

## مقایسه‌ی استراتژی‌های مختلف انتخاب چند صفتی در پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی شش لاین تجاری ایرانی کرم ابریشم، *Bombyx mori* (Lep.: Bombycidae)

مانی غنی‌پور<sup>۱\*</sup>، سیدضیاءالدین میرحسینی<sup>۲</sup>، عبدالاحد شادپرو<sup>۲</sup>، علیرضا صیداوی<sup>۳</sup> و علیرضا بیژن‌نیا<sup>۱</sup>

۱- مرکز تحقیقات کرم ابریشم کشور، رشت، ۲- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ۳- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، تهران.

\*مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: manighanipoor@yahoo.com

### Comparison of different multi-trait selection strategies for genetic improvement of economic traits in six Iranian commercial lines of the silkworm, *Bombyx mori* (Lep.: Bombycidae)

M. Ghanipoor<sup>1&\*</sup>, S. Z. Mirhosseini<sup>2</sup>, A. Shadparvar<sup>2</sup>, A. Seidavi<sup>3</sup> and A. Bizhannia<sup>1</sup>

1. Iran Silkworm Research Center, Rasht, Iran, 2. Animal Science Department, Agricultural College, Guilan University, Rasht, Iran, 3. Islamic Azad University, Science and Research Branch, Tehran, Iran.

\*Corresponding author, E-mail: manighanipoor@yahoo.com

#### چکیده

در این تحقیق پس از برآورد پارامترهای ژنتیکی و ضرایب اقتصادی مهم در شش لاین تجاری ایرانی کرم ابریشم (110، 107، 101433، Xinhong1، Koming1 و Y)، شاخص‌های انتخاب برای این صفات در هر یک از وارته‌ها تشکیل شد. بدین منظور، در طی شش دوره پرورش، صفات وزن پیله، وزن قشر پیله و درصد قشر پیله رکوردگیری شد. برآورد ضرایب وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی بین صفات، به روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده صورت گرفت. وراثت‌پذیری وزن پیله و وزن قشر پیله بالاتر از درصد قشر پیله بود. پیشرفت ژنتیکی وزن پیله و وزن قشر پیله در لاین 101433 در مقایسه با سایر لاین‌ها، به دلیل وراثت‌پذیری بالای این صفات در این لاین و نیز همبستگی ژنتیکی بالاتر میان آنها، بیشتر بود. بنابراین انتظار می‌رود محدود کردن رشد ژنتیکی وزن پیله در این وارته موجب کاهش چشم‌گیر در بهبود صفت وزن قشر پیله و در نتیجه کاهش کارایی انتخاب شود. همچنین، پیشرفت ژنتیکی صفت درصد قشر پیله در شاخص‌های محدود شده، به دلیل همبستگی ژنتیکی پایین با وزن پیله، افزایش یافت و دقت انتخاب در شاخص‌های محدود شده در مقایسه با سایر شاخص‌ها کاهش شدیدی نشان داد. با توجه به متفاوت بودن پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اقتصادی صفات در لاین‌های تجاری کرم ابریشم، لزوم تعریف هدف اصلاح نژاد جداگانه و طراحی استراتژی انتخاب اختصاصی در هر لاین آشکار می‌گردد.

واژگان کلیدی: کرم ابریشم، پیله، شاخص انتخاب، ضریب اقتصادی

#### Abstract

In this study, the genetic parameters and economic weights of some important economic traits in six Iranian commercial varieties (110, 107, 101433, Xinhong1, Koming1 and Y) of the silkworm were estimated and selection indices for these traits constructed. Individual recording of cocoon weight, shell weight and shell ratio were carried out during six generations. Heritabilities and genetic correlation between traits were estimated by restricted maximum likelihood method. The heritability of cocoon weight and shell weight were higher than that of shell ratio. Genetic improvement of cocoon weight and

shell weight were high in the line 101433 due to higher heritability and genetic correlation between them. Therefore, the restriction of genetic gain of cocoon weight in this line is expected to cause a severe decrease in improvement of shell weight, and subsequently a decrease of selection efficiency. The genetic improvement of cocoon shell percentage increased in restricted indices due to low genetic correlation with cocoon weight, and selection accuracy in these indices decreased significantly compared to other indices. Considering the difference in genetic parameters and economic values of traits in commercial lines of the silkworm, it would be necessary to define a separate breeding goal and selection strategy in each line.

**Key words:** silkworm, cocoon, selection index, economic weight

## مقدمه

هدف از اصلاح نژاد کرم ابریشم، پیشرفت ژنتیکی صفات به منظور افزایش سود پرورش‌دهندگان کرم ابریشم و در نتیجه سایر بخش‌های صنعت نوغانداری می‌باشد. در نوغانداری صفات متعددی حائز اهمیت هستند و اهمیت این صفات در بخش‌های مختلف این صنعت متفاوت می‌باشد. صفات تولید مثلی برای تولیدکنندگان تخم دارای اهمیت است، در حالی که تولیدکنندگان پیله به لاین‌هایی با توان تولید و درصد قشر پیله‌ی بالا، و همچنین مقاوم در برابر بیماری‌ها علاقه نشان می‌دهند (Singh *et al.*, 1998). نزدیک به ۲۰۰۰ سویه و نژاد کرم ابریشم، *Bombyx mori* L. در تولید ابریشم در سراسر دنیا مورد استفاده قرار می‌گیرند (Reddy, 1986). در کرم ابریشم درخت توت، ۲۱ خصوصیت شناسایی گردیده که از لحاظ کیفی و کمی بر تولید ابریشم تأثیرگذار می‌باشند (Chatterjee *et al.*, 1990). به دلیل یکسان نبودن اهمیت اقتصادی صفات مختلف، تأکید اصلی اصلاح نژادی باید روی صفاتی متمرکز گردد که ارزش بیشتری در کارآیی اقتصادی سیستم تولید دارند. استفاده از شاخص انتخاب برای بهبود ژنتیکی - اقتصادی صفات در کوتاه‌ترین زمان، بیشترین پیشرفت را در بر خواهد داشت (Harris, 1970). روش شاخص انتخاب برای اولین بار توسط Hazel (1943) برای استفاده در اصلاح نژاد دام ارائه گردید.

Kumar *et al.* (1995) تنوع ژنتیکی صفات اقتصادی مهم کمی و شاخص‌های انتخاب را برای ۶۶ سویه دو نسلی کرم ابریشم درخت توت گزارش نمودند. مقادیر بالای وراثت‌پذیری همراه با ضرایب تغییر ژنتیکی و فنوتیپی برای طول الیاف ابریشمی، وزن انفرادی پیله و وزن انفرادی قشر پیله نشان داد که این صفات تحت کنترل عوامل ژنتیکی می‌باشند.

Nagaraja *et al.* (1996) وراثت‌پذیری بالایی را برای صفات تخم‌گذاری، حداکثر وزن لاروی، وزن کل پیله‌ی تولیدی، تعداد پیله‌ی تولیدی، نسبت مؤثر پرورش، نسبت ظهور پروانه و نسبت شفیره‌روی در کرم ابریشم گونه‌ی *Samia cynthia ricini* Boisduval گزارش نمودند، به طوری که انتخاب روی این صفات می‌تواند در بهبود آنها بسیار مؤثر باشد.

Rangaiah *et al.* (1995) نشان دادند که پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای صفات وزن پیله، وزن لاروی و طول دوره‌ی لاروی به ترتیب، حداکثر، بالا و پایین می‌باشد. بنابراین طراحی یک برنامه‌ی انتخاب روی صفاتی مانند وزن پیله و وزن لاروی که از وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی برخوردارند منجر به حداکثر پاسخ به انتخاب خواهد شد.

محققین بسیاری توارث‌پذیری صفات کمی را در کرم ابریشم درخت توت مورد مطالعه قرار داده‌اند (Satenahalli *et al.*, 1990; Bhargava *et al.*, 1993; Ksham *et al.*, 1995)، اما مطالعات اندکی در زمینه‌ی تعیین شاخص‌های انتخاب برتر مبتنی بر صفات مهم انجام گرفته است. روش شاخص انتخاب که پارامترهای ژنتیکی، فنوتیپی و اقتصادی را در رتبه‌بندی حیوانات دخالت می‌دهد بطور گسترده در برنامه‌های انتخاب و اصلاح نژاد حیوانات مزرعه‌ای مورد استفاده قرار می‌گیرد (Harris & Newman, 1992). در تئوری نوین شاخص انتخاب، ارزیابی ژنتیکی حیوانات بر اساس برآورد هم‌زمان اثرات ژنتیکی افزایشی و غیر ژنتیکی (محیطی) با استفاده از روشی پیشرفته صورت می‌گیرد (Henderson, 1974). اثرات پارامترهای برآورد شده با عدم قطعیت روی پاسخ مورد انتظار و توزیع پاسخ‌های حاصل از شاخص انتخاب، توسط Amer & Hofer (1994) مورد بررسی قرار گرفت. Kumaresan *et al.* (2000) برنامه‌ی شاخص انتخاب را برای صفات کمی ۵۶ سویه‌ی کرم ابریشم چند نسلی به اجرا درآوردند. برنامه‌ی فوق منجر به شناسایی سه دسته شامل ده سویه با مقادیر پایین‌تر شاخص برای استفاده در آمیخته‌گری گردید. در بررسی دیگری (Kumar *et al.*, 1995) شاخص‌های انتخاب ۴۶ سویه‌ی کرم ابریشم دو نسلی تعیین شد.

هدف تحقیق حاضر، تعیین شاخص انتخاب برای سه صفت وزن پیله، وزن قشر پیله و درصد قشر پیله در شش لاین تجاری کرم ابریشم و مقایسه‌ی پاسخ مورد انتظار ژنتیکی حاصل

از سه شیوه‌ی انتخاب به وسیله‌ی شاخص، شامل شاخص‌های معمولی، شاخص‌های محدود شده و شاخص‌های پایه می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

تحقیق حاضر روی شش وارته‌ی تجاری تولید شده در مرکز تحقیقات کرم ابریشم کشور شامل وارته‌های با منشأ ژاپنی 107، 101433 و Xinhong1 و وارته‌های با منشأ چینی 110، Koming1 و Y صورت گرفت. پرورش کرم ابریشم به شیوه‌ی سیستم خانواده‌های مجزا<sup>۱</sup> و تغذیه و سایر شرایط پرورش لاروی طبق شیوه‌ی استاندارد (ESCAP, 1993) صورت پذیرفت. به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات وزن پيله، وزن قشر پيله و درصد قشر پيله از داده‌های حاصل از شش دوره‌ی پرورشی یا نسل استفاده گردید. برای هر لاین در هر یک از نسل‌ها ۲۴ خانواده پرورش داده شدند و در پایان پيله‌تنی در هر یک از خانواده‌های تنی، ۳۰ پيله‌ی نر و ۳۰ پيله‌ی ماده برای صفات پيله مورد رکوردگیری انفرادی قرار گرفتند. در مجموع، داده‌های مورد استفاده جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی جمعیت شامل ۸۸۰۰ رکورد در هر لاین برای هر یک از سه صفت مورد بررسی بود. مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس مدل به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده<sup>۲</sup> با استفاده از نرم افزار DFREML برآورد و ضرایب همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی و همچنین وراثت‌پذیری صفات تخمین زده شد. برای محاسبه‌ی ضرایب اقتصادی، روش شبیه‌سازی داده‌ها به طریق تحلیل سیستم مورد استفاده قرار گرفت. در این روش با استفاده از یک مدل ریاضی موسوم به معادله‌ی سود، رابطه‌ی بین درآمدها، هزینه‌ها و به طور کلی اجزای سیستم تولید تعریف می‌گردد. بدین منظور یک مدل قطعی به صورت زیر تعریف شد:

$$P = N(R - C) \quad (1)$$

در این مدل، P سود سیستم، N تعداد پروانه‌ی مولد جهت تولید تخم نوغان و R و C به ترتیب درآمد و هزینه‌ی سالانه‌ی سیستم تولید به ازای یک پروانه‌ی مولد می‌باشد. به منظور محاسبه‌ی

۱- Single Batch Rearing System

۲- Restricted Maximum Likelihood (REML)

ضریب اقتصادی یک صفت ( $y$ ) در گرایش حداکثر سود در صورت ثابت بودن تعداد پروانه‌ی مولد، از شکل توسعه یافته‌ی معادله‌ی (۱) بر حسب آن صفت مشتق گرفته می‌شود. شاخص‌های انتخاب تشکیل شده شامل دو نوع شاخص معمولی<sup>۱</sup> (شاخص‌های خانوادگی و انفرادی)، دو نوع شاخص محدود شده<sup>۲</sup> (شاخص‌های محدود شده‌ی خانوادگی و انفرادی) و دو نوع شاخص پایه<sup>۳</sup> (شاخص‌های پایه‌ی انفرادی و فنوتیپی) بودند. منابع رکورد در شاخص انفرادی شامل رکورد خود فرد از سه صفت بود. در شاخص خانوادگی علاوه بر رکورد انفرادی برای هر صفت، از میانگین رکورد مربوط به ۵۰ برادر و خواهر تنی نیز استفاده گردید. ضرایب شاخص انتخاب در شاخص‌های معمولی با استفاده از معادله‌ی زیر محاسبه شد:

$$b = P^{-1}Gv \quad (۲)$$

در رابطه‌ی فوق،  $P$  ماتریس کوواریانس فنوتیپی بین منابع رکورد به ابعاد  $m \times m$ ،  $G$  ماتریس کوواریانس ژنتیکی افزایشی بین منابع رکورد و ارزش‌های ژنتیکی افزایشی حیوان برای صفات موجود در ژنوتیپ کل (هدف اصلاح نژاد) به ابعاد  $m \times n$ ، و  $v$  بردار ضرایب اقتصادی صفات به ابعاد  $n \times 1$  می‌باشد. همچنین،  $m$  و  $n$  به ترتیب تعداد منبع رکورد در شاخص انتخاب و تعداد صفات در هدف اصلاح نژاد هستند.

ضرایب شاخص انتخاب در شاخص‌های محدود شده، که جهت متوقف کردن رشد ژنتیکی صفت وزن پیله در هر دو نوع شاخص خانوادگی و انفرادی تشکیل شدند، از رابطه‌ی زیر محاسبه شد:

$$b = [I_H - P^{-1}GC_r(C_r'G'P^{-1}GC_r)^{-1}C_r'G']P^{-1}Gv \quad (۳)$$

در رابطه‌ی فوق،  $I_H$  ماتریس واحد به ابعاد  $m \times m$  و  $C_r$  ماتریسی به ابعاد  $n \times 1$  و با اجزای صفر است که فقط در ردیف مربوط به وزن پیله (صفتی که برای آن محدودیت قائل شده‌ایم) معادل با یک می‌باشد.

۱- Conventional Index

۲- Restricted Index

۳- Base Index

در شاخص پایه‌ی انفرادی ( $I_{bi}$ ) که در آن از رکورد انفرادی (بدون توجه به همبستگی صفات) برای پیش‌بینی ارزش ارثی استفاده می‌شود، ضرایب شاخص شامل حاصل ضرب ضریب اقتصادی در وراثت‌پذیری صفت می‌باشد:

$$I_{bi} = \sum_{i=1}^n v_i h_i^2 x_i \quad (4)$$

در رابطه‌ی فوق،  $v_i$ ،  $h_i^2$  و  $x_i$  به ترتیب ضریب اقتصادی، وراثت‌پذیری و رکورد تصحیح شده (تصحیح شده برای اثرات ثابت موجود در مدل یعنی نسل و جنس) صفت  $i$  ام است. در شاخص پایه‌ی فنوتیپی ( $I_{bp}$ )، انتخاب بر اساس فنوتیپ تصحیح شده‌ی فرد صورت گرفته و در نتیجه بردار ضرایب شاخص و ضرایب اقتصادی معادل می‌شوند یعنی:

$$I_{bp} = v'x \quad (5)$$

دقت انتخاب ( $r_{H,I}$ ) از رابطه‌ی زیر محاسبه گردید:

$$r_{H,I} = \frac{b'Gv}{\sigma_I \sigma_H} \quad (6)$$

در رابطه‌ی فوق،  $\sigma_H$  و  $\sigma_I$  به ترتیب انحراف معیار شاخص و ژنوتیپ کل است.

میزان تغییر مورد انتظار در میانگین ارزش ژنتیکی افزایشی صفات ( $R_g$ ) از طریق رابطه‌ی زیر محاسبه شد:

$$R_g = i \frac{b'G}{\sigma_I} \quad (7)$$

در این رابطه،  $i$  شدت انتخاب می‌باشد که در کلیه‌ی محاسبات برابر واحد در نظر گرفته شد.

## نتایج

جدول ۱ میانگین خصوصیات کمی پيله را نشان می‌دهد. میانگین صفات وزن پيله و وزن قشر پيله در لاین Xinhong1 بالاتر و در لاین 107 پایین‌تر بود. میانگین درصد قشر پيله نیز در لاین 101433 بالاتر و در لاین Koming1 پایین‌تر بود.

ضریب اقتصادی صفت وزن پيله در واریته‌ی Y بیشتر و در واریته‌ی 101433 کمتر بود. ضریب اقتصادی صفات وزن قشر و درصد قشر پيله در واریته‌ی Xinhong1 بالاتر بود (جدول ۲).

**جدول ۱.** میانگین ( $\pm$  اشتباه معیار) صفات وزن پيله، وزن قشر و درصد قشر در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 1.** Means ( $\pm$  S.E.) of cocoon weight, shell weight and shell ratio (%) in the studied lines.

| Line     | Cocoon weight (gr) | Shell weight (gr)   | Shell ratio (%)   |
|----------|--------------------|---------------------|-------------------|
| 110      | 1.602 $\pm$ 0.0029 | 0.346 $\pm$ 0.00061 | 21.75 $\pm$ 0.026 |
| 107      | 1.429 $\pm$ 0.0028 | 0.299 $\pm$ 0.00060 | 21.12 $\pm$ 0.026 |
| 101433   | 1.524 $\pm$ 0.0030 | 0.343 $\pm$ 0.00064 | 22.57 $\pm$ 0.027 |
| Xinhong1 | 1.709 $\pm$ 0.0029 | 0.368 $\pm$ 0.00061 | 21.67 $\pm$ 0.026 |
| Koming1  | 1.628 $\pm$ 0.0029 | 0.337 $\pm$ 0.00063 | 20.93 $\pm$ 0.027 |
| Y        | 1.567 $\pm$ 0.0029 | 0.350 $\pm$ 0.00063 | 22.47 $\pm$ 0.027 |

**جدول ۲.** ضریب اقتصادی صفات (بر حسب واحد پروانه‌ی مولد در سال) در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 2.** Economic values of traits (breeding moth per year) in the studied lines.

| Line     | Cocoon weight (Rial/gr) | Shell weight (Rial/gr) | Shell ratio (Rial/%) |
|----------|-------------------------|------------------------|----------------------|
| 110      | 6258.21                 | 110963.03              | 1817.57              |
| 107      | 6238.57                 | 174189.06              | 2530.97              |
| 101433   | 5149.23                 | 122927.06              | 2138.93              |
| Xinhong1 | 5915.38                 | 362441.92              | 5650.47              |
| Koming1  | 5887.72                 | 145083.41              | 2361.96              |
| Y        | 6685.85                 | 88289.05               | 1403.80              |

در جدول ۳ ضرایب توارث‌پذیری و نیز همبستگی ژنتیکی بین صفات نشان داده شده است. بین صفات وزن پيله و وزن قشر پيله همبستگی ژنتیکی مثبت و بالایی مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ضریب همبستگی ژنتیکی بین این دو صفت به ترتیب مربوط به واریته‌ی 101433 (۰/۹۵) و Koming1 (۰/۵۴) بود. همبستگی ژنتیکی صفات وزن پيله و درصد قشر پيله در واریته‌های 107، Koming1 و Y منفی و در واریته‌های 110، 101433 و Xinhong1 مثبت، ولی پایین بود. بالاترین و پایین‌ترین ضریب همبستگی بین صفات فوق به ترتیب مربوط به واریته‌های Xinhong1 (۰/۲۲) و 107 (۰/۵۱-) بود. بین صفات وزن قشر و درصد قشر پيله در واریته‌های مورد مطالعه، به جز واریته‌ی 107، همبستگی ژنتیکی مثبت و نسبتاً بالایی مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ضریب همبستگی دو صفت مذکور به ترتیب به واریته‌های Koming1 (۰/۶۸) و 107 (۰/۰۲-) تعلق داشت. صفات وزن پيله و وزن قشر وراثت‌پذیری

بالایی داشته در حالیکه وراثت‌پذیری صفت درصد قشر پایین‌تر بود. بالاترین وراثت‌پذیری صفات وزن پيله و وزن قشر پيله مربوط به واریته‌ی 101433 (۰/۷۳) و پایین‌ترین وراثت‌پذیری

**جدول ۳.** وراثت‌پذیری ( $\pm$  اشتباه معیار) و ضرایب همبستگی ژنتیکی صفات وزن پيله، وزن قشر و درصد قشر در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 3.** Heritabilities ( $\pm$  S.E.) and genetic correlations of cocoon weight, shell weight and shell ratio in the studied lines.

| Trait         | Line     | Cocoon weight    | Shell weight     | Shell ratio      |
|---------------|----------|------------------|------------------|------------------|
| Cocoon weight | 110      | 0.64 $\pm$ 0.032 | 0.84             | 0.05             |
|               | 107      | 0.52 $\pm$ 0.037 | 0.87             | -0.51            |
|               | 101433   | 0.73 $\pm$ 0.039 | 95               | 0.07             |
|               | Xinhong1 | 0.66 $\pm$ 0.025 | 0.88             | 0.22             |
|               | Koming1  | 0.55 $\pm$ 0.032 | 0.54             | -0.26            |
|               | Y        | 0.60 $\pm$ 0.033 | 0.85             | -0.03            |
| Shell weight  | 110      |                  | 0.61 $\pm$ 0.034 | 0.57             |
|               | 107      |                  | 0.34 $\pm$ 0.024 | -0.02            |
|               | 101433   |                  | 0.73 $\pm$ 0.038 | 0.39             |
|               | Xinhong1 |                  | 0.71 $\pm$ 0.029 | 0.65             |
|               | Koming1  |                  | 0.61 $\pm$ 0.023 | 0.68             |
|               | Y        |                  | 0.59 $\pm$ 0.033 | 0.50             |
| Shell ratio   | 110      |                  |                  | 0.32 $\pm$ 0.022 |
|               | 107      |                  |                  | 0.22 $\pm$ 0.016 |
|               | 101433   |                  |                  | 0.26 $\pm$ 0.025 |
|               | Xinhong1 |                  |                  | 0.33 $\pm$ 0.024 |
|               | Koming1  |                  |                  | 0.61 $\pm$ 0.022 |
|               | Y        |                  |                  | 0.34 $\pm$ 0.024 |

Heritabilities are shown in diagonal axis and genetic correlations are shown in non-diagonal axis.

**جدول ۴.** دقت انتخاب به وسیله‌ی شاخص خانوادگی در صورت وجود تعداد رکوردهای متفاوت از برادران و خواهران تنی در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 4.** Family index selection accuracy for the studied lines in the conditions of different number of full sib records.

| Record number | 0     | 10    | 20    | 30    | 40    | 50    | 60    | 70    | 80    | 90    | 100   |
|---------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 110           | 0.771 | 0.824 | 0.832 | 0.836 | 0.838 | 0.839 | 0.840 | 0.840 | 0.841 | 0.841 | 0.842 |
| 107           | 0.549 | 0.672 | 0.706 | 0.722 | 0.732 | 0.739 | 0.743 | 0.747 | 0.750 | 0.752 | 0.754 |
| 101433        | 0.900 | 0.916 | 0.919 | 0.920 | 0.921 | 0.922 | 0.922 | 0.923 | 0.923 | 0.923 | 0.923 |
| Xinhong1      | 0.946 | 0.953 | 0.955 | 0.856 | 0.957 | 0.958 | 0.958 | 0.958 | 0.959 | 0.959 | 0.960 |
| Koming1       | 0.808 | 0.849 | 0.855 | 0.857 | 0.858 | 0.859 | 0.859 | 0.859 | 0.860 | 0.860 | 0.860 |
| Y             | 0.779 | 0.829 | 0.836 | 0.840 | 0.842 | 0.844 | 0.844 | 0.844 | 0.845 | 0.845 | 0.846 |



صفات وزن پيله (۰/۵۲)، وزن قشر پيله (۰/۳۴) و درصد قشر پيله (۰/۲۲) مربوط به واریته‌ی 107 بود. وراثت‌پذیری صفت درصد قشر در واریته‌ی Koming1 بالاتر از سایر واریته‌ها بود (۰/۶۱).

در جدول ۴ دقت انتخاب به وسیله‌ی شاخص خانوادگی در حالات مربوط به وجود تعداد رکوردهای متفاوت از خویشاوندان تنی ارایه شده است. با افزایش تعداد رکوردهای مربوط به خویشاوندان تنی از صفر به ۱۰۰، دقت انتخاب در واریته‌های 110، 107، 101433، Koming1، Xinhong1 و Y به ترتیب به میزان ۷/۱، ۲۰/۵، ۲/۳، ۱/۴، ۵/۲ و ۶/۷ درصد افزایش یافت.

جدول ۵ دقت انتخاب به وسیله‌ی شاخص را نشان می‌دهد. ایجاد محدودیت در شاخص، موجب کاهش دقت انتخاب گردید. بالاترین میزان دقت انتخاب به ترتیب مربوط به شاخص‌های خانوادگی، انفرادی، پایه‌ی انفرادی و پایه‌ی فنوتیپی بود. در جدول‌های ۶، ۷ و ۸ میزان تغییر ژنتیکی مورد انتظار صفات بعد از یک نسل انتخاب به وسیله‌ی شاخص‌های معمولی، محدود شده و پایه ارایه شده است. بالاترین میزان رشد ژنتیکی در صفت وزن پيله در واریته‌ی 101433 مشاهده گردید. در شاخص‌های معمولی و پایه، رشد مورد انتظار صفت وزن قشر در واریته‌ی 101433 و در شاخص‌های محدود شده، رشد این صفت در واریته‌ی Koming1 بالاتر بود. بالاترین و پایین‌ترین میزان رشد مورد انتظار صفت درصد قشر پيله به ترتیب مربوط به واریته‌های Koming1 و 107 بود.

**جدول ۵.** دقت انتخاب به وسیله‌ی شاخص‌های مختلف در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 5.** Accuracy of different selection indices in the studied lines.

| Line     | Family | Restricted family | Individual | Restricted individual | Base individual | Base phenotypic |
|----------|--------|-------------------|------------|-----------------------|-----------------|-----------------|
| 110      | 0.839  | 0.560             | 0.771      | 0.503                 | 0.754           | 0.729           |
| 107      | 0.739  | 0.549             | 0.549      | 0.333                 | 0.510           | 0.470           |
| 101433   | 0.922  | 0.383             | 0.900      | 0.284                 | 0.814           | 0.756           |
| Xinhong1 | 0.958  | 0.528             | 0.946      | 0.436                 | 0.794           | 0.753           |
| Koming1  | 0.859  | 0.831             | 0.808      | 0.784                 | 0.783           | 0.782           |
| Y        | 0.843  | 0.533             | 0.779      | 0.460                 | 0.742           | 0.722           |

جدول ۶. میزان تغییر ژنتیکی مورد انتظار در میانگین صفات در نتیجه‌ی انتخاب به وسیله‌ی شاخص‌های معمولی خانوادگی و انفرادی در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 6.** Expected genetic change in the mean of traits as the result of family and individual conventional index selection in the studied lines.

| Line     | Family conventional index |                   |                 | Individual conventional index |                   |                 |
|----------|---------------------------|-------------------|-----------------|-------------------------------|-------------------|-----------------|
|          | Cocoon weight (gr)        | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) | Cocoon weight (gr)            | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) |
| 110      | 0.067                     | 0.020             | 0.41            | 0.065                         | 0.019             | 0.35            |
| 107      | 0.046                     | 0.011             | 0.10            | 0.049                         | 0.009             | -0.06           |
| 101433   | 0.128                     | 0.034             | 0.33            | 0.132                         | 0.034             | 0.26            |
| Xinhong1 | 0.083                     | 0.030             | 0.63            | 0.085                         | 0.030             | 0.59            |
| Koming1  | 0.020                     | 0.021             | 1.06            | 0.018                         | 0.019             | 1.01            |
| Y        | 0.068                     | 0.022             | 0.41            | 0.065                         | 0.020             | 0.35            |

جدول ۷. میزان تغییر ژنتیکی مورد انتظار در میانگین صفات در نتیجه‌ی انتخاب به وسیله‌ی شاخص‌های محدود شده‌ی خانوادگی و انفرادی در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 7.** Expected genetic change in the mean of traits as the result of family and individual restricted index selection in the studied lines.

| Line     | Family restricted index |                   |                 | Individual restricted index |                   |                 |
|----------|-------------------------|-------------------|-----------------|-----------------------------|-------------------|-----------------|
|          | Cocoon weight (gr)      | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) | Cocoon weight (gr)          | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) |
| 110      | 0                       | 0.011             | 0.59            | 0                           | 0.0097            | 0.52            |
| 107      | 0                       | 0.005             | 0.37            | 0                           | 0.0031            | 0.22            |
| 101433   | 0                       | 0.009             | 0.57            | 0                           | 0.0067            | 0.42            |
| Xinhong1 | 0                       | 0.012             | 0.69            | 0                           | 0.0100            | 0.57            |
| Koming1  | 0                       | 0.019             | 1.17            | 0                           | 0.0170            | 1.10            |
| Y        | 0                       | 0.011             | 0.63            | 0                           | 0.0097            | 0.54            |

جدول ۸. میزان تغییر ژنتیکی مورد انتظار در میانگین صفات در نتیجه‌ی انتخاب به وسیله‌ی شاخص‌های پایه‌ی انفرادی و فنوتیپی در واریته‌های مورد مطالعه.

**Table 8.** Expected genetic change in the mean of traits as the result of family and individual base index selection in the studied lines.

| Line     | Family base index  |                   |                 | Individual base index |                   |                 |
|----------|--------------------|-------------------|-----------------|-----------------------|-------------------|-----------------|
|          | Cocoon weight (gr) | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) | Cocoon weight (gr)    | Shell weight (gr) | Shell ratio (%) |
| 110      | 0.065              | 0.018             | 0.34            | 0.056                 | 0.017             | 0.38            |
| 107      | 0.034              | 0.008             | 0.05            | 0.024                 | 0.006             | 0.11            |
| 101433   | 0.115              | 0.031             | 0.27            | 0.098                 | 0.027             | 0.33            |
| Xinhong1 | 0.070              | 0.025             | 0.52            | 0.060                 | 0.023             | 0.54            |
| Koming1  | 0.019              | 0.019             | 0.96            | 0.020                 | 0.019             | 0.96            |
| Y        | 0.063              | 0.019             | 0.33            | 0.056                 | 0.019             | 0.37            |

## بحث

مقادیر پارامترهای ژنتیکی صفات در بین لاین‌های مورد مطالعه متغیر بود. وراثت‌پذیری صفات، تابعی از تنوع ژنتیکی و محیطی می‌باشد. از آنجایی که لاین‌های مورد مطالعه در شرایط محیطی و زمانی یکسانی پرورش داده شدند، انتظار می‌رود تنوع ناشی از اثر عوامل غیر ژنتیکی بر آنها یکسان بوده و تفاوت وراثت‌پذیری صفات در آنها ناشی از تفاوت تنوع ژنتیکی آنها باشد. عواملی همانند سابقه‌ی انتخاب (طبیعی و کنترل شده)، منشأ ژنتیکی، تعداد نسل، اندازه‌ی پرورشی، رانش تصادفی ژنتیکی، جهش و اختلاط ژنتیکی بر تنوع ژنتیکی صفات تأثیرگذار بوده و موجب تفاوت وراثت‌پذیری در لاین‌ها می‌گردد. همچنین وراثت‌پذیری صفات با میانگین صفات در لاین‌ها ارتباط دارد. لاین Xinhong1 پتانسیل ژنتیکی بالایی برای صفات وزن پيله و وزن قشر پيله داشت و توارث‌پذیری بالایی را نشان داد، در حالی که لاین 107 به دلیل عدم ظهور توانایی بالا برای صفات مذکور از توارث‌پذیری پایینی برخوردار بود. همبستگی ژنتیکی صفات در نتیجه‌ی اثر ژن‌های پلیوتروپیک و نیز ژن‌های پیوسته ایجاد می‌شود. در سیستم پلی‌ژنی به دلیل متفاوت بودن نوع و فراوانی آلل‌های کنترل‌کننده‌ی صفت در لاین‌های دارای سیستم آمیزشی بسته، انتظار می‌رود مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده متفاوت باشد.

در شرایطی که ضمن محدود کردن پیشرفت ژنتیکی یک یا چند صفت، حداکثر نمودن پیشرفت ژنتیکی اقتصادی نیز مد نظر باشد، می‌توان از شاخص محدود شده استفاده نمود (Ghanipoor, 2003). به عنوان مثال اگر در یک وارثه بهبود صفت درصد قشر پيله مورد نظر باشد و در همان حال تمایل داشته باشیم که وزن پيله‌ی این وارثه نیز کاسته نشود (چون بین صفات مزبور همبستگی ژنتیکی پایین و یا منفی وجود دارد) می‌توانیم از یک شاخص محدود شده که در آن برای صفت وزن پيله محدودیت قائل شده‌ایم، استفاده نماییم. همچنین با توجه به شرایط بازار، در سال‌هایی که محدودیت در تولید پيله وجود داشته باشد پیشرفت ژنتیکی وزن پيله مطلوب نخواهد بود.

پیشرفت مورد انتظار ژنتیکی صفت وزن پيله در وارثه‌ی 101433، به دلیل وراثت‌پذیری بالاتر و همبستگی ژنتیکی بالا با صفت وزن قشر پيله، بیشتر بود؛ در حالی که میزان پیشرفت

در واریته‌ی Koming1، به دلیل توارث‌پذیری نسبتاً پایین و همبستگی ژنتیکی پایین‌تر با صفت وزن قشر پیله و همبستگی ژنتیکی منفی با صفت درصد قشر پیله، کمتر بود. به همین ترتیب رشد بالاتر صفت وزن قشر پیله در واریته‌ی 101433 را می‌توان به دلیل توارث‌پذیری بالاتر و همبستگی بالای آن با وزن پیله دانست. در نتیجه انتظار می‌رود محدود کردن رشد ژنتیکی وزن پیله در این واریته موجب کاهش چشم‌گیر در بهبود صفت وزن قشر پیله گردد. از آنجایی که صفت وزن قشر پیله مهمترین صفت اقتصادی می‌باشد، کاهش پیشرفت در این صفت زیان‌های اقتصادی بزرگی به بار خواهد آورد. پیشرفت این صفت در شاخص‌های محدود شده در واریته‌ی Koming1، به دلیل همبستگی پایین‌تر آن با وزن پیله، بیشتر بود. به همین علت، تأثیر منفی ایجاد محدودیت در وزن پیله روی واریته‌ی فوق کمتر است. باید یادآوری شود که شاخص‌های محدود شده برای حداکثر نمودن پیشرفت‌ها بکار نمی‌روند بلکه برای رسیدن به یک سری اهداف خاص، از بخشی از بهبودهای ژنتیکی اقتصادی صرف‌نظر می‌گردد و در حقیقت ایجاد شرط در یک یا چند صفت مستقیماً باعث کاهش کارایی اقتصادی می‌شود. در نتیجه استفاده از اینگونه شاخص‌ها باید با توجه به شرایط و صلاحیت اصلاح‌کننده صورت گیرد. نتایج تحقیق Famula (1992) آشکار ساخت که برنامه‌ریزی خطی، شیوه‌ی مؤثرتری به منظور محدود ساختن پاسخ همبسته در مقایسه با شاخص انتخاب محدود شده محسوب می‌شود، اما پاسخ به انتخاب صفات محدود نشده در شاخص انتخاب محدود شده بزرگ‌تر از برنامه‌ریزی خطی است. Leiri *et al.* (2004) پیشنهاد کردند که انتخاب به روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP)، به دلیل پایین‌تر بودن ریسک انتخابی، همواره به انتخاب BLUP محدود شده برتری دارد و این انتخاب خصوصاً در مواردی مهم خواهد بود که پارامترهای ژنتیکی به عنوان فاکتورهای محدود‌کننده برای دستیابی به پیشرفت‌های ژنتیکی مورد انتظار عمل کنند.

پیشرفت ژنتیکی صفت وزن قشر پیله در واریته‌ی 107، به دلیل توارث‌پذیری پایین‌تر و همبستگی ژنتیکی منفی با صفت درصد قشر پیله، پایین‌تر بود. در نتیجه انتظار می‌رود در واریته‌ی فوق پیشرفت راندمان اقتصادی سیستم تولید پایین‌تر باشد. همچنین در این واریته بهبود صفت درصد قشر پیله، به دلیل توارث‌پذیری پایین‌تر و نیز همبستگی ژنتیکی منفی با صفات وزن پیله و وزن قشر پیله، کمتر بود. بالاتر بودن رشد این صفت در واریته‌ی Koming1

به دلیل توارث‌پذیری بالاتر آن و نیز همبستگی ژنتیکی منفی با وزن پيله و همبستگی ژنتیکی بالاتر با صفت وزن قشر پيله می‌باشد. در تمام واریته‌ها، به دلیل وجود همبستگی ژنتیکی منفی و یا پایین میان صفات وزن پيله و درصد قشر پيله، پیشرفت ژنتیکی درصد قشر پيله با ایجاد محدودیت در رشد وزن پيله افزایش یافت.

Kumar et al. (1995) نشان دادند که میان صفات وزن پيله و وزن قشر پيله، و نیز وزن پيله و درصد قشر پيله، همبستگی بالایی وجود دارد. Sofi et al. (1999) و Jayaswal et al. (2000) همبستگی ژنتیکی بالایی را میان صفات پيله گزارش کردند. Ksham et al. (1995) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی مثبت بالایی (به ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۹۵) را میان تولید کل پيله و وزن انفرادی پيله گزارش نمودند. همچنین آنها میان صفات وزن قشر پيله و طول الیاف ابریشمی (۰/۶۶ تا ۰/۷۰)، و وزن قشر پيله و دنیر (۰/۷۸ تا ۰/۸۵)، به نتایج مشابهی دست یافتند و بیان کردند که انتخاب روی طول الیاف و دنیر تأثیر مثبتی روی افزایش تولید پيله خواهد داشت. بررسی‌های Bhargava et al. (1993) نشان داد که توارث‌پذیری طول دوره‌ی لاروی، وزن قشر پيله، طول الیاف، وزن لاروی و وزن پيله بسیار بالا (بیش از ۰/۷۵) می‌باشد. Singh et al. (1998) و Malik et al. (1999) نیز در تحقیقات خود به نتایج مشابهی دست یافتند. در تحقیقات انجام شده توسط Ashoka & Govindan (1990)، صفات وزن پيله و وزن قشر پيله، توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی را نشان داد. لازم به توضیح است که محققان فوق توارث‌پذیری به معنای عام را در سه سطح پائین (زیر ۰/۲۵)، متوسط (بین ۰/۲۵ تا ۰/۷۵) و بالا (بالای ۰/۷۵) قرار دادند.

بر اساس نتایج تحقیق حاضر، ممکن است چنین به نظر برسد که استفاده از شاخص پایه در بعضی از واریته‌ها، مانند Koming1، دارای برتری است؛ ولی این امکان نیز وجود دارد که در سطوح وسیع، کاربرد این شاخص به دلیل کاهش در کارایی باعث خسارت‌های وسیع اقتصادی گردد. در جمعیت‌های کوچک، به دلیل اشتباه ناشی از برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی بر کارایی شاخص معمولی، می‌توان از شاخص پایه استفاده کرد. Bhatia & Paul (1996) نشان دادند که عملکرد شاخص معمولی، اندکی بالاتر از شاخص فنوتیپی است و شاخص‌های فنوتیپی به دلیل سادگی تشکیل آنها ممکن است در بعضی از شرایط ترجیح داده شوند.

نتایج نشان می‌دهد که در اکثر موارد تعداد ۵۰ رکورد از خویشاوندان تنی به منظور بدست آوردن دقت مطلوب کافی است (جدول ۴)، زیرا با افزایش تعداد خویشاوندان افزایش دقت در ازای افزایش وقت و هزینه بسیار ناچیز خواهد بود. در وارته‌هایی که از دقت انتخاب پایین‌تری برخوردارند، افزودن تعداد رکورد خویشاوندان تنی، سطح دقت را به میزان بیشتری افزایش می‌دهد. یافته‌ی فوق لزوم استفاده از رکوردهای خویشاوندان جهت برآورد ارزش ژنتیکی افراد در لاین‌هایی که از توارث‌پذیری پایینی برای صفات برخوردارند را آشکار می‌سازد. محدود کردن شاخص در وارته‌هایی که از دقت انتخاب بالایی برخوردار بودند، به طور چشم‌گیری موجب کاهش سطح دقت گردید. (Akbar et al. (1984 بیان کردند که انتظار می‌رود اعمال محدودیت روی شاخص با کاهش دقت انتخاب، موجب کاهش کارایی انتخاب در بهبود ارزش ژنوتیپ کل در مقایسه با شاخص معمولی گردد.

روش شاخص انتخاب، ارزش اقتصادی واقعی صفات را در برنامه‌ی انتخاب لاین‌ها دخالت داده و انتخاب را بر اساس پیش‌بینی حداکثر سود واقعی دامدار در شرایط اقتصادی آینده‌ی بازار صورت می‌دهد. بنابراین، مزایای این روش در اصلاح نژاد کرم ابریشم نیز مانند سایر حیوانات مزرعه‌ای غیر قابل انکار است. توارث‌پذیری بالای صفات اقتصادی کرم ابریشم نشان می‌دهد که شاخص انتخاب می‌تواند به طور کارآمدی جهت بهبود صفات مهم در چند نسل مورد استفاده قرار گیرد. از جمله دلایلی که برای توجیه این پدیده ذکر می‌گردد آن است که کلیه لاین‌ها در شرایط محیطی استاندارد پرورش یافته و فاکتورهای محیطی اثرات معنی‌دار کمتری روی تنوع فنوتیپی آنها می‌گذارند. پیشنهاد می‌گردد که مطالعات بیشتری جهت شناخت اثر انتخاب به وسیله‌ی شاخص روی عملکرد آمیخته‌های تجاری کرم ابریشم انجام شود. همچنین بررسی‌های گسترده‌ای روی مدل‌سازی سیستم‌های پرورشی کرم ابریشم جهت برآورد ارزش‌های اقتصادی صفات و ارتباط آن با پیشرفت‌های ژنتیکی انجام شود.

### سپاسگزاری

مؤلفین مراتب تشکر و قدردانی خود را از مدیریت و همکاران مرکز تحقیقات کرم ابریشم کشور به دلیل همکاری صمیمانه در مراحل اجرایی طرح ابراز می‌دارند.

## منابع

- Akbar, M. K., Lin, C. Y., Gyles, N. R., Gavora, J. S. & Brown, C. J.** (1984) Some aspects of selection indices with constraints. *Poultry Science* 63, 1899-1905.
- Amer, P. R. & Hofer, A.** (1994) Optimum bias in selection index parameters estimated with uncertainty. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 111, 89-101.
- Ashoka, J. & Govindan, R.** (1990) Genetic estimates for quantitative traits in bivoltine silkworm, *Bombyx mori* L. *Mysore Journal of Agricultural Sciences* 24, 371-374.
- Bhargava, S. K., Thiagarajan, V., Ramesh Babu, M. & Nagaraj, B.** (1993) Heritability of quantitative characters in silkworm (*Bombyx mori* L.). *Indian Journal of Agricultural Sciences* 63, 358-362.
- Bhatia, V. K. & Paul, A. K.** (1996) Empirical comparison of different selection strategies for genetic improvement. *Indian Journal of Animal Sciences* 66, 1026-1032.
- Chatterjee, S. N., Nagaraj, C. S. & Giridhar, K.** (1990) An approach to silkworm breeding. pp. 11-16 in Datta, R. K. (Ed.) *Workshop on biometrical genetics proceedings*. Central Sericultural Research and Training Institute, Mysore.
- ESCAP** (1993) *Principles and techniques of silkworm breeding*. 114 pp. New York, United Nations.
- Famula, T. R.** (1992) A comparison of restricted selection index and linear programming in sire selection. *Theoretical and Applied Genetics* 84, 384-389.
- Ghanipoor, M.** (2003) Determination of selection indices for 3 Iranian commercial silkworm lines. Ph.D. Thesis, Guilan University, Rasht, Iran. [In Persian with English summary].
- Harris, P. L.** (1970) Breeding for efficiency in livestock production: defining the economic objectives. *Journal of Animal Sciences* 30, 860-865.
- Harris, D. L. & Newman, S.** (1992) How does genetic evaluation become economic improvement? *Proceeding of Symposium on Application of Expected Progeny Differences to Livestock Improvement, 84<sup>th</sup> Annual Meeting*.
- Hazel, L. N.** (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 2, 476-490.
- Henderson, C. H.** (1974) General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. *Journal of Dairy Sciences* 57, 963-972.
- Jayaswal, K. P., Masilamani, S., Lakshmanan, V., Sindagi, S. S. & Datta, R. K.** (2000) Genetic variation, correlation and path analysis in mulberry silkworm, *Bombyx mori* L. *Sericologia* 40, 211-223.

- Ksham, G., Kumar, S. N., Nair, S. & Datta, R. K.** (1995) Heritability, genetic and phenotypic correlation studies on fitness and quantitative traits of bivoltine silkworm *Bombyx mori* L. *Indian Journal of Sericulture* 34, 22-27.
- Kumar, P., Bhutia, R. & Ahsan, M. M.** (1995) Estimates of genetic variability for commercial quantitative traits and selection indices in bivoltine races of mulberry silkworm (*Bombyx mori* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 55, 109-116.
- Kumaresan, P., Sinha, R. K., Sahni, N. K. & Sekar, S.** (2000) Genetic variability and selection indices for economic quantitative traits of multivoltine mulberry silkworm, *Bombyx mori* L. genotypes. *Sericologia* 40, 595-605.
- Leiri, S., Nomura, T., Hirooka, H. & Satoh, M.** (2004) A comparison of restricted selection procedures to control genetic gains. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 121, 90-100.
- Malik, G. N., Masoodi, M. A., Kamili, A. S. & Aijaz, M.** (1999) Estimation of direct selection parameters in a diallel set of bivoltine silkworm, *Bombyx mori* L. *Entomon* 24, 253-257.
- Nagaraja, M., Govindan, R. & Narayanaswamy, T. K.** (1996) Genetic viability for quantitative traits in eri silkworm *Samia cynthia ricini* Boisduval. *Insect Environment* 2, 108-109.
- Rangaiah, S., Govindan, R., Devaiah, M. C. & Narayanaswamy, T. K.** (1995) Genetic studies for some quantitative traits among multivoltine races of silkworm, *Bombyx mori* L. *Mysore Journal of Agricultural Sciences* 29, 248-251.
- Reddy, G. S.** (1986). Genetics and breeding of silkworm, *Bombyx mori* L. pp. 70-80 in Boraiah, G. (Ed.) *Lectures on sericulture*. Suramaya Publishers, Bangalore.
- Satenahalli, S. B., Govindan, R., Goud, J. V. & Magadum, S. B.** (1990). Genetic parameters and correlation coefficient analysis in silkworm *Bombyx mori* L. *Mysore Journal of Agricultural Sciences* 24, 491-495.
- Singh, T., Chandrasekharaiah & Samson, M. V.** (1998). Correlation and heritability analysis in the silkworm, *Bombyx mori* L. *Sericologia* 38, 1-13.
- Sofi, A. M., Masoodi, M. A. & Kamili, A. S.** (1999). Estimation of heritability and correlation of some quantitative traits in line  $\times$  tester analysis in silkworm, *Bombyx mori* L. *Mysore Journal Agricultural Sciences* 33, 289-296.