilgan DNKning konsentratsiyasi va tozalik darajasi NanoDrop 2000 spektrofotometrida baholandi, yaxlitligi esa agaroz gel elektroforezi orqali tekshirildi. Keyingi PCR tahlillari uchun sifat talablariga javob beradigan DNK namunalari tanlab olindi.

Genotiplarni molekulyar tavsiflash uchun g‘o‘zada ilgari sinovdan o‘tkazilgan va chop etilgan manbalarda keltirilgan 20 ta SSR lokusi tanlandi (Lacape et al., 2007; Abdurakhmonov et al., 2008). Har bir lokusga xos to‘g‘ri va teskari praymer juftliklaridan foydalanildi.

PCR reaksiyasi 20 µL yakuniy hajmda tayyorlandi. Reaksiya aralashmasi taxminan 50 ng genom DNKsi, 10 µL 2× PCR master-miks, har bir to‘g‘ri va teskari praymerdan 0,5 µM hamda yakuniy hajmni 20 µL ga yetkazish uchun nukleazalardan xoli suvdan tashkil topdi.

Amplifikatsiya dasturi 95 °C haroratda 5 daqiqalik dastlabki denaturatsiya bilan boshlandi. Keyin 94 °C da 30 soniya denaturatsiya, praymerga mos ravishda 55–60 °C da 30 soniya birikish va 72 °C da 45 soniya elongatsiyadan iborat 35 ta sikl bajarildi. Yakuniy elongatsiya 72 °C da 10 daqiqa davomida amalga oshirildi.

Amplifikatsiya mahsulotlari 3% li agaroz gel elektroforezi yordamida ajratildi va tegishli molekulyar o‘lcham markeri bilan taqqoslab baholandi. Aniq va takrorlanuvchan SSR fragmentlari allel sifatida qayd etildi. Molekulyar tahlillar uchun har bir allelning mavjudligi 1, mavjud emasligi esa 0 ko‘rinishida kodlanib, binar ma’lumotlar matritsasi shakllantirildi.

1-jadval.

17 ta o‘rta tolali g‘o‘za genotipida tekshirilgan 20 ta SSR lokusining praymer ketma-ketliklari.

Lokus	To‘g‘ri primer (5’–3’)	Teskari primer (5’–3’)
BNL1421	TGAAGATTTGGAGGCAATTG	GAAATCAAGCCTCAATTCGG
BNL1604	AGAGGGAGTAAAGATTTGGGG	TCCAGTTCTTTTTGCCTTGG
BNL1672	TGGATTTGTCCCTCTGTGTG	AACCAACTTTTCCAACACCG

Lokus	To‘g‘ri primer (5’–3’)	Teskari primer (5’–3’)
BNL2634	AACAACATTGAAAGTCGGGG	CCCAGCTGCTTATTGGTTTC
BNL3280	GCAGAACTGCCACTTGTTTG	AGAAAATGGGTTGTGCTTGG
BNL3545	AGTCAGTTTTTTGTAGCAATAT GC	AACCATTAATTCCCTATTTA ACCG
BNL4028	CTCGAATCACTGTTCCGACA	TTGTTGCGGATCATTGGATA
DPL0530	AGACTTACTTAAAGGCACCATT CG	GCAGACTCTTCTGGTGTAAC AGTG
HAU0058	CCGAAGCATATTATGGAAGC	TGGCAGTAACACAACAGAGC
JESPR65	CCACCCAATTTAAGAAGAAATT G	GGTTAGTTGTATTAGGGTTCG TTG
MUCS223	ACCTCCACTTTGTTTGTGGC	CACCTTGAATTTAGCACCCC
NAU2176	TGGCACTTGCTAAACCATAA	GGTTTGAGCAGAAGGGTATG
NAU2277	GAAGTAGCCACATGATGCAC	TTGTTGAGGCATTAGTTTGC
NAU3011	CCTTCACCATTGCTTACCT	CTCCGTTTCTATTCCCAAAA
NAU3377	TGCAAGGAATCAAGTTCACA	CTGATTGTACTTTGCGGGTA
NAU3588	CCCCATAGGGCATACTTCTA	GCCAACAAGAACAACAACA C
NAU5434	AAAAGAAGTTACGGCACAGG	AAATCACTGGCACTGGAATC
NAU6315	CACTCACAAAATGTCCCTCA	CGGTTGATTCAAGCCTTATC
STV023	GACAAACTACAAAAGGATGAA CATGG	AGGCTAGGAAGCTTCTTGT TTCC
TMB1295	CTGATCCAAACACCCATGC	CGTGGAATTTGGTCATTTTG

Praymerlar to‘g‘risidagi ma’lumotlar Lacape va hammualliflar (2007) hamda Abdurakhmonov va hammualliflar (2008) tomonidan keltirilgan ma’lumotlar asosida jamlandi.

Fenotipik ma’lumotlarga genotip (G), sho‘rlanish darajasi (S) va ularning o‘zaro ta’sirini ($G \times S$) baholash uchun ikki omilli dispersiya tahlili (two-way ANOVA) qo‘llanildi. Qoldiqlarning normal taqsimlanishi Shapiro–Wilk, dispersiyalarning bir xilligi esa Levene testi yordamida tekshirildi. ANOVA natijasida statistik ahamiyatlilik aniqlangan hollarda o‘rtacha qiymatlar Tukey HSD testi orqali $P < 0,05$ darajasida o‘zaro taqqoslandi

Nomzod marker–belgi assotsiatsiyalarini aniqlash uchun har bir polimorf SSR allelini tashuvchi va tashimaydigan genotiplarning fenotipik ko‘rsatkichlari o‘zaro taqqoslandi. Tuzatilmagan $P < 0,05$ qiymatiga ega munosabatlar dastlabki nomzod assotsiatsiyalar sifatida qabul qilindi. Genotiplar sonining cheklanganligi, populyatsion tuzilish va ko‘p martalik taqqoslashlar yolg‘on ijobiy natijalar ehtimolini oshirishi mumkinligi sababli, aniqlangan munosabatlar tasdiqlangan diagnostik markerlar sifatida talqin qilinmadi. Ularni statistik tasdiqlashda Benjamini–Hochberg usuli asosida yolg‘on aniqlanish darajasini (FDR, false discovery rate) nazorat qilish hamda mustaqil va kattaroq populyatsiyalarda validatsiya o‘tkazish zarurligi hisobga olindi.

SSR ma’lumotlarining binar matritsasi asosida har bir lokus uchun kuzatilgan allellar soni (N_a), samarali allellar soni (N_e), kutilayotgan geterozigotalik (H_e), polimorfik axborot mazmuni (PIC) va polimorf lokuslar ulushi hisoblandi. Genotiplar o‘rtasidagi molekulyar o‘xshashlik va farqlanish darajasi Jaccard koeffitsiyenti asosida baholandi. Hosil qilingan

genetik masofa matritsasidan foydalanib, genotiplarni guruhlash uchun UPGMA va Neighbor-Joining klasterlash usullari qo‘llanildi.

SSR allellari asosidagi umumiy genetik differensiallanishni tasvirlash uchun molekulyar asosiy komponentlar tahlili (PCA) amalga oshirildi. Genetik variatsiyaning molekulyar guruhlar o‘rtasida va guruhlar ichida taqsimlanishi AMOVA yordamida baholandi, statistik ahamiyatlilik esa 999 ta permutatsiya asosida tekshirildi. Guruhlar o‘rtasidagi genetik differensiallanish darajasi Φ ST indeksi orqali ifodalandi. Nm ko‘rsatkichi Φ ST qiymati asosida bilvosita hisoblangan tavsifiy gen oqimi indikatori sifatida keltirildi va zamonaviy migratsiyaning bevosita o‘lchovi sifatida talqin qilinmadi. Statistik va molekulyar tahlillar tegishli vazifalarga muvofiq R 4.3.0, PowerMarker 3.25, GenAlEx 6.5, DARwin 6.0, MEGA X va OriginPro 2024 dasturlarida amalga oshirildi.

NATIJALAR. Genotip, sho‘rlanish darajasi va ularning o‘zaro ta’siri o‘simlik bo‘yi, ko‘sak vazni hamda paxta xomashyosi hosildorligiga sezilarli ta’sir ko‘rsatdi ($P < 0,001$; 2-jadval). O‘simliklarning o‘rtacha bo‘yi nazorat variantidagi **77,26 sm** dan o‘rtacha sho‘rlanish sharoitida **62,84 sm** gacha, yuqori sho‘rlanish sharoitida esa **49,04 sm** gacha kamaydi. Bu ko‘rsatkich mos ravishda **18,7% va 36,5% ga qisqarishni** tashkil etdi. **T-1050, Orzu, L-218 va T-1090** genotiplari nisbatan yuqori bo‘y ko‘rsatkichini saqlab qoldi, **L-421** genotipida esa eng kuchli pasayish kuzatildi. O‘simlik bo‘yi ko‘rsatkichi reproduktiv ko‘rsatkichlarni doimiy ravishda bashorat qila olmadi.

Ko‘sakning o‘rtacha vazni nazorat, o‘rtacha va yuqori sho‘rlanish sharoitlarida mos ravishda **5,28; 4,23 va 3,88 g** gacha kamaydi. **Mehnat, Orzu, T-2000** genotiplari nisbatan yuqori ko‘sak vaznini saqlab qoldi. **Paxta xomashyosi hosildorligi sho‘rlanish ta’siriga eng sezgir ko‘rsatkich** bo‘lib, u bir o‘simlik hisobiga **26,74 g dan 18,47 g va 8,72 g** gacha kamaydi. Yuqori sho‘rlanish sharoitida hosildorlikning kamayishi **67,4%** ni tashkil etdi. **Orzu, Mehnat, T-1090 va T-2000** genotiplarida hosildorlikni nisbatan yaxshi saqlab qolish xususiyati kuzatildi.

2-jadval.

Tabiiy tuproq sho‘rlanishi sharoitida agrobiologik belgilar bo‘yicha ikki omilli dispersiya tahlili

Manba	df	O‘simlik bo‘yi	Ko‘sak vazni	Paxta xomashyosi hosildorligi
Genotip (G)	16	F = 21.63***	F = 24.83***	F = 16.74***
Sho‘rlanish (Sh)	2	F = 24.12***	F = 452.61***	F = 534.62***
G × Sh	32	F = 10.29***	F = 4.32***	F = 4.39***
Xatolik	102	—	—	—

*** $P < 0.001$.

Sho‘rlanish yuqori o‘rtacha tola uzunligi (UHML), tola pishiqligi va SFI (kalta tolalar indeksi) ko‘rsatkichlariga sezilarli ta’sir ko‘rsatdi. Shuningdek, har bir belgi bo‘yicha genotip × sho‘rlanish (G × Sh) o‘zaro ta’siri ham statistik jihatdan sezilarli bo‘ldi (3-jadval).

Sho‘rlanish darajasi oshishi bilan SFI ko‘rsatkichi ortdi. T-1003, T-1001 va T-1024 genotiplarida SFI qiymatlari nisbatan barqaror saqlangan bo‘lsa, Mehnat, L-218, T-1002 va T-1005 genotiplarida uning yanada katta oshishi kuzatildi.

UHML ko‘rsatkichi sho‘rlanish ta‘sirida kamaydi, biroq T-1024, T-1050, T-1001 va L-217 genotiplari tola uzunligini nisbatan samaraliroq saqlab qoldi. Tola pishiqligi ham sho‘rlanish ta‘sirida pasaydi; T-2000, T-1002, L-217 va T-1003 genotiplarida ushbu ko‘rsatkich nisbatan barqaror bo‘ldi.

Belgilar bo‘yicha kuzatilgan o‘ziga xos javob reaksiyalari hosildorlik bilan bir qatorda tolaning bir nechta sifat ko‘rsatkichlarini birgalikda hisobga olgan holda seleksiya olib borish zarurligini ko‘rsatadi.

3-jadval.

Tabiiy tuproq sho‘rlanishi sharoitida tola sifat ko‘rsatkichlari bo‘yicha ikki omilli dispersiya tahlili

Manba	df	UHML	SFI	Tola pishiqligi
Genotip(G)	16	F = 28.74***	F = 41.58***	F = 32.19***
Sho‘rlanish (Sh)	2	F = 395.62***	F = 512.41***	F = 476.83***
G × Sh	32	F = 4.81***	F = 6.14***	F = 5.47***
Xatolik	102	—	—	—

****UHML** — tolaning yuqori yarim o‘rtacha uzunligi; **SFI** — kalta tolalar indeksi. $P < 0,001$.

Tahlil qilingan **20 ta lokus** jami **53 ta allel** hosil qildi va har bir lokusga o‘rtacha **2,65 ta allel** to‘g‘ri keldi. Lokuslarning **19 tasi polimorf** bo‘lib, bu **95%** ni tashkil etdi; **NAU2176** esa monomorf ekanligi aniqlandi. Barcha lokuslar bo‘yicha **He ning o‘rtacha qiymati 0,488**, **PIC ning o‘rtacha qiymati esa 0,436** ni tashkil etdi. **NAU2277** lokusi eng yuqori allelik xilma-xillikni (**Na = 5**) va marker informativligini (**PIC = 0,761**) namoyon etdi. Undan keyingi o‘rinlarni **MUCS223**, **BNL3545**, **JESPR65**, **NAU6315** va **DPL0530** lokuslari egalladi.

Mazkur lokuslar tadqiqotda o‘rganilgan genotiplarni bir-biridan **genetik jihatdan farqlash** uchun samarali hisoblanadi. Biroq, **markerning yuqori informativligi uning sho‘rlanishga chidamlilik bilan funksional assotsiatsiyasi mavjudligini o‘z-o‘zidan tasdiqlamaydi**.

4-jadval.

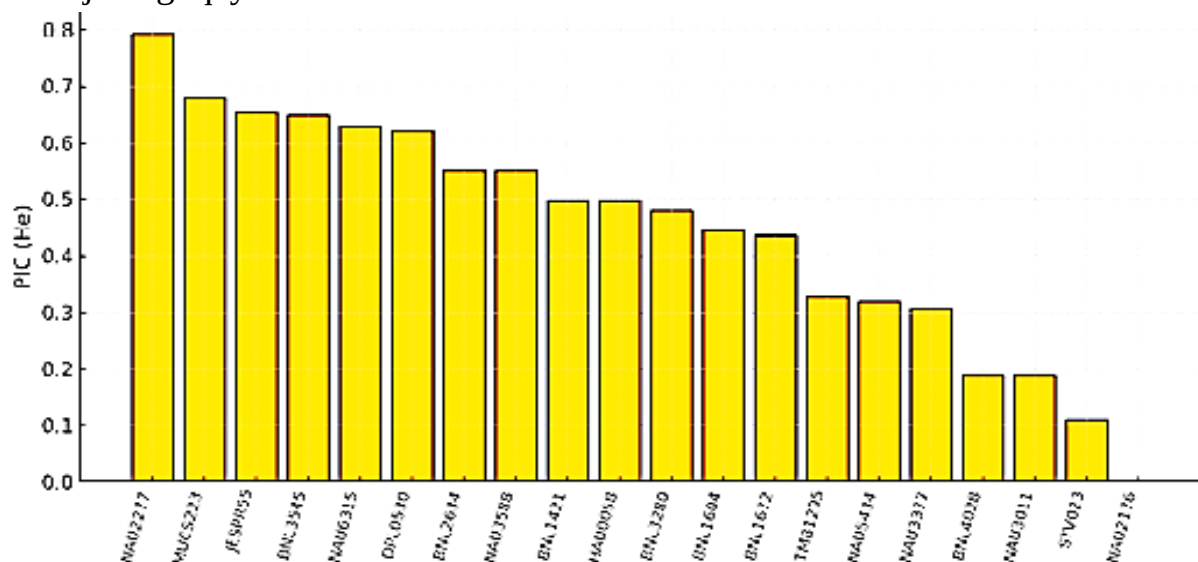
SSR lokuslari uchun genetik xilma-xillik parametrlari.

Lokus	Na	Ne	He	PIC	PPL (%)
BNL1421	2	1.68	0.4	0.35	100
BNL1604	3	2.15	0.5	0.45	100
BNL1672	2	1.82	0.45	0.39	100
BNL2634	2	1.74	0.42	0.37	100
BNL3280	3	2.2	0.52	0.47	100
BNL3545	4	2.98	0.66	0.58	100
BNL4028	2	1.55	0.36	0.32	100
DPL0530	3	2.58	0.6	0.55	100
HAU0058	2	1.95	0.47	0.42	100
JESPR65	3	2.9	0.65	0.58	100
MUCS223	4	3.12	0.68	0.61	100
NAU2176	1	1.0	0.0	0.0	0
NAU2277	5	4.85	0.79	0.76	100

Lokus	Na	Ne	He	PIC	PPL (%)
NAU3011	2	1.72	0.41	0.36	100
NAU3377	2	1.85	0.44	0.38	100
NAU3588	2	1.67	0.39	0.34	100
NAU5434	2	1.88	0.45	0.4	100
NAU6315	4	2.65	0.61	0.55	100
STV023	2	1.9	0.46	0.41	100
TMB1295	3	2.05	0.49	0.43	100

Na — kuzatilgan allellar; **Ne** — samarali allellar; **He** — kutilayotgan geterozigotalik; **PIC** — polimorfizm axborot mazmuni; **PPL** — lokus polimorfizmi holati.

Juftliklar bo‘yicha Jaccard genetik masofasining o‘rtacha qiymati 0,487 ni tashkil etdi va 0,214 dan 0,762 gacha bo‘lgan oraliqda qayd etildi. **T-2000** × **T-1005** eng o‘xshash juftlik bo‘lib, undan keyingi o‘rinlarni **T-1080** × **T-2000** va **T-2000** × **T-1003** juftliklari egalladi. **T-1004** × **Mehnat** eng katta genetik farqlanishga ega juftlik bo‘lib, undan keyingi o‘rinda **T-1001** × **Orzu** juftligi qayd etildi.



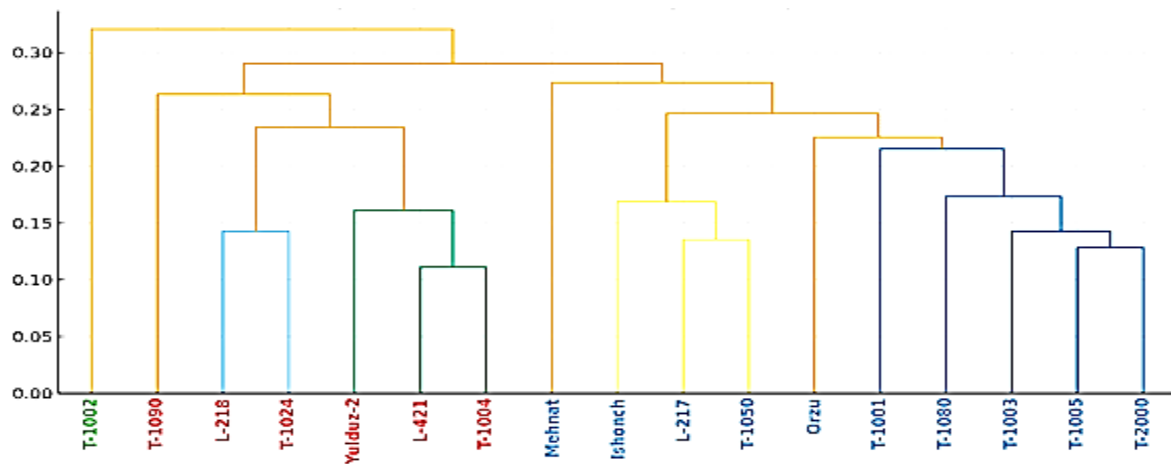
1-rasm. SSR lokuslari bo‘yicha kutilayotgan geterozigotalik (He) va polimorfizm axborot qiymati (PIC) taqsimoti

UPGMA usuli o‘rganilgan namunalar majmuasini uchta asosiy guruhga ajratdi. **T-2000**, **T-1003**, **T-1005** va **T-1080** asosiy molekulyar guruhni tashkil etgan bo‘lsa, **T-1002**, **Mehnat**, **Yulduz-2** va **T-1004** nisbatan periferik materiallar qatoridan joy oldi. **Neighbor-Joining** usuli va molekulyar PCA ham umumiy genetik differentsiallashtirishni tasdiqladi, biroq shoxlarning aniq tarkibi ordinatsiya yoki klasterlash usuliga qarab farq qildi.

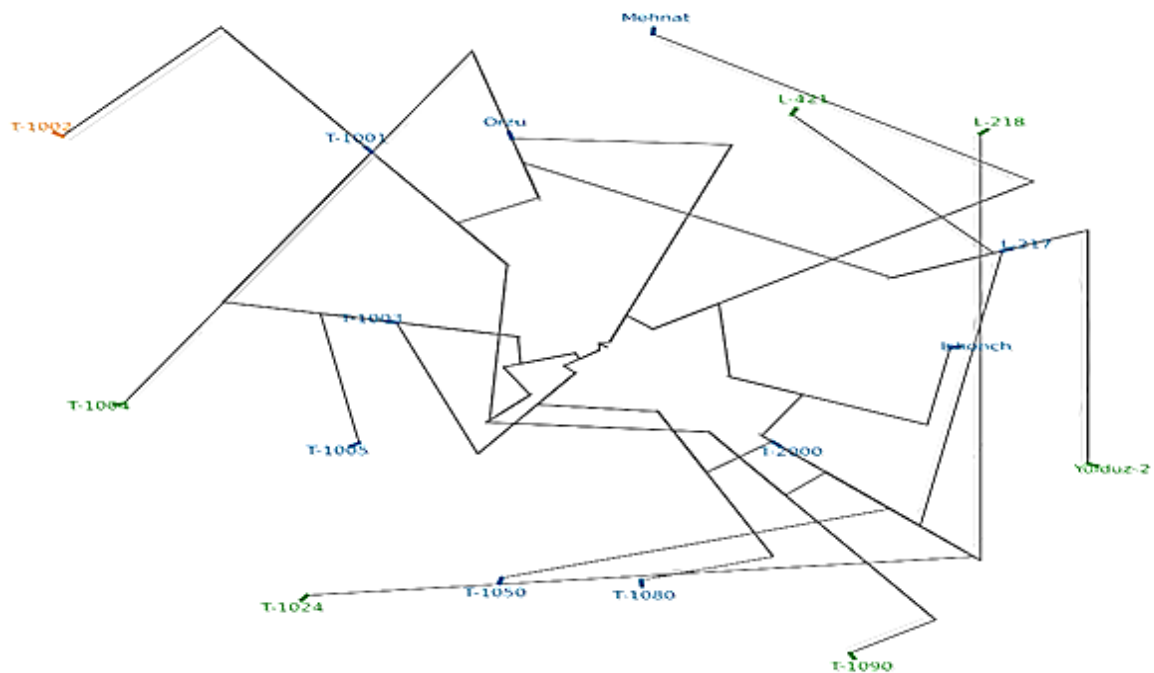
5-jadval.

Genetik masofa va molekulyar differentsiallashtirishning umumiy ko‘rsatkichlari.

Ko‘rsatkich	Qiymat
Minimal genetik masofa	0.214
Maksimal genetik masofa	0.762
Genetik masofaning o‘rtacha qiymati	0.487
Asosiy molekulyar guruhlar soni	3
Eng o‘xshash juftlik	T-2000 × T-1005
Eng katta genetik farqlanishga ega juftlik	T-1004 × Mehnat

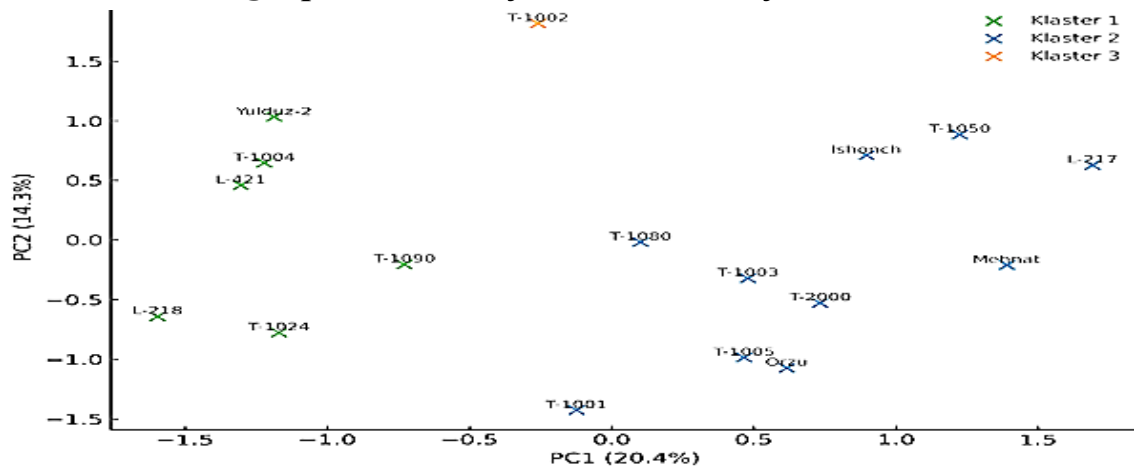


2-rasm. Ikkilik SSR profillaridan olingan Jaccard masofalari asosida 17 ta o‘rta tolali g‘o‘za genotipining UPGMA dendrogrammasi.



3-rasm. 17 ta genotip o‘rtasidagi genetik munosabatlarning radial Neighbor-Joining ko‘rinishi.

Dastlabki ikkita molekulyar asosiy komponent allelik variatsiyaning 34,7 foizini izohladi ($PC1 = 20,4\%$; $PC2 = 14,3\%$). T-1002 izolyatsiyalangan holatni egallagan bo‘lsa, bir nechta asosiy genotiplar o‘zaro yaqinroq guruhlandi. AMOVA molekulyar variatsiyaning 42 foizi uchta guruh o‘rtasidagi farqlarga, 58 foizi esa guruhlar ichidagi farqlarga to‘g‘ri kelishini ko‘rsatdi. Fiksatsiya indeksi yuqori bo‘ldi ($\Phi ST = 0,42$; $P < 0,001$), genlar oqimining hisoblangan qiymati US upland cotton bilan mos keladi.



4-rasm. 17 ta o‘rta tolali g‘o‘za genotipining molekulyar PCA tahlili; PC1 va PC2 mos ravishda variatsiyaning 20,4% va 14,3% ini izohlaydi.

6-jadval.

Molekulyar asosiy komponentlar.

Komponent	Xos qiymat	Variatsiya (%)	Kumulyativ (%)
PC1	4.08	20.4	20.4
PC2	2.86	14.3	34.7
PC3	2.14	10.7	45.4
PC4	1.68	8.4	53.8

7-jadval.

SSR asosida aniqlangan guruhlar o‘rtasidagi molekulyar variatsiya tahlili.

Manba	df	Kvadratlar yig‘indisi	Variatsiya komponenti	Variatsiya (%)	F-statistika
Guruhlar o‘rtasida	2	86.74	4.21	42.0	FST = 0.42***
Guruhlar ichida	14	81.57	5.81	58.0	—
Jami	16	168.31	10.02	100	—

*** $P < 0,001$, permutatsion test asosida aniqlangan.

Oltita lokus bo‘yicha aniqlangan yettita nominal munosabat sho‘rlangan sharoitlarda SSR allel holatlarini agrotexnik yoki tola ko‘rsatkichlari bilan bog‘ladi (8-jadval). **NAU3588** lokusining 260 bp uzunlikdagi alleli o‘simlik bo‘yining yuqoriligi (65,0 ga nisbatan 47,0 sm) hamda tola pishiqligining yuqoriligi (31,0 ga nisbatan 28,0 g tex⁻¹) bilan bog‘liq bo‘ldi. **BNL3545** lokusining 150 bp uzunlikdagi alleli ko‘sak vaznining yuqoriligi bilan, **BNL1421** lokusining 190 bp va **NAU5434** lokusining 280 bp uzunlikdagi allellari esa chigitli paxta hosildorligining yuqoriligi bilan bog‘liq bo‘ldi. **TMB1295** lokusining 180/220 bp allel profili UHML ko‘rsatkichining biroz oshishi bilan bog‘liq bo‘ldi. Aksincha, **JESPR65** lokusining 170 bp uzunlikdagi alleli SFI ko‘rsatkichining yuqoriligi bilan bog‘liq bo‘lib, ushbu genotiplar to‘plamida noqulay xususiyat sifatida baholandi.

8-jadval.

17 ta genotipdan iborat to‘plamda aniqlangan nomzod allel–belgi munosabatlari.

Lokus	Allel holati	Belgi	Tashuvchi va tashimaydiganlarning o‘rtacha qiymati	Yo‘nalish
NAU3588	260 bp	O‘simlik bo‘yi	65.0 vs 47.0 cm	Ijobiy

Lokus	Allel holati	Belgi	Tashuvchi va tashimaydiganlarning o‘rtacha qiymati	Yo‘nalish
BNL3545	150 bp	Ko‘sak vazni	3.90 vs 3.67 g	Ijobiy
BNL1421	190 bp	Chigitli paxta hosildorligi	9.3 vs 6.9 g plant ⁻¹	Ijobiy
NAU5434	280 bp	Chigitli paxta hosildorligi	10.5 vs 8.3 g plant ⁻¹	Ijobiy
JESPR65	170 bp	Qisqa tolalar indeksi	9.4 vs 8.0%	Salbiy
NAU3588	260 bp	Tola pishiqligi	31.0 vs 28.0 g tex ⁻¹	Ijobiy
TMB1295	180/220 bp	UHML	1.07 vs 1.03 inches	Ijobiy

Munosabatlar nominal chegaraviy qiymat (tuzatilmagan $P < 0,05$) asosida aniqlandi. Manba tahlillarida FDR bo‘yicha tuzatilgan P qiymatlari mavjud emas edi; shu sababli ushbu aniqlangan signallar nomzod ko‘rsatkichlar hisoblanadi va tasdiqlangan diagnostik markerlar sifatida qaralmaydi.

O‘simlik bo‘yiga nisbatan hosildorlikning keskin kamayishi reproduktiv jarayonlarning vegetativ o‘sishga qaraganda sho‘rlanish ta’siriga sezgirroq ekanligini ko‘rsatadi. Osmotik cheklanish va ionlar muvozanatining buzilishi rivojlanayotgan ko‘saklarga assimilyatlarning yetkazib berilishini cheklashi, natijada ko‘saklarning to‘lishi va yakuniy hosildorlikning kamayishiga olib kelishi mumkin (Sikder et al., 2020; Chaudhary et al., 2024). **G × Sh** bo‘yicha aniqlangan sezilarli o‘zaro ta’sirlar genotiplarning reytingi sho‘rlanish darajasiga bog‘liq ekanligini tasdiqlaydi. **Orzu, Mehnat, T-1090 va T-2000** genotiplari yuqori mahsuldorlikni ta’minlovchi donorlar sifatida keyingi baholash uchun istiqbolli hisoblanadi, **T-1001, L-217 va T-1024** genotiplari esa tola sifatining barqarorligini ta’minlashga hissa qo‘shadi. Ushbu guruhlariga mansub genotiplarni chatishtirish orqali hosildorlikning saqlanib qolishi va maqbul texnologik sifat ko‘rsatkichlarini birlashtirish mumkin.

53 ta allelning aniqlanishi va PIC ning o‘rtacha qiymati 0,436 ga teng bo‘lishi SSR xilma-xilligining o‘rtacha darajada ekanligini ko‘rsatadi. Bu ko‘rsatkich boshqa tadqiqotlarda keltirilgan madaniy tetraploid g‘o‘za panellaridagi natijalarga mos keladi (Abdurakhmonov et al., 2008; Kuang et al., 2022). **NAU2277** va **MUCS223** genotiplarni farqlash uchun ayniqsa yuqori informativlikka ega markerlar bo‘ldi. Biroq markerning informativligi uni belgi bilan bog‘liqligi bilan aralashtirilmasligi kerak: **NAU2277** genetik xilma-xillikni aniqlashda eng yaxshi marker bo‘lgan bo‘lsa-da, belgi bilan assotsiatsiyalangan nomzod lokuslar qatoriga kirmadi.

Genetik masofalar, UPGMA, Neighbor-Joining, PCA va AMOVA natijalarining o‘zaro mosligi kolleksiya tarkibida haqiqiy genetik differensiallanish mavjudligini qo‘llab-quvvatlaydi. Guruhlar o‘rtasidagi variatsiya komponentining nisbatan yuqoriligi va **Nm** qiymatining pastligi turli seleksiya kelib chiqishlariga ega genetik fondlar mavjudligini ko‘rsatadi, guruhlar ichidagi variatsiya komponentining kattaroq bo‘lishi esa seleksiya uchun imkoniyatlarni saqlab qoladi. Chatishtirishlarda genetik farqlanish va fenotipik xususiyatlar o‘rtasidagi muvozanatni hisobga olish lozim. Masalan, **T-2000** yoki **Mehnati** kabi yuqori hosildorlikni saqlab qoluvchi ota-ona genotiplari **T-1001, L-217 yoki T-1024** kabi tola sifatining barqarorligini ta’minlovchi ota-ona genotiplari bilan chatishtirilishi mumkin. **T-**

1002, T-1004, Mehnat va Yulduz-2 genotiplari genetik bazani kengaytirishi mumkin, biroq genetik farqlanishning o‘zi sho‘rlanishga ijobiy javob reaksiyasini kafolatlamaydi.

Aniqlangan nomzod allellar tayyor holda qo‘llaniladigan seleksiya testlari emas, balki keyingi validatsiya uchun ilmiy farazlarni shakllantirish imkonini beradi. **NAU3588** lokusi alohida e‘tiborga loyiq, chunki uning 260 bp uzunlikdagi alleli ikkita turli belgi bilan bog‘liq bo‘lgan. Biroq ushbu kichik genotiplar to‘plami asosida pleiotropiya mavjudligi haqida xulosa chiqarib bo‘lmaydi. Kuzatilgan holat linkage disequilibrium, populyatsiya strukturasi yoki umumiy kelib chiqish bilan bog‘liq bo‘lishi mumkin. Xuddi shuningdek, **BNL1421** va **NAU5434** lokuslarida hosildorlik bilan, **TMB1295** va **JESPR65** lokuslarida esa tola ko‘rsatkichlari bilan bog‘liq aniqlangan ta’sirlar ajraluvchi populyatsiyalarda va mustaqil muhit sharoitlarida tasdiqlanishi lozim. Ko‘p martalik testlar uchun tuzatish kiritish ayniqsa muhim, chunki ko‘plab allellar va belgilar tekshirilganda nominal $P < 0,05$ darajasidagi assotsiatsiyalar orasida yolg‘on ijobiy natijalar ham bo‘lishi mumkin

Amaliy validatsiya jarayonida nomzod allellarni katta hajmdagi biparental yoki assotsiatsion populyatsiyalarda genotiplash, qarindoshlik va populyatsiya strukturasi hisobga oluvchi aralash modellarni qo‘llash, xom va **FDR** bo‘yicha tuzatilgan ehtimollik qiymatlarini birgalikda keltirish hamda allellarning ta’sirini turli hududlar va yillar kesimida sinash maqsadga muvofiq. Ta’sir yo‘nalishi va ta’sir kattaligini barqaror saqlab qolgan markerlar keyinchalik ishonchli **PCR** yoki **KASP** assaylariga aylantirilishi va seleksiya samaradorligini dastlabki avlodlarda baholash uchun sinovdan o‘tkazilishi lozim.

Tadqiqotda atigi 17 ta genotip va dala sharoitida ikki marta takrorlashdan foydalanilgan bo‘lib, bu statistik quvvatni hamda genetik fonni nazorat qilish imkoniyatini cheklaydi. Tabiiy dala sharoitidagi sho‘rlanishdan foydalanish agrotexnik jihatdan real sharoitni yaxshiroq aks ettiradi, biroq bunda hududiy notekislik va o‘zaro bog‘liq tuproq omillari mavjud bo‘lishi mumkin. Tadqiqotda qo‘llanilgan 20 ta nomzod SSR lokusi genom bo‘ylab to‘liq qamrovni ta’minlamaydi. AMOVA tahlilida foydalanilgan guruhlar aynan shu marker ma’lumotlari asosida aniqlanganligi sababli, hisoblangan **Nm** qiymati tavsifiy ko‘rsatkich bo‘lib, hozirgi davrdagi migratsiyaning bevosita o‘lchovi hisoblanmaydi. Nihoyat, **FDR** bo‘yicha tuzatilgan assotsiatsiya statistik ko‘rsatkichlari mavjud emas edi. Ushbu cheklovlar aniqlangan genetik xilma-xillik va dala sharoitidagi farqlarni inkor etmaydi, biroq sababiy bog‘liqliklar hamda prognozlash imkoniyatlarini talqin qilishni cheklaydi.

XULOSA. Fenotipik va SSR tahlillarining integratsiyalashgan natijalari O‘zbekiston g‘o‘za germplazmasining tabiiy tuproq sho‘rlanishiga javob reaksiyasida sezilarli variatsiya mavjudligini ko‘rsatdi. **Orzu, Mehnat, T-1090 va T-2000** genotiplari nisbatan yuqori mahsuldorlikni saqlab qoldi, **T-1001, L-217 va T-1024** genotiplari esa ayrim tola xususiyatlarining barqarorligini ta’minladi. Markerlar paneli 53 ta allelni aniqladi; **NAU2277, MUCS223, BNL3545, JESPR65, NAU6315 va DPL0530** genotiplarni yuqori darajada farqlash imkonini berdi. Uchta keng genetik guruh, $\Phi ST = 0,42$ va $Nm = 0,35$ qiymatlari seleksiya kelib chiqishlarining genetik jihatdan differensiallanganligini ko‘rsatdi. **NAU3588, BNL3545, BNL1421, NAU5434 va TMB1295** lokuslarida nomzod ijobiy signallar aniqlandi, **JESPR65** lokusining 170 bp uzunlikdagi alleli esa **SFI** ko‘rsatkichining

noqulay tarzda oshishi bilan bog‘liq bo‘ldi. Ushbu allellardan hozircha diagnostik markerlar sifatida foydalanish tavsiya etilmaydi; buning uchun katta hajmdagi strukturaga ega populyatsiyalar, turli muhit sharoitlari va **FDR** nazoratiga asoslangan tahlillar talab etiladi. Hozirgi bosqichda eng istiqbolli seleksiya strategiyasi fenotipik jihatdan bir-birini to‘ldiruvchi va genetik jihatdan farqlangan ota-ona genotiplarini chatishtirish, so‘ngra nomzod lokuslarni ularning ajraluvchi avlodlarida validatsiya qilishdan iborat.

ADABIYOTLAR RO‘YXATI (REFERENCES)

1. Abdurakhmonov, I. Y., Buriev, Z. T., Saha, S., et al. (2007). Microsatellite markers associated with lint percentage trait in cotton, *Gossypium hirsutum*. *Euphytica*, 156, 141–156. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9350-2>
2. Abdurakhmonov, I. Y., Kohel, R. J., Yu, J. Z., et al. (2008). Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *Gossypium hirsutum* L. germplasm. *Genomics*, 92(6), 478–487. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2008.07.013>
3. Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3), 314–331.
4. Chapara, R., Sudha Rani, M., Siva Reddy, K. V., et al. (2025). Evaluation of genetic diversity and marker–trait association for yield and fiber quality-related traits in upland cotton. *Journal of Natural Fibers*, 22(1), 2508290. <https://doi.org/10.1080/15440478.2025.2508290>
5. Chaudhary, M. T., Majeed, S., Rana, I. A., et al. (2024). Effects of salinity stress on cotton and opportunities for improvement through conventional and biotechnological approaches. *BMC Plant Biology*, 24, 20. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04558-4>
6. Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479–491. <https://doi.org/10.1093/genetics/131.2.479>
7. Fatima, S. Y., Luqman, T., Hussain, S., et al. (2025). Genetic diversity and phylogenetic relationship through the use of microsatellites in *Gossypium hirsutum*. *BMC Plant Biology*, 25, 355. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06363-7>
8. Gomez, K. A., & Gomez, A. A. (1984). *Statistical procedures for agricultural research* (2nd ed.). John Wiley & Sons.
9. Guo, A., Su, Y., Huang, Y., et al. (2021). QTL controlling fiber quality traits under salt stress in upland cotton. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 661–685. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03721-x>
10. Iqbal, J., Altaf, M. T., Jan, M. F., et al. (2023). Exploring genetic diversity in cotton genotypes using EST-SSR and ISSR markers. *Sarhad Journal of Agriculture*, 39(4), 800–814. <https://doi.org/10.17582/journal.sja/2023/39.4.800.814>
11. Jaccard, P. (1908). Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, 44, 223–270.
12. Jolliffe, I. T. (2002). *Principal component analysis* (2nd ed.). Springer.

13. Kuang, Z., Xiao, C., Ilyas, M. K., et al. (2022). Use of SSR markers to identify genetic diversity and DNA fingerprinting of early-maturing upland cotton. *Agronomy*, 12(7), 1513. <https://doi.org/10.3390/agronomy12071513>
14. Kumar, P., Nimbal, S., Sangwan, R. S., et al. (2021). Identification of novel marker–trait associations for lint yield-contributing traits in upland cotton using SSRs. *Frontiers in Plant Science*, 12, 653270. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.653270>
15. Lacape, J. M., Dessauw, D., Rajab, M., Noyer, J. L., & Hau, B. (2007). Microsatellite diversity in tetraploid *Gossypium* germplasm: Assembling a highly informative genotyping set of cotton SSRs. *Molecular Breeding*, 19, 45–58. <https://doi.org/10.1007/s11032-006-9042-1>
16. Liu, K., & Muse, S. V. (2005). PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9), 2128–2129. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282>
17. Normamatov, I., Khusenov, N., Salakhutdinov, I., et al. (2026). Genetic diversity, population structure, and association mapping using SSR markers in cotton recombinant inbred lines under salinity stress. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 58(2), 624–634. <https://doi.org/10.54910/sabrao2026.58.2.13>
18. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
19. Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
20. Sikder, R. K., Wang, X., Jin, D., et al. (2020). Screening and evaluation of reliable traits of upland cotton genotypes for salt tolerance. *Journal of Cotton Research*, 3, 11. <https://doi.org/10.1186/s42397-020-00049-1>
21. Slatkin, M. (1985). Gene flow in natural populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 16, 393–430. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.16.110185.002141>
22. Sun, Z., Li, H., Zhang, Y., et al. (2018). Identification of SNPs and candidate genes associated with salt tolerance at the seedling stage in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Frontiers in Plant Science*, 9, 1011. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01011>
23. Tyagi, P., Gore, M. A., Bowman, D. T., et al. (2014). Genetic diversity and population structure in the US upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 127, 283–295. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2217-3>
24. Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations*. University of Chicago Press.