

在尼日利亚不同农业生态区种植的黄秋葵种质的遗传变异， 遗传力和遗传研究

Agbowuro, G. O.¹, Salami, A. E.², Awoyemi, S. O.³, Ogunwale G. I.⁴, Kehinde-Fadare, A. F.², and Olajide O. O.²

¹ 伊丽莎白大学生物科学系

² 埃基蒂州立大学作物园艺与景观设计系

³ 阿库雷联邦农业学院作物生产技术系

⁴ 阿库雷联邦工业大学农业技术学院

【摘要】 在良好的植物育种方法的帮助下，作物品种内某种程度的变异对其改善至关重要。研究进行了一项野外研究实验，目的是估计尼日利亚不同农业生态区中生长的秋葵种质的遗传变异和遗传力。从尼日利亚不同农业生态区的不同地点获得了二十种秋葵。2018年4月至2018年8月，在Ekiti州立大学教学与研究农场评估了20株秋葵。这二十种黄秋葵种质组成了这种处理方法，并在RCBD中将其分为三份重复样本。对于所有研究的性状，结果均具有高度显著性 ($p < 0.01$)。本研究中表型变异系数的幅度略高于基因型变异系数，这表明环境对遗传性能的估计影响不大。在所研究的性状中，表型和基因型变异系数较高。遗传力估计值从天数的75.04%到开花的50%到重量为100颗种子的98.85%不等。对所有研究性状均观察到高遗传力和高遗传优势，表明它们受加性基因作用的控制，这可以通过简单的选择来改善，除了开花到50%的天数，其最低遗传力值加上最低遗传优势值小于10%。

【关键词】 遗传力，遗传进展，改良，遗传变异性，秋葵

Genetic Variations, Heritability and Genetic Advance Studies among Okra Accessions grown in different Agro-ecological Zones in Nigeria

Agbowuro, G. O.¹, Salami, A. E.², Awoyemi, S. O.³, Ogunwale G.I.⁴, Kehinde-Fadare, A. F.² and Olajide O. O.²

¹Department of Biological Sciences Elizade University, Ilara Mokin, Ondo State

²Department of Crop, Horticulture and Landscape Design, Ekiti state University, Ado-Ekiti

³Department of Crop Production Technology, Federal College of Agriculture, Akure

⁴School of Agricultural Technology, Federal University of Technology, Akure.

【Abstract】 Some level of variation within crop varieties is highly important for its improvement with the aids of good plant breeding methods. A field research experiment was carried out with the aim to estimate genetic variation and heritability in the okra accessions grown in different agro-ecological zones in Nigeria. Twenty okra accessions were obtained from various locations in different agro-ecological zones of Nigeria. Twenty okra accessions were evaluated between April to August 2018 at Ekiti State University Teaching and Research Farm, Ekiti State. These twenty okra accessions constituted the treatment, which was laid out in a RCBD in a three replicates. The result were highly significant ($p < 0.01$) for all the traits studied. Magnitude of the phenotypic coefficient of variances were slightly higher than genotypic coefficient of variances in this study which showed that environment did not much influence the estimates of genetic performance. The coefficient of phenotypic and

genotypic variances were high in the traits studied. Heritability estimates ranges from 75.04% for days to 50% flowering to 98.85% for weight of 100 seeds. High heritability with high genetic advance were observed for all the studied traits indicating that they are governed by additive gene action and this could be improved through simple selection except days to 50% flowering with the lowest heritability value coupled with the lowest genetic advance value lesser than 10%.

【Keywords】 Heritability, Genetic advance, Improvement, Genetic variability, Okra

1 前言

黄秋葵 [*Abelmoschus esculentus* (L) Moench] 属于锦葵科和 *Abelmoschus* 属^[1]。根据^[2], 秋葵被认为起源于热带非洲, 从那里广泛传播到亚洲, 美洲, 南欧和其他国家。它是自花授粉的, 尽管据报道有 4-19% 的昆虫与昆虫杂交, 这带来了相当大的遗传^[3]。黄秋葵新鲜水果含有 175.2 mg 矿物质, 2.1 g 蛋白质, 0.2 g 脂肪, 1.7 g 纤维, 每 100 克可食用食物含 8 克碳水化合物, 36 卡路里和 88 毫升水^[4]。黄秋葵是高产作物, 在良好的耕作制度下, 绿豆荚的产量介于 4,480 至 5,500 kg ha⁻¹ 之间^[5]。黄秋葵的未成熟的绿色手指状种子胶囊, 通常被称为“豆荚”, 作为炖菜和色拉, 汤, 切片, 煮熟和油炸的蔬菜进行加工和食用^[6]。

作物种质中存在的遗传变异水平与其提高成正比^[7]。遗传变异性不可低估, 因为它是植物育种工具的一部分, 用来应对世界粮食生产中不断增加的人口^[8]。任何给定作物种群的遗传组成变化对于成功选择和管理其改良计划都至关重要^[9]。对方差的组成部分及其影响, 遗传性和相关性状的遗传进展的深入了解有助于植物育种者确定改善植物遗传构成的合适育种方法。

为了确定相对环境对基因型表达的影响, 遗传力非常重要。很难判断多少可变性是可遗传的, 而大多数可变性是不可遗传的。在遗传参数的帮助下, 将整体变异性分为可遗传和不可遗传组成部分是不可避免的。^[10]谁报告说, 遗传率百分比越高, 可遗传的差异越大, 可通过选择计划提供改善的可能性。仅凭遗传力估计不足以衡量育种计划中可能发生的遗传进展水平。遗传进步还被用于增强遗传力估计, 从而更好地改善作物^[11]。因此, 本研究旨在评估尼日利亚一些农业生态区中生长的秋葵种质的遗传变异, 遗传力和各种性状的遗传进展, 以期开发高产秋葵种质。

2 材料和方法

2.1 学习区说明

在 Ekiti State 的 Ekiti State University 教学和研究中心, 于 2018 年的早期收获季节对秋葵进行了田间试验。它位于北纬 7°31' 和 7°94' 之间。该土地已连续三年用于生产山药, 甜瓜, 豇豆和甘薯等农作物。

2.2 处理和实验设计

从尼日利亚不同的农业生态区获得了二十种秋葵种质。表 1 列出了用于该实验的 20 个种质及其来源。这些种质构成了处理, 在 RCBD 中将其分三批重复。每个品种都播种在单行样地中, 以最大程度地减少与大样地相关的环境影响。人工在每个山上播种两颗种子, 然后在播种三周后稀疏到一颗。每行的长度为 7.5m, 并以 1m x 50 cm 的距离播种植物。通过采用优良的农艺方法, 在田间获得了良好的收成。随机选择十株植物进行记录观察。

2.3 数据采集

收集以下数据: 最终植物高度 (cm), 成熟至 80% 的天数, 新鲜水果长度 (cm), 新鲜水果直径 (cm), 至 50% 开花的天数, 每株植物的果实数, 100 颗种子的重量 (g), 每个水果的种子数, 每个水果的茎数和每株植物的新鲜水果产量 (g)。

2.4 统计分析

2.4.1 方差分析

按照^[12-13]概述的程序对性状进行方差分析 (ANOVA)。表 2 给出了显示期望均方根的方差分析 (ANOVA)。

2.4.2 遗传参数估计

根据^[14]计算表型和基因型方差的成分。表型和基因型估计的变异系数是根据^[15]公式计算的。^[16]将变异值的表型和基因型系数分类为: 低: 0-10%, 中: 10-20%, 高: > 20%。广义上的遗传力和遗传的进步是通过采用^[17]方法来估计的。根据^[17]建议的公式计算了选择性状下的遗传进展 (GA), 每个性状在选择强度为 5% 时的预期遗传进展。遗传进展占平均值的百分比由^[17]描述如下: 低: 0-10%, 中: 10-20%, 高: 20% 及以上。

表 1. 黄秋葵种质及其来源列表

ACCESSIONS	Place of Collection	Ecological Zone
ACCESSION 1	Iwo, Osun State	Forest zone
ACCESSION 2	Ado-Ota, Ogun State	Forest zone
ACCESSION 3	Ogbomoso, Oyo State	Forest zone
ACCESSION 4	Ibadan, Oyo State	Forest zone
ACCESSION 5	Odigbo, Ondo State	Forest zone
ACCESSION 6	Orin-Odo-Ekiti, Ekiti State	Forest zone
ACCESSION 7	Oke-Ako- Ekiti, Ekiti State	Forest zone
ACCESSION 8	Irun-Akoko, Ondo State	Forest zone
ACCESSION 9	Uromi, Edo State	Forest zone
ACCESSION 10	Egbe, Kogi State	Derived Savanna
ACCESSION 11	Ilorin, Kwara State	Derived Savanna
ACCESSION 12	Okenne, Kogi State	Derived Savanna
ACCESSION 13	Offa, Kwara State	Derived Savanna
ACCESSION 14	Odo-Owa, kwara State	Derived Savanna
ACCESSION 15	Suleja, Niger State	Southern Guinea Savanna
ACCESSION 16	Mokwa, Niger State	Southern Guinea Savanna
ACCESSION 17	Lafia, Nasarawa State	Southern Guinea Savanna
ACCESSION 18	Kaduna, Kaduna State	Northern Guinea Savanna
ACCESSION 19	Zaria, Kaduna State	Northern Guinea Savanna
ACCESSION 20	Samaru, Kaduna State	Northern Guinea Savanna

表 2: 方差分析显示预期均方

S/V	DF	EMS
Rep.	r - 1	
Accession	g - 1	$\delta^2_e + r\delta^2_g$
Error	$(r - 1)(g - 1)$	δ^2

Where: δ^2_e : Environmental variance, δ^2_g : Genotypic variance, S/V: Source of variation
 DF: Degree of Freedom, EMS: Expected Means Squares

3 结果与讨论

3.1 方差分析

在所有研究的性状中, 由于基因型引起的均方差均具有显著差异 ($p < 0.01$)。这表明变异范围很广, 并且存在足够的遗传变异性 (表 2)。这与^[18-19]的研究结果一致。

3.2 表型和基因型变异

为任何基因型开发优良品种并选择良好的育种程序取决于基因型之间存在的基因型和表型变异性的 大小。通过基因型和表型变异系数来测量给定人群的变异性^[14]。通常, 任何性状的表型系数值均高于基因型系数值, 这表明环境因素在影响性状表达方面起着重要作用。在本研究中, 表型和基因型变

异系数的几乎相似的趋势和相似的大小表明, 环境对遗传性能的估计几乎没有影响。在考虑到的所有性状中, 最高表型变异系数和基因型变异系数分别在开花至 50% 的天 (46.09% 和 39.09%) 中记录。此外, 在 100 粒种子的重量 (36.65% 和 36.39%) 和最终株高 (33.75% 和 32.66%) 中观察到高的表型和基因型变异系数, 而新鲜水果长度的表型和基因型变异系数最小 (16.16%)。和 14.14.87)。最终植物的高度, 每株植物的枝条数, 新鲜果实的直径, 开花至 50% 的天数, 成熟至 80% 的天数以及 100 粒种子的重量具有大于 20% 的表型和基因型变异系数值, 而其他研究性状具有表型基因型变异系数的值大于 10% 是中等的。因此, 这些特征响应于选择而继续改善。该结果证实了^[20]的发现。一些研究人员已经注意到, 表型和基因型变异系数的高幅度推断对字符的环境表现影响较低, 这可能通过选择方案增加了更大的改良前景^[21-23]。

3.3 遗传力估算

广义遗传性是对基因型变异对总表型变异的总贡献的估计。作为选择合适的育种程序的重要生物测定工具的变异性的可遗传比例的相对量由遗传力确定。因此, 当遗传力高时, 它有助于植物育种者选择特定的性状。在本研究中, 广义估计的遗传力范围为 (75.04%) 到数天到 50% 开花, 以及 (98.85%) 到 100 粒种子的重量。只要遗传力高达某个性状的 60% 或更高, 农艺性状似乎就可以对选择的压力做出有效的响应, 因此选择这种性状很容易。对于所有研究的性状, 广义遗传力均大于 60%。具有广泛的遗传力的结果表明, 加性遗传变异是所有这些性

状遗传中遗传变异的关键组成部分。但是, 可以通过直接选择这些性状来实现改进。

3.4 预期遗传进展的估计

表 4 列出了在选择强度为 5% 时, 以平均数 (GAM) 的百分比表示的遗传进展。其变化范围为: 从开花的前几天的 7.11% 到开花的 50%, 到初生时的株高的 74.62%。

在所有研究的性状中, 以所观察到的平均百分比表示的遗传进展很高。从 100 颗种子的重量 (74.62%), 最终植物高度 (65.12%), 每棵植物的果实数 (48.21%), 新鲜水果直径 (48.14%), 至 80% 成熟的天数 (45.19%), 每株的垄数植株 (39.24), 单株的新鲜产量 (32.80%), 单株的新鲜水果重量 (30.94%) 和新鲜水果长度 (28.17%), 除了天数达到 50% 开花 (7.11%) 以外。以平均百分数表示的对遗传进展的高估表明, 这些性状是受累加基因作用的控制, 这表明可以选择所有这些性状的改良, 除了开花至 50% (7.11%) 的天数。

4 结论

结果表明, 在所研究的秋葵种质中存在遗传变异性, 可以在将来的育种程序中加以利用。对于所有研究的性状, 由于基因型所致的均方差均存在显著差异 ($p < 0.01$), 结果还观察到了几乎相似的趋势以及相似的表型和基因型变异系数幅度。在所有研究的性状中, 广义值的遗传力均高于 60%, 同样, 以平均百分比表示的遗传进展估计值表明, 除开花至开花的 50% 外, 这些性状均大于 20%。考虑到这项研究的结果, 有迹象表明加性基因作用占优势, 可以通过选择来改善, 除了开花至 50% 的天数。

表 3: 针对 10 个秋葵性状的组合方差分析, 值为均方。

S. of V	DF	FPH (cm)	D80%M	FFL (cm)	FFD (cm)	D50%TF	NOF/P	W100S (g)	NOS/F	NOR/F	FFY/P(g)
Rep.	2	102.73*	22.68**	13.75**	12.58**	124.17**	60.07**	11.45*	84.63**	11.46**	0.22*
Acc.	19	2139.09**	6.41**	3.71**	15.55**	12.94**	115.56**	1672.21**	134.79**	7.27**	1.07**
Error	38	0.12	0.21	1.47	1.47	1.29	1.49	7.95	4.64	0.12	0.03

*, ** significant at 5% and 1% levels respectively

Rep.: replication, Acc.: Accession, FPH: final plant height, D80%M: days to 80% maturity, FFL: Fresh fruit length

FFD: Fresh fruit diameter, D50%TF: 50% days to fruiting, NOF/P: Number of fruits per plant,

W100S (g): weight of 100 seeds (g), NOS/F: Number of seeds per fruit, NOR/F: Number of ridges per fruit, FFY/P: fresh fruit yield per plant (g).

表 4: 平均值, 标准误, 范围, 表型和基因型方差

Character	Means \pm S.E	Range Min-Max	Genotypic variances	Phenotypic variances
FPH (cm)	80.83 \pm 3.97	38.60 - 125.60	697.30	744.49
D80%M	6.24 \pm 0.19	2.50 - 10.50	2.0	2.12
FFL (cm)	7.24 \pm 0.26	4.80 - 7.24	1.16	1.37
FFD (cm)	8.08 \pm 0.70	3.80 - 19.2	4.69	6.16
DTF	49.33 \pm 0.65	44.0 - 57.4	3.88	5.17
NOF/P	25.82 \pm 0.7	17.4 - 38.80	38.02	39.51
W100S (g)	64.72 \pm 1.63	26.2 - 100.1	554.75	562.70
NOS/F	41.72 \pm 1.24	20.4 - 53.20	43.38	48.02
NOR/F	7.90 \pm 0.20	6.00 - 12.00	2.38	2.50
FFY/P(g)	3.14 \pm 0.10	2.00 - 4.10	0.34	0.37

*, ** significant at 5% and 1% levels respectively

FPH: final plant height, D80%M: days to 80% maturity, FFL: Fresh fruit length

FFD: Fresh fruit diameter, D50%TF: 50% days to fruiting, NOF/P: Number of fruits per plant,

W100S (g): weight of 100 seeds (g), NOS/F: Number of seeds per fruit, NOR/F: Number of ridges per fruit, FFY/P: fresh fruit yield per plant (g).

表 5: 变异, 遗传力和遗传进展的表型和基因型系数

Character	Heritability (Broad sense) %	Genotypic Coefficients of Variation (%)	Phenotypic Coefficients of Variation (%)	Genetic Advance (%)	G.Amean (%)
FPH (cm)	93.66	32.66	33.75	52.64	65.12
D80%M	94.33	22.6	23.33	2.82	45.19
FFL (cm)	84.67	14.87	16.16	2.04	28.17
FFD (cm)	76.13	26.80	30.71	3.89	48.14
50%DTF	75.04	39.93	46.09	3.51	7.11
NOF/P	96.22	23.88	24.34	12.45	48.21
W100S(g)	98.85	36.39	36.65	48.30	74.62
NOS/F	90.33	15.78	16.60	12.91	30.94
NOR/F	95.20	19.52	20.01	3.10	39.24
FFY/P(g)	91.89	18.56	19.37	1.03	32.80

*, ** significant at 5% and 1% levels respectively

FPH: final plant height, D80%M: days to 80% maturity, FFL: Fresh fruit length

FFD: Fresh fruit diameter, D50%TF: 50% days to fruiting, NOF/P: Number of fruits per plant,

W100S (g): weight of 100 seeds (g), NOS/F: Number of seeds per fruit, NOR/F: Number of ridges per fruit, FFY/P: fresh fruit yield per plant (g).

参考文献

- [1] Schippers R.R. (2000). African indigenous vegetables. In: An overview of the cultivated species. Natural Resources Institute/ACP-EU Technical Center for Agricultural and Rural Cooperation, Chatham, UK. pp: 103-118.
- [2] Muhammad, R. S., Muhammad A., Khurram, Z., Muhammad, M. J., Saeed, A., Qumer, I. and Aamir, N. (2013). Growth, yield and seed production of okra as influenced by different growth regulators. Pakistan Journal of Agricultural Science, 50(3), 387-392.
- [3] Choudhury B. and Choonsai, M.L.A. (1970). Natural cross-pollination in some vegetable crops. Indian J. Agric Sci. 1970; 40(9): 805-812.
- [4] Tindall H.D. (1983). Vegetables in the tropics. Macmillan Press Ltd., London and Basingstoke. pp: 25-328
- [5] Ayodele O.J. (1993). Yield responses of okra [A. esculentus (L.) Moench] to fertilizer. NIHORT Research Bulletin, 13 pp

- [6] Akanbi, W.B., Togun, A. O., Adediran J. A. and Ilupeju, E. A. O. (2010). Growth, dry matter and fruit yield components of okra under organic and inorganic sources of nutrients. *American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture*, 4(1), 1–13.
- [7] Aladele, S. E. (2009). Morphological distinctiveness and metroglyph analysis of fifty accessions of west African Okra. *J. Pl. Breed. Crop Sci.* 1: 273-80
- [8] Ariyo, O.J. (1990). Variation and heritability of fifteen characters in okra (*Abelmoschus esculentus* (L) Moench) *Trop. Agric.* 67: 3, 213 – 216.
- [9] Ndukauba, J., Nwofia, G.E., Okocha, P.I and Ene-Obong, E.E. (2015). Variability in Egusi-Melon Genotypes (*Citrullus lanatus* [Thumb] Matsum and Nakai) in derived Savannah environment in South-Eastern Nigeria. *International Journal of Plant Research* 5(1):19-26. doi:10.5923/j.plant.20150501.04.
- [10] Ansari, B. A., Ansari, K. A. and Khund, A. (2004). Extent of heterosis and heritability in some quantitative characters of bread wheat. *Indus. J. Pl. Sci.*, 3, 189-192.
- [11] Ibrahim M.M. and Hussein, R.M. (2006). Variability, heritability and genetic advance in some genotypes of roselle (*Hibiscus sabdariffa* L.). *World J Agr Sci* 2(3): 340-345.
- [12] Gomez, A. K. and Gomez, A. A. (1984). *Statistical procedures for Agricultural Research*, 2nd edition. John and Sons, inc., Institute of Science pub. New York. 679pp
- [13] SAS Institute, 2002. *SAS /STAT Guide for personal computers*, version 9.0 editions. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- [14] Burton, G.W. and De Vane, E.H. (1953). Estimating heritability in tall fescue from replicated clonal material. *Agronomy Journal* 45: 478-481.
- [15] Burton, G.W. (1952). Quantitative inheritance of grasses. *Proc. 6th int. Grass. Cong* 1: 277-283.
- [16] Sivasubramaniah, S. and Menon, M., (1973). Heterosis and inbreeding depression in rice. *Madras Agric. J.*, 60: 1139.
- [17] Johnson, H. W., Robinson, H. F. and Comstock, R. E. (1955). Estimation of genetic and environmental variability in soybeans. *Agronomy Journal*, 47, 314–318. doi:10.2134/agronj1955.00021962004700070009x
- [18] AdeOluwa, O. O., Kehinde, O. B. (2011). Genetic variability studies in West African Okra (*Abelmoschus caillei*). *Agriculture and Biological Journal of North America*, 2(10): 1326–1335. doi:10.5251/abjna.2011.2.10.1326-1335.
- [19] Muluken, D., Wassu, M. and Endale G. (2016). Variability, heritability and genetic advance in Ethiopian okra [*Abelmoschus esculentus* (L.) Monech] collections for tender fruit yield and other agro-morphological traits. *Journal of Applied Life Sciences International*, 4(1), 1–12. doi:10.9734/JALSI/2016/19483
- [20] Ehab, A. A. I., Mohamed, Y. A. and Ali, M. M. (2013). Genetic behavior of families selected from some local okra [*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench] populations in Egypt. *Plant Breeding and Biotechnology*, 1(4), 396–405. doi:10.9787/PBB.2013.1.4.396
- [21] Salesh K. J., Deepak, A. and Ghai, T. R. (2010). Variability studies for yield and its contributing traits in okra. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 1(6), 1495–1499.
- [22] Swati, B., Reena, N., Meenakshi, R. and Jain, P. K (2014). Genetic variability in okra [*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench]. *An International Quarterly Journal of Environmental Sciences*, 6, 153–56.
- [23] Kishor, D. S., K. Arya, K. J. Yogeesh, K. Y. Vinod, K. Hee-Jong, 2016. Genotypic variation among okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) germplasms in South Indian Plant Breeding and Biotechnology, 4(2), 234–241. doi:10.9787/PBB.2016.4.2.234

收稿日期: 2020年5月15日

出刊日期: 2020年6月17日

引用本文: Agbowuro, G. O., Salami, A. E., Awoyemi, S. O., Ogunwale G. I., Kehinde-Fadare, A. F., and Olajide O. O., 在尼日利亚不同农业生态区种植的黄秋葵种质的遗传变异, 遗传力和遗传研究[J]. 国际遗传前沿杂志, 2020, 1(1): 18-23

检索信息: 中国知网、万方数据、Google Scholar

版权声明: ©2020 作者与开放获取期刊研究中心(OAJRC)所有。本文章按照知识共享署名许可条款发表。 <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



OPEN ACCESS