

陆地棉遗传距离与纤维品质性状中亲优势 及 F₁、F₂ 表现的相关性研究

宿俊吉¹, 陈红¹, 余渝¹, 林海¹, 宁新柱¹, 李吉莲¹, 刘萍¹, 刘丽¹, 相吉山², 邓福军^{1*}

(1. 新疆农垦科学院棉花研究所 / 农业部西北内陆区棉花生物学与遗传育种重点实验室 / 新疆兵团棉花遗传改良与高产栽培重点实验室, 新疆石河子 832000; 2. 新疆农垦科学院作物研究所, 新疆石河子 832000)

摘要: 通过 29 个陆地棉品种(系)表型性状及 SSR 标记遗传距离聚类分析, 依据遗传距离大小在不同类群中选择了 8 个遗传背景差异不同的陆地棉亲本, 进行不完全双列杂交, 共配制了 28 个组合, 开展了陆地棉纤维品质性状 F₁、F₂ 表现及其中亲优势与遗传距离之间的相关、回归分析研究。结果发现杂种 F₁、F₂ 纤维上半部平均长度、整齐度指数、断裂比强度及其中亲优势均与表型及 SSR 标记遗传距离正相关, 其中杂种 F₁ 纤维上半部平均长度与 2 种遗传距离均达到了显著水平, 断裂比强度与 SSR 标记遗传距离达显著水平; 伸长率的杂种 F₁、F₂ 表现及其中亲优势均与表型及 SSR 标记遗传距离负相关, 其中杂种 F₁ 伸长率与 SSR 标记遗传距离显著负相关。回归分析发现与遗传距离达到显著或极显著相关的纤维品质性状, 均与对应遗传距离具有显著或极显著拟合的曲线模型。这些显著或极显著的纤维品质性状, 可在育种实践中为利用杂种优势改良棉纤维品质提供参考信息。

关键词: 棉花; 遗传距离; 中亲优势; SSR 标记

中图分类号: S562.035 **文献标志码:** A

文章编号: 1002-7807(2013)02-0142-06

The Relationship of Genetic Distance to Mid-parent Heterosis and Manifestations of F₁ & F₂ of Fiber Quality Traits in Upland Cotton

SU Jun-ji¹, CHEN Hong¹, YU Yu¹, LIN Hai¹, NING Xin-zhu¹, LI Ji-lian¹, LIU Ping¹, LIU Li¹, XIANG Ji-shan², DENG Fu-jun^{1*}

(1. Cotton Research Institute, Xinjiang Academy of Agricultural and Reclamation Science / Northwest Inland Region Key Laboratory of Cotton Biology and Genetic Breeding, Ministry of Agriculture / Key Laboratory of Cotton Genetic Improvement and High Yield Cultivation in Xinjiang Production and Construction Corps, Shihezi, Xinjiang 832000, China; 2. Crop Research Institute, Xinjiang Academy of Agricultural and Reclamation Science, Shihezi, Xinjiang 832000, China)

Abstract: 29 cotton cultivars or lines were researched by clustering analysis with genetic distance determined by SSR markers and cultivar phenotype data. 28 hybridized combinations, which from 8 upland cotton parents classified by different genetic distance, were tested in the incomplete parallel cross design. The test was designed for the correlation and regression analysis of genetic distance with the mid-parent heterosis and the manifestations of F₁ & F₂ in upland cotton. The results showed that the manifestations and genetic distance marked by SSR in F₁ & F₂ were positive correlation with the fiber length, uniformity index, strength and their mid-parent heterosis, and also, the fiber length was at very significant level with the both, but the strength was at significant level with the genetic distance marked by SSR. The manifestation and their mid-parent heterosis of the elongation were both negative correlated with phenotype and genetic distance, especially, and the correlation of manifestation of elongation with the genetic distance was at significant level. The result of regression analysis showed the curve model of the fiber traits, which were at very significant level or significant level with their genetic distance, were all at very significant level or significant level with their corresponding genetic distance too. The traits, which were at significant or very significant level, could provide

收稿日期: 2012-07-20

作者简介: 宿俊吉(1980-), 男, 助理研究员, 硕士, xjnkysujj1980@sina.com; * 通讯作者, Dengf.j@sohu.com

基金项目: 新疆农垦科学院青年基金项目(YQJ2009-06); 新疆农垦科学院引导计划项目(YXD2010-06); 新疆兵团博士资金专项(2010JC01); 新疆兵团育种专项(2011BA001)

reference information for fiber quality improvement and heterosis utilization in cotton.

Key words: cotton; genetic distance; mid-parent heterosis; SSR markers

杂种优势是自然界中一种普遍现象,异质性及其互补能力是产生杂种优势的主要原因^[1]。目前,多数作物杂交育种仍主要靠大量随机地配制杂交组合,不仅费时费力,而且盲目性大。为了提高选择亲本和配制组合的预见性,开展杂种优势预测性研究具有十分重要的意义。

多数学者认为,遗传差异是杂种优势的基础。遗传距离作为一种对生物遗传差异的定量描述,人们不断地寻求用不同手段、方法进行计算,以期获得遗传距离与杂种优势的内在联系,有效地选择杂交亲本,以提高杂交育种的效率。相对而言,关于棉花杂种优势预测方面的研究报道较少。武耀廷等^[2]研究表明产量杂种优势与表型及 SSR 标记遗传距离的相关性较小;杨代刚等^[3]研究发现单株铃数、铃重、子棉产量、皮棉产量、衣分的杂种优势与遗传距离均为正向显著或极显著相关;唐文武等^[4]研究认为亲本间表型遗传距离与纤维长度、断裂比强度、马克隆值的杂种优势值呈正相关关系,其中表型遗传距离显著正相关于断裂比强度杂种优势值;陈强等^[5-6]研究认为纤维品质性状遗传距离与各品质性状中亲优势的相关性均优于产量性状遗传距离。

尽管目前在 SSR (Simple sequence repeat) 标记遗传距离与棉花产量性状杂种优势相关性、以及表型遗传距离与棉花纤维品质性状杂种优势的相关性等研究方面,取得了一些进展,但是关于 SSR 标记遗传距离与棉花纤维品质杂种优势的相关性研究报道鲜见。本文以如何利用杂种优势改良陆地棉的纤维品质为目的,开展表型和 SSR 标记遗传距离与纤维品质性状中亲优势及其 F_1 、 F_2 表现的关系研究,旨在分析遗传距离与纤维品质性状中亲优势及杂种表现的内在联系,为利用杂种优势改良棉纤维品质及杂种优势预测提供参考信息。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选择了新疆本地品种(系)20个、引进品种(系)9个(其中黄河流域棉区5个,长江流域棉

区4个),所有亲本材料在配置组合前连续进行了2年自交。供试陆地棉品种11个,分别为新陆早33号、新陆早40号、新陆早42号、新陆早45号、新陆早47号、新陆早49号、新陆早51号、新陆中35号、周棉6号、鲁棉研22号、晋棉11号;陆地棉品系18个,分别为DT-1、07-51、新陆早33号选系、109-118、金垦92、垦69-2、新陆早13号选系、金垦935、15-17-1、病L-11、金垦1045、垦N27-3、南引2号、南引10号、生9、MQZY003、夏棉X1、夏棉X2。所有亲本材料在配制组合前连续进行了2年自交。

1.2 试验设计

试验于2009年、2010年在新疆生产建设兵团农一师1团试验站试验田进行,2011年在新疆库尔勒富全种业试验田进行,棉田采用地膜覆盖和膜下滴灌技术,耕作栽培条件完全按照目前当地陆地棉高产耕作栽培模式。在前期对29个亲本的研究基础之上,2009年进行了表型及 SSR 标记聚类分析,依据遗传距离在不同类群中选择亲本;2010年进行不完全双列杂交,配制28个杂交组合,冬季在海南南繁加代;2011年进行8个亲本、28个组合的 F_1 、 F_2 纤维品质性状的比较分析,所有田间试验以随机区组,3个重复设置,田间管理按常规管理。

1.3 纤维品质性状调查与分析

收获期亲本和 F_1 各随机收取20个考种铃, F_2 各随机收取40个考种铃,轧花后取棉样10~15g送农业部棉花品质监督检验测试中心对纤维品质进行检测,测定纤维上半部平均长度、整齐度指数、断裂比强度、马克隆值、伸长率等指标。

1.4 SSR 标记分析

杂交亲本基因组总 DNA 的提取方法参考 Paterson 等^[7]的方法。参考 Guo 等^[8]构建的棉花 SSR 分子标记连锁图谱,每条染色体挑选4对 SSR 标记(长短臂各2对,近似等距离),共104对。从 Cotton Marker 网站(<http://www.Cottonmarker.Org/Primer.shtml>)获取引物序列,由鼎国公司合成引物。SSR-PCR (Simple Sequence Repeat-Polymerase Chain Reaction) 在 PCR Veriti96-well

(美国,ABI 公司)上进行,PCR 扩增、电泳及染色参考 Zhang 等^[9-10]的方法。

1.5 数据分析

分析 SSR 分子标记结果时,每对引物重复 3 次,统计带型清楚、可重复的扩增带,根据位点上扩增条带的有、无分别用 1、0 表示。中亲优势分别以双亲平均值(MP)为基数计算:中亲优势(%)=($F_{1(2)}$ -MP)/MP×100%;用 SPSS 13.0 软件计算欧式遗传距离、聚类分析、相关性分析及回归分析。

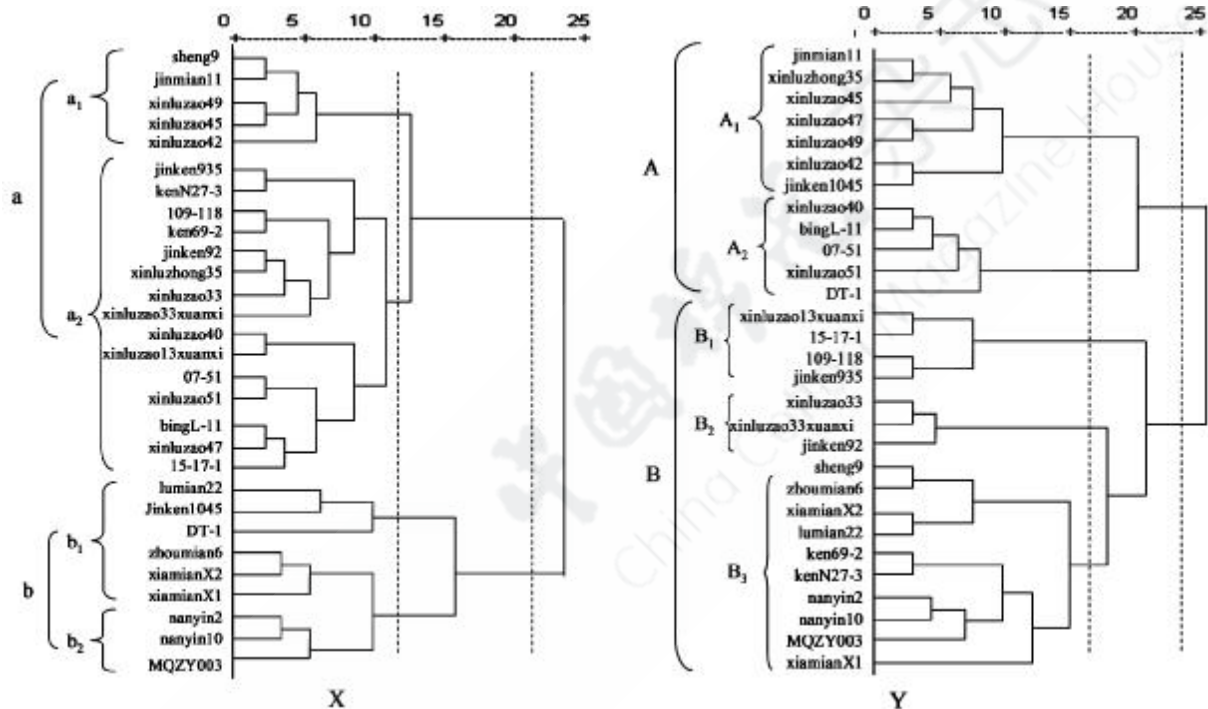


图 1 基于表型性状(X)及 SSR 标记(Y)遗传距离的品种聚类图

Fig. 1 Clustering maps of cotton cultivar based on genetic distance determined by SSR marker data(Y) and cultivar phenotype data(X)

2.1.2 SSR 分子标记聚类分析。利用分布于棉花 52 条染色体上的 104 对 SSR 引物进行 PCR 扩增,发现 43 对引物的 75 个扩增带在 29 个亲本之间 PCR 扩增产物存在明显的多态性(图 2)。通过不同单株和多对引物、多次扩增的验证,金垦 935(图 2A)和夏棉 X2(图 2B)中为杂合位点,排除出现杂株的可能,杂合位点以 2 条同时出现带进行统计。经 SSR 标记聚类分析,可将 29 个亲本划分为 A、B 两个类群;A 又分为 A₁、A₂ 两个亚群, B 又分为 B₁、B₂、B₃ 三个亚群(图 1Y)。A₁ 亚类有 7 个品种(系);A₂ 亚类有 5 个品种(系);B₁ 亚类有 4 个品种(系);B₂ 亚类有 10 个品种(系),大多数是外引品种(系)。

2 结果与分析

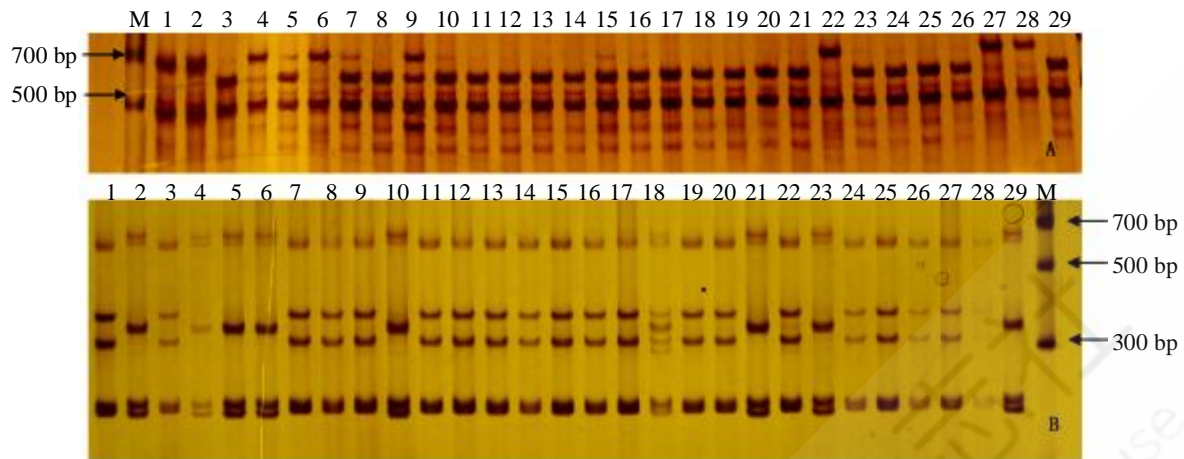
2.1 陆地棉品种(系)聚类分析及杂交亲本的确定

2.1.1 表型性状聚类分析。以 13 个主要性状为基础、利用类平均法进行聚类,将 29 个亲本划分为 a、b 两个大类群,a 分为 a₁、a₂ 两个亚群,b 分为 b₁、b₂ 两个亚群(图 1X)。a₁ 亚类有 5 个品种(系);a₂ 亚类有 15 个品种(系),是最大的类群;b₁ 亚类有 6 个品种(系);b₂ 亚类有 3 个品种(系),全部属于外引品种(系)。

2.1.3 杂交亲本的确定。采用欧氏距离计算各个亲本间的表型和 SSR 标记的遗传距离。依据 SSR 标记及表型遗传距离的聚类结果,结合品种(系)一些特性,选择了 8 个优良亲本,分别为:P1:新陆早 33 号(a₂、B₂)、P2:垦 69-2(a₂、B₃)、P3:15-17-1(a₂、B₁)、P4:生 9(a₁、B₃)、P5:夏棉 X2(b₁、B₃)、P6:金垦 1045(b₁、B₃)、P7:新陆早 47 号(a₂、A₁)、P8:垦 N27-3(a₂、B₃)。以上 8 个亲本的表型及 SSR 遗传距离见表 1。

2.2 杂种 F₁、F₂ 表现及其杂种优势与遗传距离的相关性分析

相关性分析结果见表 2,杂种 F₁、F₂ 纤维上半部平均长度、整齐度指数、断裂比强度及其中亲



M: Marker, 1: DT-1, 2: Xinluzao33, 3: 07-51, 4: Xinluzao33xuanxi, 5: 109-118, 6: Jinken92, 7: Xinluzao40, 8: Ken69-2, 9: Xinluzao13xuanxi, 10: Jinken935, 11: 15-17-1, 12: BingL-11, 13: Nanyin2, 14: Nanyin10, 15: Sheng9, 16: MQZY003, 17: Zhou6, 18: XiamianX1, 19: XiamianX2, 20: Lumian22, 21: Xinluzao42, 22: Jinken1045, 23: Xinluzao51, 24: Jinmian11, 25: Xinluzao47, 26: Xinluzhong35, 27: Xinluzao45, 28: Xinluzao49, 29: KenN27-3.

图 2 引物 NAU2820(A)和 NAU5163(B)在 29 个亲本上扩增结果

Fig. 2 DNA fingerprints of 29 cotton germplasm using SSR primer NAU2820(A)和 NAU5163(B)

表 1 8 个优良亲本间表型及 SSR 标记的遗传距离

Table 1 Genetic distance determined by SSR markers and by cultivar phenotype

遗传距离 Genetic Distance	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8
P1		0.6911	0.6245	0.5742	1.2581	1.3056	0.8817	0.8387
P2	5.3852		0.7754	0.8540	1.4433	1.3040	0.8273	1.0834
P3	6.1644	4.5826		0.7069	1.2852	1.2723	0.5907	0.8882
P4	5.2915	4.5826	5.0990		0.7309	0.9735	0.7363	0.8663
P5	4.7958	4.4721	4.5826	4.5826		1.0410	1.1105	1.2952
P6	5.1962	5.6569	5.1962	5.3852	4.6904		1.0455	1.5098
P7	6.0000	5.3852	5.0990	5.2915	5.1962	5.0000		1.1346
P8	4.7958	4.0000	5.1962	4.7958	4.6904	5.6569	5.3852	

注: 对角线以上为表型遗传距离, 对角线以下为 SSR 标记遗传距离。

Note: Genetic distance detected by SSR markers under diagonal and by cultivar phenotype above diagonal.

表 2 杂种 F₁₍₂₎ 纤维品质性状表现及中亲优势与遗传距离的简单相关

Table 2 Simple correlation of genetic distance with F₁₍₂₎ fiber traits and their F₁₍₂₎ mid-parent heterosis

相关系数 Correlative coefficient	纤维品质性状 Fiber traits	表型遗传距离 Genetic distance determined by cultivar phenotype		SSR 标记遗传距离 Genetic distance determined by SSR markers	
		F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
杂种 F ₁₍₂₎ 表现 Measurements for F ₁₍₂₎ traits	上半部平均长度 Fiber length	0.1805	0.2323	0.4274*	0.2421
	整齐度指数 Fiber uniformity	0.0060	0.2235	-0.0099	0.3068
	马克隆值 Micronaire value	0.1377	-0.0781	-0.3158	-0.2183
	伸长率 Fiber elongation	-0.2298	-0.2787	-0.3972*	0.0443
F ₁₍₂₎ 中亲优势 Mid-parent heterosis for F ₁₍₂₎ traits	断裂比强度 Fiber strength	0.2475	0.3397	0.5208**	0.2387
	上半部平均长度 Fiber length	0.4589*	0.2518	0.2920	-0.0603
	整齐度指数 Fiber uniformity	0.0406	0.2730	-0.0109	0.2282
	马克隆值 Micronaire value	0.1420	-0.0679	-0.4716*	-0.2790
	伸长率 Fiber elongation	-0.2078	-0.1704	-0.1472	0.2736
	断裂比强度 Fiber strength	0.1463	0.1134	0.1110	-0.2425

注: * 表示 0.05 显著水平, ** 表示 0.01 显著水平。

Note: *, ** represent differences significant at 0.05 and 0.01 level, respectively.

优势均与表型及 SSR 标记遗传距离正相关, 其中杂种 F₁ 纤维上半部平均长度与上述 2 种遗传距

离的相关均达到了显著水平, F₁ 纤维上半部平均长度的中亲优势与表型遗传距离的相关达到了

显著水平, F_1 断裂比强度与 SSR 标记遗传距离达到了极显著水平; F_1 、 F_2 的马克隆值及其中亲优势与 SSR 标记遗传距离负相关, 其中 F_1 马克隆值的中亲优势与 SSR 标记遗传距离显著负相关; F_1 的伸长率及其中亲优势与上述 2 种遗传距离负相关, 而杂种 F_2 伸长率及其中亲优势与 SSR 标记遗传距离正相关, 其中仅有 F_1 伸长率与 SSR 标记遗传距离达到了显著水平。

2.3 杂种 F_1 、 F_2 表现及其中亲优势与遗传距离的回归分析

对上述相关性分析结果达到显著和极显著水平的成对性状进行回归分析, 利用 SPSS13.0 进行曲线估计, 首先选择软件提供的 11 种拟合

模型, 曲线估计后选择显著性概率最小、F 值最大的拟合模型。发现 F_1 上半部平均长度与 SSR 遗传距离显著拟合于逆曲线模型(图 3A), 曲线方程为: $y_{\bar{u}} = -40.99x_{SSR}^{-1} + 38.39$ ($r = 0.4438^*$); F_1 断裂比强度与 SSR 遗传距离极显著拟合于 S 曲线模型(图 3B), 曲线方程为: $\ln y_{\bar{s}} = -2.21x_{SSR}^{-1} + 3.83$ ($r = 0.5477^{**}$); F_1 马克隆值的中亲优势与 SSR 遗传距离极显著拟合于逆曲线模型(图 3C), 曲线方程为: $y_{hm} = 2.60x_{SSR}^{-1} - 0.55$ ($r = 0.4909^{**}$); F_1 上半部平均长度(y_{hs})的中亲优势与表型遗传距离极显著拟合于三次曲线模型(图 3D), 曲线方程为: $y_{hs} = -0.57x_{CP}^3 + 1.77x_{CP}^2 - 1.72x_{CP} + 0.52$ ($r = 0.6387^{**}$)。

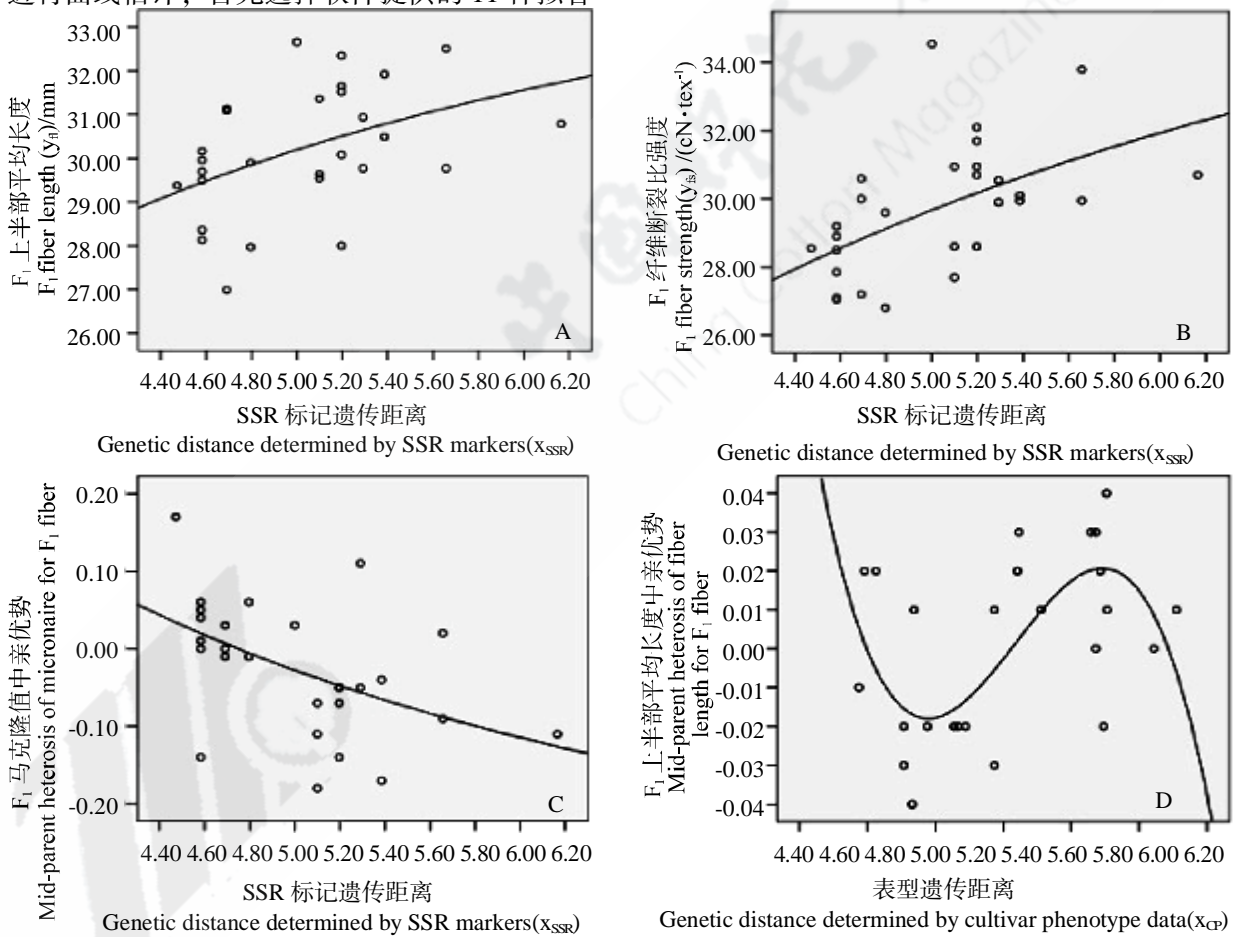


图 3 杂种 F_1 纤维品质性状表现及其中亲优势与遗传距离的曲线分布

Fig. 3 Distribution curves of manifestations for F_1 fiber traits and their mid-parent heterosis with genetic distance

3 结论与讨论

棉花杂种一代平均增产 15% 左右^[11]。印度是当今世界上杂交棉种植面积最大的国家, 杂交种植面积占其棉花总播种面积的 50%^[12]。中国杂

交棉面积已占总种植面积的 20% 以上。随着杂交棉的应用, 棉花杂种优势机理研究备受关注, 也取得了一定进展。学界在研究遗传距离与杂种优势关系时观点不一, 有的认为遗传距离与杂种优势不存在相关关系, 或者认为遗传距离与杂种优势相关, 但决定系数较低, 不适合对杂种优势的

预测^[13]。持反对意见者认为表型性状遗传距离与杂种优势不相关,不能用于杂种优势预测;而分子遗传距离与杂种优势显著相关,适用于杂种优势的预测^[14-16],甚至在遗传距离分析的基础上提出了杂交亲本遗传距离优化^[17]的观点。本研究认为,SSR 标记遗传距离适用于对棉花纤维品质性状杂种表现及其中亲优势预测,其预测结果比表型遗传距离更为准确、可靠。从本研究结果来看,选择 SSR 遗传距离较大、纤维品质较好的亲本在利用杂种改良陆地棉的纤维品质上效果显著。亲本间 SSR 遗传距离越大,杂种 F_1 的纤维长度、比强度及其杂种优势越大,马克隆值及其杂种优势越小,说明选择 SSR 遗传距离较大的品种更有利于提高杂种 F_1 纤维长度、强度和细度,改善棉花纤维的品质。

参考文献:

- [1] 袁隆平. 杂交水稻学[M]. 北京:中国农业出版社,2002.
YUAN Long-ping. Hybrid rice[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2002.
- [2] 武耀廷,张天真,朱协飞,等. 陆地棉遗传距离与杂种 F_1 、 F_2 产量及杂种优势的相关分析[J]. 中国农业科学,2002,35(1):22-28.
WU Yao-ting, Zhang Tian-zhen, Zhu Xie-fei, et al. Relationship between F_1 , F_2 yield, heterosis and genetic distance measured by molecular markers and parent performance in cotton[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2002, 35(1): 22-28.
- [3] 杨代刚,马雄风,周晓箭,等. 陆地棉配合力与杂种优势、遗传距离的相关性分析[J]. 棉花学报,2012,24(3):191-198.
YANG Dai-gang, Ma Xiong-feng, Zhou Xiao-jian, et al. correlation among combining ability general combining, heterosis and genetic distance in upland cotton [J]. Cotton Science, 2012, 24(3): 191-198.
- [4] 唐文武,吴秀兰,黄英金. 转基因抗虫杂交棉亲本间遗传距离与杂种优势的相关性研究 [J]. 江西农业大学学报,2010,32(4):689-694.
TANG Wen-wu, Wu Xiu-lan, Huang Ying-jin. Studies on relationship between genetic distance of parents and heterosis in insect resistant transgenic hybrid cotton[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2010, 32(4): 689-694.
- [5] 陈 强,杨祖荣,王 谧,等. 几个陆地棉表型遗传距离与杂种优势之间的关系研究[J]. 江西农业学报,2011,23(5):25-26.
CHEN Qiang, Yang Zu-rong, Wang Mi, et al. Research on relationship between phenotypic genetic distance and heterosis of several upland cotton combinations [J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2011, 23(5): 25-26.
- [6] 陈 强,王 谧. 陆地棉产量与纤维品质表型遗传距离与杂种优势之间的关系研究[J]. 中国棉花,2011,38(4):25-26.
CHEN Qiang, Wang Mi. Relationship between phenotypic distances and heterosis of yield and fiber characters of upland cotton [J]. China Cotton, 2011, 38(4): 25-26.
- [7] PATERSON A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis [J]. Plant Molecular Biology Reporter, 1993, 11(2): 122-127.
- [8] GUO Wang-zhen, Cai Cai-ping, Wang Chang-biao, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in cotton [J]. Genetics, 2007, 5(176): 527-541.
- [9] 张 军,武耀廷,郭旺珍,等. 棉花微卫星标记的 PAGE/银染快速检测[J]. 棉花学报,2000,12(5):267-269.
ZHANG Jun, Wu Yao-ting, Guo Wang-zhen, et al. Fast screening of microsatellite markers in cotton with PAGE/silver staining [J]. Cotton Science, 2000, 12(5): 267-269.
- [10] ZHANG Jun, Guo Wang-zhen, Zhang Tian-zhen. Molecular linkage map of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. × *Gossypium barbadense* L.) with a haploid population[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 105(8): 1166-1174.
- [11] 邢朝柱,靖深蓉,邢以华. 中国棉花杂种优势利用研究回顾和展望[J]. 棉花学报,2007,19(5):337-345.
XING Chao-zhu, Jing Shen-rong, Xing Yi-hua. Review and prospect on cotton heterosis utilization and study in China[J]. Cotton Science, 2007, 19(5): 337-345.
- [12] BLAISE D. Yield, boll distribution and fiber quality of hybrid cotton (*Gossypium hirsutum* L.) as influenced by organic and modern methods of cultivation [J]. Journal of Agronomy and Crop Science, 2006, 192(4): 248-256.
- [13] SHEN Jin-xiong, Fu Ting-dong, Yang Guang-sheng. Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on SSRs and ISSRs in *Brassica napus* L. [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2003, 2(10): 1083-1090.
- [14] REIF J C, Melchinger A E, Xia Xian-chun, et al. Genetic distance based on simple sequence repeats and heterosis in tropical maize populations[J]. Crop Science, 2003, 43(4): 1275-1282.
- [15] LI Xiao-jie, Yang Guan-pin, Shi Yuan-yuan, et al. Prediction of the heterosis of *Laminaria* hybrids with the genetic distance between their parental gametophyte clones [J]. Journal of Applied Phycology, 2008, 20(6): 1097-1102.
- [16] KRYSKOWIAK K, Adamski T, Surma M, et al. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Euphytica, 2009, 165(3): 419-434.
- [17] TALEBI E, Subramanya G. Genetic distance and heterosis through evaluation index in the silkworm, *Bombyx mori* (L.) [J]. American Journal of Applied Sciences, 2009, 6(12): 1981-1987.