

# 基于SNP标记揭示广西糯玉米地方品种的遗传多样性与群体遗传结构

范兢升<sup>1</sup>, 谢和霞<sup>2</sup>, 谢小东<sup>2</sup>, 周海宇<sup>2</sup>, 程伟东<sup>2</sup>, 覃兰秋<sup>2</sup>, 江禹奉<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>广西壮族自治区亚热带作物研究所, 南宁 530001; <sup>2</sup>广西壮族自治区农业科学院玉米研究所/国家玉米改良中心广西分中心, 南宁 530007)

**摘要:** 为了挖掘优异糯玉米种质资源, 提高糯玉米育种效率, 本研究利用10K玉米基因芯片对207个广西糯玉米地方品种和6份参考自交系进行全基因组扫描, 解析广西糯玉米地方品种之间的遗传多样性与群体遗传结构。结果表明, 广西糯玉米种群总体的遗传多样性较高, 平均期望杂合度(He)为0.31, 平均观察杂合度(Ho)为0.23, 多态信息含量(PIC)平均值为0.25, 最小等位基因频率(MAF)平均值为0.23。种群水平上, 桂中区域的遗传多样性水平最高(He=0.32, Ho=0.24, MAF=0.24, PIC=0.26)。群体遗传结构分析将地方品种划分为4大类群, 种群间遗传关系和类群归属与地理位置不完全相关, 品种间总体遗传相似系数偏低, 遗传多样性丰富。分子变异方差分析结果显示99%的遗传变异来自种群内。群体间遗传分化系数( $F_{ST}$ )为0.008, 群体间分化程度较低。研究结果确定了广西不同区域糯玉米地方品种多态性及亲缘关系, 为广西糯玉米种质改良和指导新品种培育提供理论依据。

**关键词:** 糯玉米; 地方品种; 遗传多样性; SNP标记

## Exploring the Genetic Diversity and Population Structure of Guangxi Waxy Maize Landraces Based on SNP Markers

FAN Jing-sheng<sup>1</sup>, XIE He-xia<sup>2</sup>, XIE Xiao-dong<sup>2</sup>, ZHOU Hai-yu<sup>2</sup>, CHENG Wei-dong<sup>2</sup>,  
QIN Lan-qiu<sup>2</sup>, JIANG Yu-feng<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Guangxi Subtropical Crops Research Institute, Nanning 530001; <sup>2</sup>Institute of Maize Research, Guangxi Academy of Agricultural Sciences/Guangxi Sub-center of National Maize Improvement Center, Nanning 530007)

**Abstract:** In order to dissect elite waxy maize germplasm resources from landraces in maize breeding, the genetic diversity 207 Guangxi waxy maize landraces and 6 reference waxy inbred lines was analyzed by genome-wide scanning based on 10K SNP markers. The results showed that the overall genetic diversity of this population was relatively high, with an average expected heterozygosity (He) of 0.31, observed heterozygosity (Ho) of 0.23, and an average polymorphic information content (PIC) of 0.25. The genetic diversity in central Guangxi was the highest (He=0.32, Ho=0.24, MAF=0.24, PIC=0.26) at the population level. These landraces were divided into four major groups by population structure analysis. A correlation on the genetic relationship between populations and the geographical originations of landraces was not observed. In general, the genetic similarity coefficient among Guangxi waxy maize landraces is low, thus suggesting abundant the genetic diversity. Analysis

收稿日期: 2022-10-31 修回日期: 2022-12-14 网络出版日期: 2023-01-20

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20221031002>

第一作者研究方向为玉米种质资源研究及遗传育种, E-mail: jingshengfan@yeah.net; 谢和霞为共同第一作者

通信作者: 江禹奉, 研究方向为玉米种质资源研究及遗传育种, E-mail: 82668259@qq.com

覃兰秋, 研究方向为玉米种质资源研究及遗传育种, E-mail: 448401839@qq.com

**基金项目:** 广西科技厅广西科技基地和人才专项(桂科AD20159093); 广西科技重大专项(桂科AA17204045-2); 广西农业科学院基本科研业务专项(桂农科2021YT017); 国家作物种质资源数据中心(NAES018GR03)

**Foundation projects:** Guangxi Science and Technology Base and Talent Special Project of Guangxi Science and Technology Department (GuikeAD20159093); Guangxi Major Science and Technology Projects (GuikeAA17204045-2); Basic Scientific Research Projects of Guangxi Academy of Agricultural Sciences (Guinongke2021YT017); National Crop Germplasm Resources Data Center (NAES018GR03)

of variance for molecular variation (AMOVA) showed that 99% of the genetic variation is contributed by the intra-population diversity. The genetic differentiation coefficient ( $F_{ST}$ ) between groups was 0.008, indicating a low-level differentiation among groups. In summary, the present study unlocked the genetic diversity and relationship of waxy maize landraces in different regions of Guangxi, and provided a theoretical guidance for waxy maize germplasm improvement and breeding of new varieties in Guangxi.

**Key words:** waxy maize; landrace; genetic diversity; SNP marker

糯玉米 (*Zeamays L. sinensis* Kulesh) 又称为粘玉米或蜡质玉米, 由硬粒型玉米在第9号染色体的 *Wx* 基因发生突变而形成, 富含支链淀粉, 主要用于鲜食及生产各类变性淀粉<sup>[1-3]</sup>。我国西南地区(云南、广西、贵州一带)是糯玉米的初生起源中心, 保存有大量的地方农家种, 种质资源丰富<sup>[4]</sup>。地方品种作为一种重要的基础资源, 对当地独特的地理环境适应性强, 遗传基础丰富, 是不可或缺的育种材料<sup>[5]</sup>。

利用广西地方糯玉米种质资源育成了大量的糯玉米新品种。2003-2020年广西审定的153个糯玉米品种中, 58个品种的亲本来自广西糯玉米地方品种, 占比37.9%。其中, 宜山糯种质育成玉美头601、玉美头606和桂甜糯525等品种, 占比25.5%; 怀远糯种质育成桂糯528、桂花糯526和河糯612等品种, 占比7.8%; 都安糯种质育成桂甜糯525、兆香糯1号和鲜甜糯868等品种, 占比5.9%; 克洞糯种质育成兆香糯3号、桂糯530等品种, 占比3.9%。育成的新品种如柳糯1号、玉美头601号和桂糯529等在广西及周边市场包括在东盟国家, 表现出良好的丰产性和适应性, 是广西及相邻生态区市场的当家品种<sup>[6-8]</sup>。但目前糯玉米地方品种无系谱记录, 亲缘关系不清, 利用糯玉米地方种质开展种质创新存在较大困难<sup>[9-10]</sup>。因此, 研究广西糯玉米地方品种的遗传多样性、群体结构和亲缘关系, 阐明广西糯玉米地方品种的种质特点, 对糯玉米地方品种的应用、糯玉米种质创新和新品种培育具有重要指导意义。

单核苷酸多态性 (SNP, single nucleotide polymorphisms) 在基因组中数量多、分布广、多态性丰富、遗传稳定性好、易于高通量分析, 已成为分子育种应用的首选标记<sup>[11-14]</sup>。在玉米遗传多样性分析方面, Liu等<sup>[15]</sup>利用40757个SNP标记对240份中国常用玉米自交系进行了基因分型, 将240份自交系分为5个亚群, 结果与系谱一致。徐磊等<sup>[13]</sup>利用4767个SNP标记将国内市场上推广的39份糯玉米品种划分为5大类群。肖颖妮等<sup>[16]</sup>利用5067个

SNP标记将385个鲜食玉米品种划分为3个类群。曾艳华等<sup>[17]</sup>利用14338个SNP标记将广西45个爆裂玉米农家品种、中国2个爆裂玉米杂交种和6个南美爆裂玉米种质划分为3大类群, 研究发现广西爆裂玉米农家品种遗传相似性较高, 与杂交品种和南美品种遗传差异较大。

目前利用SNP标记对广西地区糯玉米农家品种遗传多样性的研究尚未见报道。本研究采用10K玉米基因芯片分析广西地区207份糯玉米地方品种的遗传多样性, 了解这些地方品种在全基因组水平上的群体结构和亲缘关系, 为糯玉米种质改良和指导新品种培育提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

试验材料207份糯玉米地方品种(详见 <https://doi.org/10.13430/j.cnki.20221031002>, 附表1)收集自广西各地, 按其收集的来源地分为桂北品种、桂西品种、桂南品种与桂中品种, 数量分别为11份、100份、46份和50份。以近年育成的高产优质糯玉米品种桂甜糯525、桂糯518和桂甜糯987的6个亲本自交系为对照, 均由广西农业科学院玉米研究所提供。

对照品系CK\_DN226为宜州糯、都安糯和克洞糯选系, 育成国审品种桂糯518和桂审品种桂糯523; CK\_DN227为莫宜糯, 来源于宜山糯, 作为亲本育成3个品种; CK\_DN230来源于天等糯, 育成桂审品种桂甜糯987; CK\_DN232来源于花甜糯179分离双隐二环系, 育成国审品种桂甜糯525; CK\_DN234来源于马来甜玉米杂交种分离双隐二环系; CK\_DN235为甜玉米分离二环系。

### 1.2 SNP基因型分型及统计分析

委托中玉金标记生物技术股份有限公司进行基因组DNA提取<sup>[18]</sup>、DNA质量检测与基因型检测。10K玉米微阵列芯片共包含9573个位点, 均匀分布在玉米10条染色体上, 每条染色体上两标记间的物理距离平均在200 kb左右。

基因型数据分析基于Axiom Analysis Suite软

件进行,通过对数据质控(DQC, data quality control) >0.82、标记检出率(CR, call rate) >97%的样品进行SNP位点质控,过滤去掉最小等位基因频率(MAF, minor allele frequency) <5%和缺失率(Miss) >10%的标记,剩余5186个可用标记。使用样品的杂合标记数除以总标记数计算样品杂合率(Heterozygosity);使用基因型一致的标记个数除以能成功分型的标记总数计算自交系之间的遗传相似系数;利用PowerMarkerV3.25<sup>[19]</sup>计算群体的主等位基因频率(MaF, major allele frequency)、最小等位基因频率(MAF, minor allele frequency)、杂合率、缺失率、期望杂合度(He, expected heterozygosity)、观察杂合度(Ho, observed heterozygosity)及多态信息含量(PIC, polymorphism information content)。

### 1.3 遗传组成差异分析

利用Treebest软件<sup>[20]</sup>中NJ-tree模型计算品种间遗传距离并构建进化树,利用GCTA软件<sup>[21]</sup>对样品进行主成分分析,利用Admixture软件<sup>[22]</sup>与STRUCTURE2.3.4软件<sup>[23]</sup>进行群体遗传结构分析与最佳类群分组的确定,利用GenAlEx软件<sup>[24]</sup>进行分子变异方差分析(AMOVA, molecular variation analysis of variance)与种群间的遗传分化系数( $F_{st}$ , fixation index)的计算。

## 2 结果与分析

### 2.1 SNP位点的多态性分析

利用10K玉米基因芯片对材料进行基因型检测,过滤后最终获得5186个可用标记,标记在10条染色体上分布不均,1号染色体的标记数量最多(756个),而10号染色体上的标记数量最少(289个)(图1)。标记检出率均在97.6%以上,其中92%的标记检出率大于99%,表明该芯片对供试糯玉米地方品种SNP位点具有较高的分型效率。

遗传多样性分析结果如表1所示,广西糯玉米种群总体的遗传多样性较高,平均期望杂合度为0.31,平均观察杂合度为0.23,多态信息含量平均值为0.25,最小等位基因频率平均值为0.23。种群水平上,桂中区域的遗传多样性水平最高,期望杂合度、观察杂合度、最小等位基因频率和多态信息含量分别为0.32、0.24、0.24和0.26。桂西区域的遗传多样性水平最低,期望杂合度、观察杂合度、最小等位基因频率和多态信息含量分别为0.29、0.22、0.21和0.24。桂中区域的观察杂合度与多态信息含量最高,为0.24和0.26。

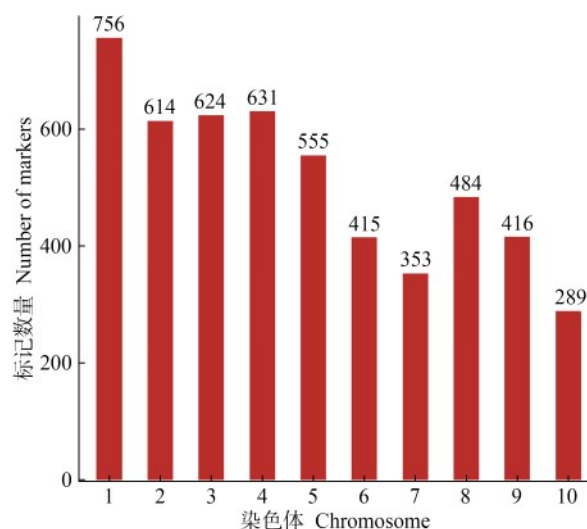


图1 5186个SNP标记在玉米10条染色体上的分布

Fig.1 Distribution of 5186 SNP markers on 10 maize chromosomes

### 2.2 品种杂合率分析

5186个SNP位点在广西糯玉米地方品种的平均杂合率为25.05%,杂合率变异幅度为3.77%~41.07%,种质的杂合率差异较大(图2)。

桂北区域品种的平均杂合率为22.87%,杂合率变异幅度为13.39%~32.79%;桂南区域品种的平均杂合率为25.46%,杂合率变异幅度为3.77%~35.71%;桂西区域品种的平均杂合率为24.60%,杂合率变异幅度为7.04%~41.07%;桂中区域品种的平均杂合率为26.07%,杂合率变异幅度为14.22%~40.88%。

地方品种的纯合程度较低,仅有4个品种杂合率低于10%,占比2%,可能是自交代数较高导致,为DN187(南宁早玉米)、DN210(河池雪白糯玉米)、DN162(南宁糯玉米)和DN213(河池中糯玉米)。

### 2.3 群体结构分析

**2.3.1 进化树分析与主成分分析** 通过Nei's1983算法计算地方品种两两之间的遗传距离,运用Treebest软件基于5186个SNP位点,采用NJ-tree模型构建进化树,图中每一个分支代表一个品种,分支分离的越早表明遗传关系越远(图3),利用GCTA对207个糯玉米品种进行主成分分析(图4)。

不同区域地方品种间遗传距离的变化范围为0.102~0.344,平均值为0.209,遗传距离最小的两个地方品种为DN91(崇左糯玉米)和DN54(百色糯玉米),遗传距离最大的是DN187(南宁早玉米)和DN180(来宾糯米包)。

进化树与主成分分析结果一致,结果显示:



表1 基于213个糯玉米种质的5186个SNP标记的多样性分析

Table 1 Diversity statistics of 5186 SNP markers based on 213 waxy maize germplasms

种群区域 Population	群体个数 N	期望杂合度 He	观察杂合度 Ho	主要等位基因频率 MaF	最小等位基因频率 MAF	多态信息含量 PIC
桂北 Northern Guangxi	11	0.30	0.21	0.78	0.22	0.25
桂南 Southern Guangxi	46	0.32	0.23	0.76	0.24	0.26
桂西 Western Guangxi	100	0.29	0.22	0.79	0.21	0.24
桂中 Central Guangxi	50	0.32	0.24	0.76	0.24	0.26
参考品系 Reference	6	0.30	0.01	0.76	0.24	0.24
总体 Total	207	0.31	0.23	0.77	0.23	0.25

N: Number of individuals; He: Expected heterozygosity; Ho: Heterozygosity observed; MaF: Major allele frequency; MAF: Minor allele frequency; PIC: Polymorphism information content

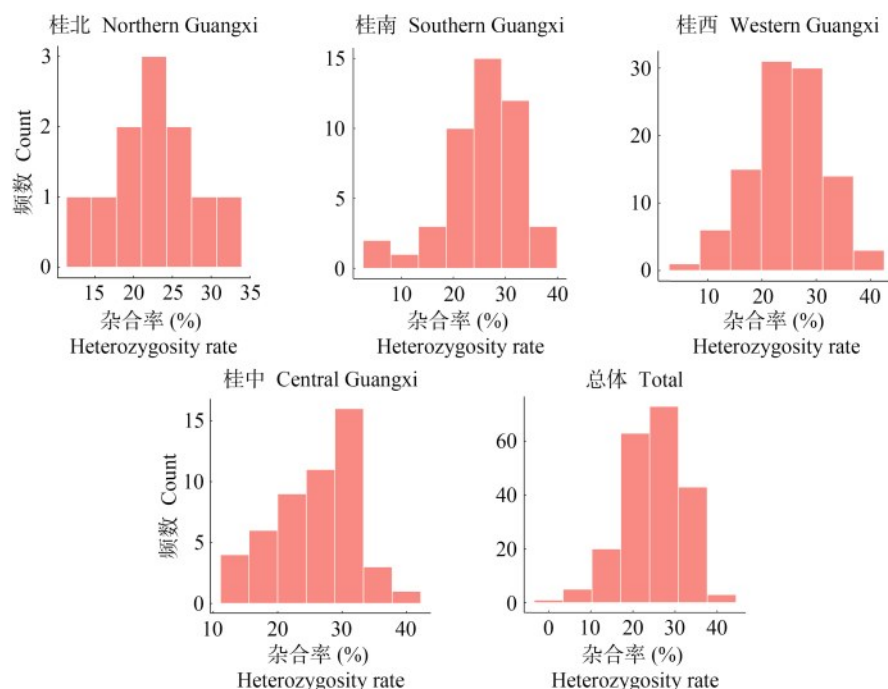


图2 糯玉米地方品种杂合率分布直方图

Fig.2 Histogram of heterozygosity rate distribution of waxy maize landraces

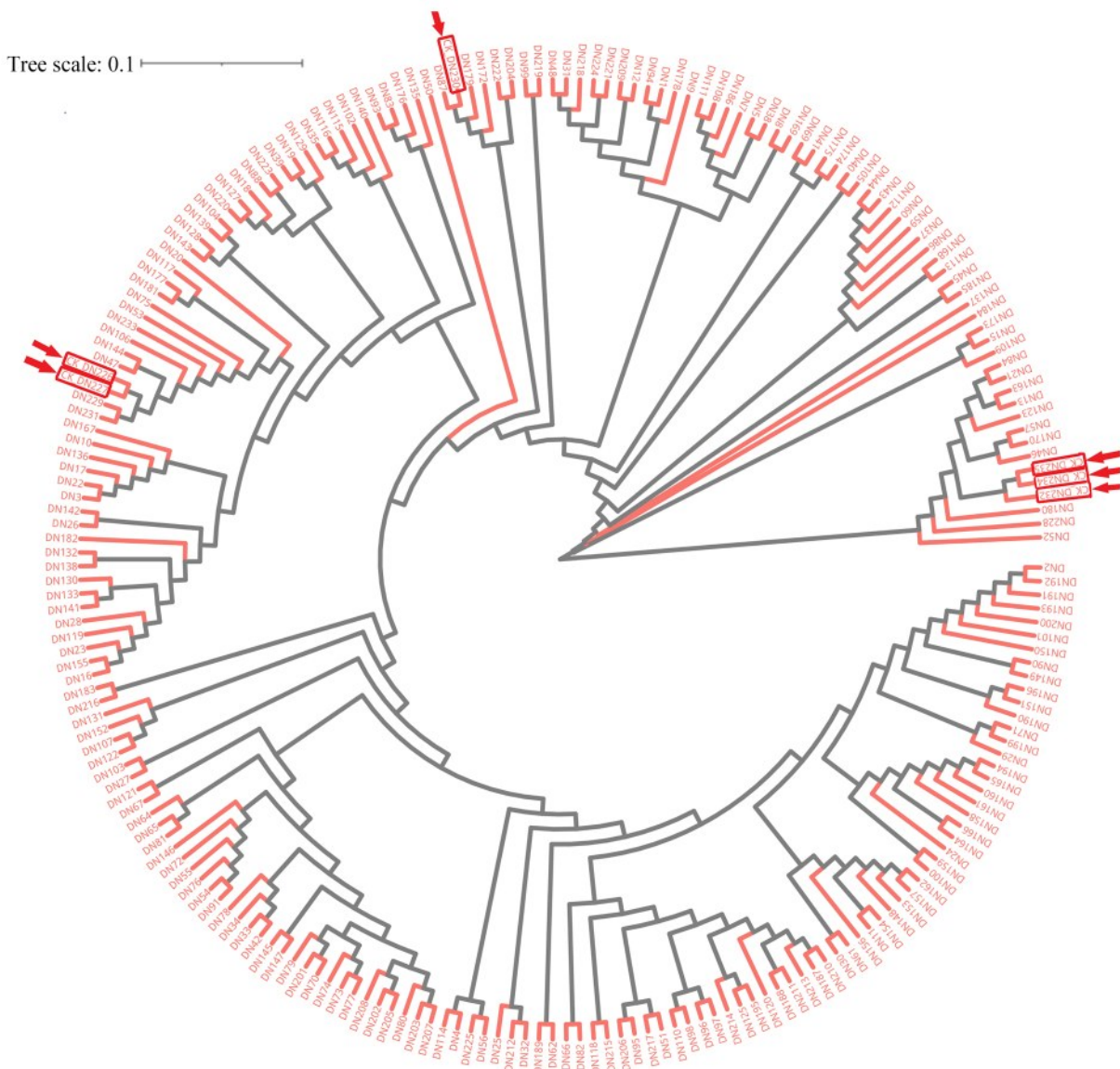
天等糯选系CK\_DN230(NF7)与来源于桂中地区的DN87(柳州本地糯玉米)、DN179(来宾本地白玉米)、DN172(来宾本地糯玉米)和DN222(来宾明机糯)聚为一类。

CK\_DN232、CK\_DN234和CK\_DN235与来源于桂西南地区9个地方品种聚为一类,包括DN170(来宾鲁班糯玉米)、DN57(河池宜州白糯)、DN46(崇左糯玉米)、DN180(来宾糯米包)、DN123(崇左本地糯玉米)、DN21(河池雪白糯玉米)、DN84(柳州糯玉米)、DN13(防城港糯玉米)和DN163(南宁糯玉米)。

来源于宜州糯、都安糯和克洞糯选系CK\_DN226和来源于宜山糯选系莫宜糯CK\_DN227与桂南地区品种DN47(崇左白糯苞谷)和DN144(南宁土糯玉米)聚在一起。

**2.3.2 群体遗传结构分析** 群体遗传结构分析结果如图5所示,K=4时CV error最小,为0.62261,其次是K=5,CV error为0.62297(图5)。在K=4时,将本研究207个糯玉米地方品种划分为4个类群(详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20221031002>,附图1)。类群2的地方品种数量最多,类群2包含天等糯选系NF7(CK\_DN230)与161个地方品种(90个来源于桂西,34个来源于桂中,29个来源于桂南,8个来源于桂北)。类群1包含CK\_DN232与35个地方品种,类群3包含CK\_DN234、CK\_DN235与8个地方品种,类群4包含CK\_DN226、CK\_DN227与3个地方品种。

各类群的Q值分布(表2)结果显示71.97%的地方品种Q值 $\geq 0.6$ ,21.73%的地方品种Q值 $\geq 0.9$ ,这些品种遗传背景较为单一。28.2%的地方品种Q值 $< 0.6$ ,具有混合来源,遗传背景较为复杂。



图中箭头所示位置为本研究中6份参考自交系;每一分支为材料编号  
 The arrows in the figure show the six reference inbred lines in this study; Each branch is the material number

图3 糯玉米地方品种和对照自交系的进化树

Fig.3 Evolutionary tree of waxy maize landraces and reference inbred lines

2.4 遗传相似系数分析

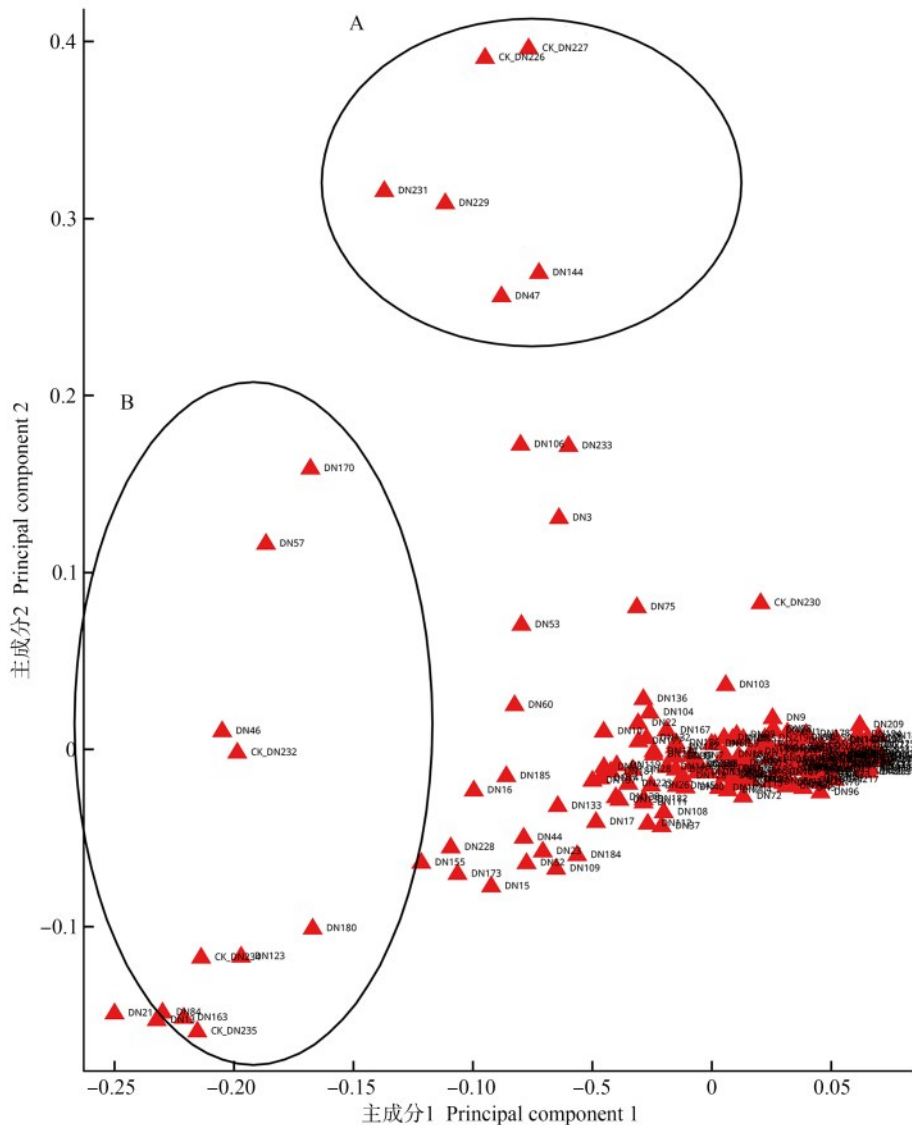
利用 5186 个 SNP 标记分析供试材料的遗传变异程度,供试材料平均遗传相似系数为 0.51(图 6)。遗传相似系数最大的一组地方品种为 DN98 vs DN110(0.69),均为百色糯玉米;遗传相似系数最小的一组地方品种为 DN189 vs DN123(0.39),分别为南宁糯玉米和崇左本地糯玉米。

地方品种在桂中、桂西、桂南和桂北区域的平均遗传相似系数分别为 0.50、0.54、0.50 和 0.51,各个区域的遗传相似系数差异不大。普遍认为同一血缘材料的遗传相似系数在 0.6 以上,桂中、桂西和桂南地方品种遗传相似系数在 0.6 以上的品种占比

别为 1.6%、10.8% 和 6.2%,表明桂西地区大多数地方品种来自同一血缘。桂北地区仅 1 对品种遗传相似系数大于 0.6,表明桂北地区绝大多数地方品种没有明显的血缘关系,遗传基础丰富。

2.5 分子变异方差分析与遗传分化

分子变异方差分析结果显示,种群间的遗传变异仅占总变异的 1%,种群内的遗传变异占总变异的 99%(表 3)。在按照来源划分的 4 个种群中,群体间遗传分化系数平均值为 0.008(表 4),其中桂北区域的  $F_{ST}$  值最高(0.014),桂中区域和桂西区域最低,均为 0.006。桂北地区的群体间遗传分化较其他地区高。



A: 与CK\_DN226和CK\_DN227聚在一起的地方品种; B: 与CK\_DN232、CK\_DN234和CK\_DN235聚在一起的地方品种  
 A: Landraces clustered with CK\_DN226 and CK\_DN227; B: Landraces clustered with CK\_DN232, CK\_DN234 and CK\_DN235

图4 糯玉米地方品种和对照自交系的主成分分析

Fig.4 Principal component analysis results of waxy maize landraces and reference inbred lines

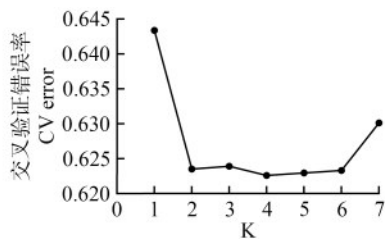


图5 当K=1~7时每个K值的交叉验证错误率

Fig.5 Line plots of cross-validation error rate of each K value when K=1~7

### 3 讨论

第3代SNP分子标记技术具有与功能基因关联度高、易开发、突变率低、样品检测通量高等优势，

广泛应用于水稻、玉米、大麦等作物遗传多样性分析、遗传图谱构建及基因定位和品种鉴定等领域<sup>[25-28]</sup>。本研究选用的糯玉米地方品种来自广西各县区，品种类型丰富，籽粒颜色包括白色、花色和黑色，具有广泛的代表性。

物种的遗传多样性越丰富，其抗逆性与对环境变化的适应能力就越强，分析遗传多样性对于玉米种质资源改良和指导新品种培育具有重要意义<sup>[16]</sup>。史亚兴等<sup>[29]</sup>利用1059个SNP标记对39份糯玉米自交系进行遗传多样性分析，多态信息含量平均值为0.31，最小等位基因频率平均值为0.29，期望杂合度平均值为0.39。张金渝等<sup>[30]</sup>利用SSR标记对37个云南糯玉米地方品种进行研究，多态信息含

量值为 0.87, Shannon 多样性指数  $I$  为 0.54。卢媛等<sup>[31]</sup>利用 34251 个 SNP 标记对 44 份糯玉米自交系进行全基因组扫描, 检测到多态信息含量平均为 0.32, 最小等位基因频率  $\geq 0.03$ 。本研究中 5186 个 SNP 标记在各区域地方品种中平均最小等位基因频率为 0.23, 多态信息含量的变化范围为 0.24~0.26, 多态信息含量平均值为 0.25, 选用的 SNP 标记

为中度多态性位点, 与前人的研究结果一致。本研究中地方品种期望杂合度 ( $H_e$ ) 的变幅为 0.29~0.32, 平均值为 0.31, 低于 1059 个 SNP 标记在 39 份糯玉米自交系 ( $H_e=0.39$ ) 与 47441 个 DArTseq 标记在 190 个非洲地方品种 ( $H_e=0.36$ ) 中的报道<sup>[29,32]</sup>, 原因可能在于供试材料遗传相似系数偏高或材料间亲缘关系较近。

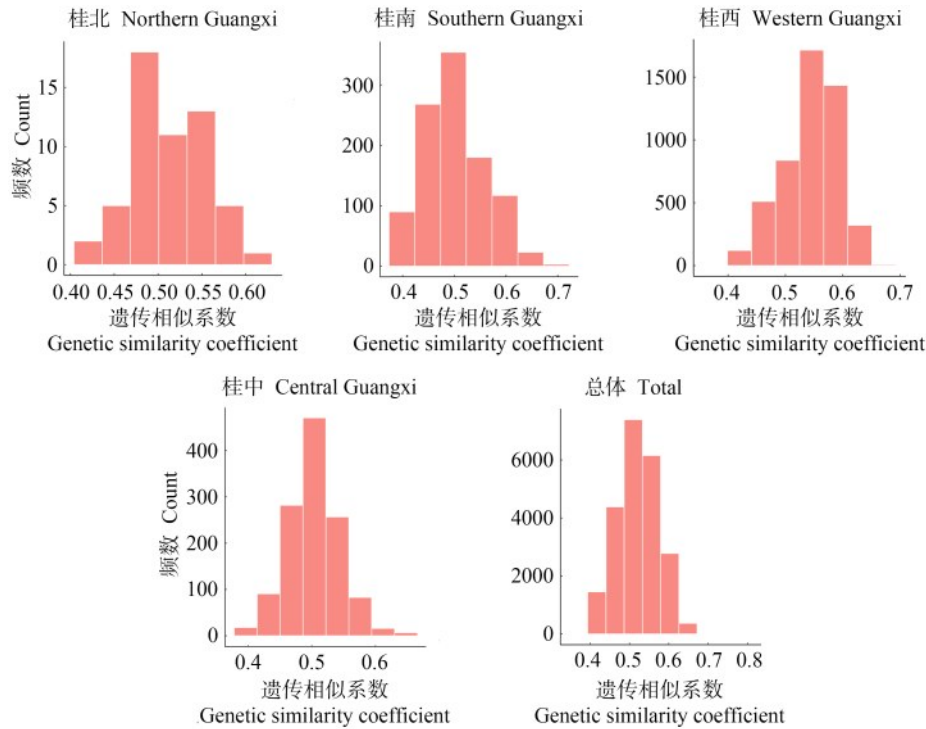


图 6 广西糯玉米地方品种遗传相似系数分布直方图

Fig.6 Histogram of genetic similarity coefficient distribution of Guangxi waxy maize landraces

表 3 广西糯玉米种质资源 5 个种群的分子变异方差分析 (AMOVA)

Table 3 Analysis of molecular variance (AMOVA) of five populations of waxy maize germplasm resources in Guangxi

变异来源	自由度	平方和	均方差	估计方差	方差分量百分率 (%)
Source	df	SS	MS	Variance of estimate	Percentage of variance component
种群间 Among populations	4	5927.77	1481.94	6.32	1
种群内 Within populations	211	263567.99	1249.14	1249.14	99
总体 Total	215	269495.76		1255.46	100

表 4 广西糯玉米种质资源 5 个种群的群体间遗传分化系数 ( $F_{ST}$ )

Table 4 Genetic differentiation coefficient ( $F_{ST}$ ) among five populations of waxy maize germplasm resources in Guangxi

区域	桂中	桂北	桂南	桂西	参考品种
Region	Central Guangxi	Northern Guangxi	Southern Guangxi	Western Guangxi	Reference variety
桂中 Central Guangxi	—	0.013	0.008	0.004	0
桂北 Northern Guangxi	0.013	—	0.016	0.018	0.011
桂南 Southern Guangxi	0.008	0.016	—	0.001	0.004
桂西 Western Guangxi	0.004	0.018	0.001	—	0.001
参考品种 Reference variety	0	0.011	0.004	0.001	—
群体间遗传分化系数 $F_{ST}$ among populations	0.006	0.014	0.007	0.006	0.004



表2 各类群Q值分布

Table 2 Distribution of Q values for various groups

类群 Group	各类群地方品种数量 Number of landraces in various groups	品种数量/频率(%) Number of landraces/frequency			
		Q<0.6	0.6≤Q<0.8	0.8≤Q<0.9	Q≥0.9
类群1 Population 1	35	22/62.86	10/28.57	2/5.71	1/2.86
类群2 Population 2	161	32/19.87	58/36.02	30/18.63	41/25.47
类群3 Population 3	8	3/37.50	2/25	0	3/37.5
类群4 Population 4	3	1/33.33	2/66.67	0	0
合计 Total	207	58/28.02	72/34.78	32/15.46	45/21.73

品种的纯合程度可通过样品杂合率来体现,样品杂合率随着自交代数的增加而降低,研究认为玉米高代自交系的杂合率低于10%<sup>[17]</sup>。本研究中地方品种的杂合率总体较高,平均杂合率为25.05%,桂中区域地方品种的杂合率最高,为26.07%,表明遗传基础丰富。

群体结构分析能明确群体中个体的遗传组分,有助于明确种质间的遗传关系。本研究中207份糯玉米地方品种与6份参考自交系被划分为4个类群。Q值<0.6的地方品种有58个,占比28.02%,这些地方品种遗传组分混杂程度高,存在基因交流。149个Q值≥0.6的地方品种遗传背景简单,来源较为单一,其中桂中、桂西、桂南与桂北地方品种的平均Q值分别为74.4%、83.7%、81.0%和75.8%,桂西区域地方品种的遗传背景纯正比率略高于其他区域的地方品种。

主成分分析与进化树结果显示遗传距离最小的地方品种来自崇左市与百色市,遗传距离最大的地方品种来自南宁市与来宾市,且同一区域来源的地方品种分散聚集于不同的类群,表明类群的聚集

广西山区交通不便,农民种植地方品种的成本低,分布最集中的区域为海拔400~800 m的中高海拔山区,有利于地方品种间产生遗传分化<sup>[33]</sup>。群体间遗传分化系数用于计算SNP变异位点在不同群体中的分化程度,当 $F_{ST}$ 为0~0.05时,群体间遗传分化很小,地方群体间的遗传组成相似<sup>[34]</sup>。本研究中各种群间 $F_{ST}$ 值均小于0.05,遗传分化很低,遗传距离近,种群内变异占总变异的99%,可能原因在于各个种群在过去曾发生过地方品种间的交流,抵制了种群间的遗传分化。种质的频繁交流使得遗传差异减少,遗传基础逐渐狭窄。

本研究从分子水平上阐明了广西地方糯玉米种质的遗传多样性和亲缘关系,为进一步鉴定和利用广西地方糯玉米种质资源,发掘优异性状,拓展

与地方品种的地理来源无确定性关系。群体遗传结构分析中划分为同一类群的地方品种与参考自交系在主成分分析与进化树分析中也聚在一起,3种聚类方法结果基本一致。本研究中参考自交系莫宜糯(宜山糯)、YL611(宜州糯、都安糯和克洞糯选系)与南宁土糯玉米、崇左百色糯苞谷和来宾鲁班糯玉米划分为同一类群,77.7%的地方品种与NF7(天等糯)划分为同一类群。近年来宜山糯种质、都安糯种质和克洞糯种质等地方种质资源育成了大量优质新品种,在本研究的基础上可以进一步根据地方种质的大田综合表现进行筛选与改良,挖掘地方种质的优良性状,通过育种工作积累地方种质的有利基因。遗传相似系数分析可为种质改良提供理论参考,遗传相似系数在0.60或0.70以上被认为同一血缘材料,0.50左右或者以下被认为无血缘关系。本研究中糯玉米地方品种间平均遗传相似系数为0.51,变幅为0.39~0.69,变异幅度大。桂西区域的平均遗传相似系数及遗传相似系数在0.6以上的品种占比均为最高,表明该区域地方品种相同血缘的材料最多。

糯玉米育种的种质基础提供参考依据。

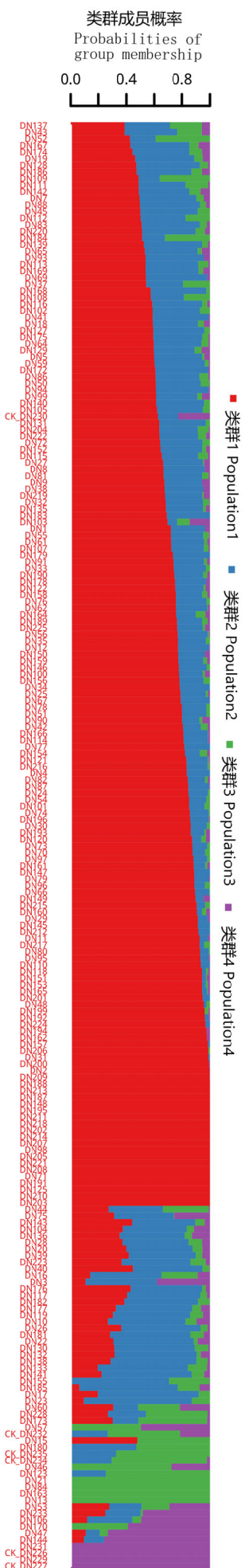
#### 参考文献

- [1] 谢孝颐,蔡志飞,印志同,陈国清,陆虎华. 糯玉米育种概论. 玉米科学,2003,31(S2): 58-67  
Xie X Y, Cai Z F, Yin Z T, Chen G Q, Lu H H. Introduction to waxy maize breeding. Journal of Maize Sciences, 2003, 31 (S2): 58-67
- [2] 岳海峰,李武,刘君,王靖,刘鹏飞,蒋锋,陈青春,张姿丽. 鲜食糯玉米主要农艺性状相关及通径分析. 仲恺农业工程学院学报,2022,35(1): 18-23  
Yue H F, Li W, Liu J, Wang J, Liu P F, Jiang F, Chen Q C, Zhang Z L. Correlation and path analysis of main agronomic traits of fresh-eating waxy maize. Journal of Zhongkai University of Agriculture and Engineering, 2022, 35(1): 18-23
- [3] 李艳茹,吉士东,郑大浩. 糯玉米的营养价值和前景. 延



- 边大学农学报, 2003, 25(2): 145-148
- Li Y R, Ji S D, Zheng D H. Nutritive value and developmental prospect of waxy corn. *Journal of Agricultural Science Yanbian University*, 2003, 25(2): 145-148
- [4] 杨太兴, 曾孟潜, 王璞. 我国南方糯玉米(*Zea mays Sinensis*)的过氧化物酶同工酶分析. *植物学报*, 1981(2): 110-115
- Yang T X, Zeng M Q, Wang P. Analysis on peroxidase isozymes of waxy maize from south China. *Journal of Integrative Plant Biology*, 1981(2): 110-115
- [5] 黎裕, 王天宇. 玉米种质创新—进展与展望. *玉米科学*, 2017, 25(3): 11-18
- Li Y, Wang T Y. Germplasm enhancement in maize: Advances and prospects. *Journal of Maize Sciences*, 2017, 25(3): 11-18
- [6] 覃光铁, 梁燕听, 陈桂兰, 覃守贵, 莫武平. 鲜食白糯玉米单交种柳糯1号的选育. *玉米科学*, 2004, 12(S1): 33-37
- Qin G T, Liang Y T, Chen G L, Qin S G, Mo W P. Breeding of fresh white waxy maize variety Liunuo 1. *Journal of Maize Sciences*, 2004, 12(S1): 33-37
- [7] 黄开健, 杨华铨, 吴永升, 谭华, 陈品娘, 陈国品, 郑德波. 优质高产早熟糯玉米品种玉美头601的选育. *作物杂志*, 2004(2): 57-58
- Huang K J, Yang H Q, Wu Y S, Tan H, Chen P N, Chen G P, Zheng D B. Breeding of high-quality, high-yield and early-maturing waxy maize variety Yumeitou 601. *Crops*, 2004(2): 57-58
- [8] 郑加兴, 覃嘉明, 覃永媛, 王兵伟, 黄安霞, 时成俏. 广西鲜食糯玉米品种在越南的适应性分析. *种子*, 2019, 38(2): 89-92, 97
- Zheng J X, Qin J M, Qin Y Y, Wang B W, Huang A X, Shi C Q. Adaptability analysis of Guangxi fresh-eat waxy maize varieties in Vietnam. *Seed*, 2019, 38(2): 89-92, 97
- [9] 雍洪军, 张世煌, 张德贵, 李明顺, 李新海, 郝转芳, 刘晓鑫, 白丽, 谢传晓. 利用SSR荧光标记分析90个糯玉米地方品种的遗传多样性. *玉米科学*, 2009, 17(1): 6-12
- Yong H J, Zhang S H, Zhang D G, Li M S, Li X H, Hao Z F, Liu X X, Bai L, Xie C X. Analysis of genetic diversity among 90 waxy corn landraces using fluorescent SSR markers. *Journal of Maize Sciences*, 2009, 17(1): 6-12
- [10] 张胜恒, 易红华, 蔡治荣. 我国糯玉米种质研究进展. *玉米科学*, 2008, 16(3): 44-46
- Zhang S H, Yi H H, Cai Z R. Advances in research on waxy maize germplasm. *Journal of Maize Sciences*, 2008, 16(3): 44-46
- [11] 尹祥佳, 李晶, 王雅琳, 王剑虹. SNP标记在玉米分子育种中的应用. *中国种业*, 2021(4): 23-26
- Yin X J, Li J, Wang Y L, Wang J H. Application of SNP markers in maize molecular breeding. *China Seed Industry*, 2021(4): 23-26
- [12] 侯清桂, 张君, 田磊, 徐梦真, 邹狄, 毛棣, 陈彦惠, 吴连成. 基于SNP标记连锁图谱的玉米花期性状QTL定位. *玉米科学*, 2021, 29(6): 41-49
- Hou Q G, Zhang J, Tian L, Xu M Z, Zou H, Mao D, Chen Y H, Wu L C. QTL mapping of maize flowering traits based on SNP molecular marker linkage map. *Journal of Maize Sciences*, 2021, 29(6): 41-49
- [13] 徐磊, 徐志军, 安东升, 胡小文, 高玉尧, 刘洋. 基于SNP标记的糯玉米指纹图谱构建和遗传多样性分析. *分子植物育种*, 2022, 20(19): 6405-6414
- Xu L, Xu Z J, An D S, Hu X W, Gao Y X, Liu Y. Fingerprints construction and genetic diversity analysis of waxy corns based on SNP markers. *Molecular Plant Breeding*, 2022, 20(19): 6405-6414
- [14] Zhang X, Zhang H, Li L, Lan H, Ren Z, Liu D, Wu L, Liu H L, Jaqueth J, Li B, Pan G, Gao S. Characterizing the population structure and genetic diversity of maize breeding germplasm in Southwest China using genome-wide SNP markers. *BMC Genomics*, 2016, 17(1): 697
- [15] Liu C L, Hao Z F, Zhang D G, Xie C X, Li M S, Zhang X C, Yong H J, Zhang S H, Weng J F, Li X H. Genetic properties of 240 maize inbred lines and identity-by-descent segments revealed by high-density SNP markers. *Molecular Breeding*, 2015, 35: 146
- [16] 肖颖妮, 于永涛, 谢利华, 祁喜涛, 李春艳, 文天祥, 李高科, 胡建广. 基于SNP标记揭示中国鲜食玉米品种的遗传多样性. *作物学报*, 2022, 48(6): 1301-1311
- Xiao Y N, Yu Y T, Xie L H, Qi X T, Li C Y, Wen T X, Li G K, Hu J G. Genetic diversity analysis of Chinese fresh corn hybrids using SNP Chips. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(6): 1301-1311
- [17] 曾艳华, 谢和霞, 江禹奉, 周锦国, 谢小东, 周海宇, 谭贤杰, 覃兰秋, 程伟东. 基于SNP标记的爆裂玉米农家品种遗传多样性. *作物杂志*, 2020(5): 65-70
- Zeng Y H, Xie H X, Jiang Y F, Zhou J G, Xie X D, Zhou H Y, Tan X J, Qin L Q, Cheng W D. Genetic diversity of popcorn landraces based on SNP markers. *Crops*, 2020(5): 65-70
- [18] 董永军, 王陆军, 郝建平, 王艳梅, 李培良, 王创云, 邓艳芳, 周琼, 李志敏, 庞冰. 玉米干种子基因组DNA提取方法的改进. *山西农业科学*, 2017, 45(12): 1903-1906
- Dong Y J, Wang L J, Hao J P, Wang Y M, Li P L, Wang C Y, Deng Y F, Zhou Q, Li Z M, Pang B. Improvement of genome DNA extraction method from maize dry seeds. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2017, 45(12): 1903-1906
- [19] Liu K, Muse S V. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker data. *Bioinformatics*, 2005, 21(9): 2128-2129
- [20] Vilella A J, Severin J, Ureta-Vidal A, Heng L, Durbin R, Birney E. EnsemblCompara GeneTrees: Complete, duplication-aware phylogenetic trees in vertebrates. *Genome Research*, 2009, 19(2): 327-335
- [21] Yang J, Lee S H, Goddard M E, Visscher P M. Genome-wide complex trait analysis (GCTA): Methods, data analyses, and interpretations. *Methods in Molecular Biology*, 2013, 1019: 215-236
- [22] Alexander D H, Novembre J, Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*,

- 2009, 19(9): 1655-1664
- [23] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 2003, 164 (4): 1567-1587
- [24] Peakall R, Smouse P E. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 2012, 28(19): 2537-2539
- [25] 宁洽, 刘文国, 杨伟光, 路明. SNP 标记在玉米研究上的应用进展. *玉米科学*, 2017, 25(1): 57-61  
Ning Q, Liu W G, Yang W G, Lu M. Progress and application of SNP markers in maize. *Journal of Maize Sciences*, 2017, 25(1): 57-61
- [26] Rafalski A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Current Opinion in Plant Biology*, 2002, 5(2): 94-100
- [27] Jones E S, Sullivan H, Bhatramakki D, Smith J S. A comparison of simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism marker technologies for the genotypic analysis of maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115(3): 361-371
- [28] Varshney R K, Thiel T, Sretenovic-Rajicic T, Baum M, Valkoun J, Guo P, Grando S, Ceccarelli S, Graner A. Identification and validation of a core set of informative genic SSR and SNP markers for assaying functional diversity in barley. *Molecular Breeding*, 2008, 22(1): 1-13
- [29] 史亚兴, 卢柏山, 宋伟, 徐丽, 赵久然. 基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析. *华北农学报*, 2015, 30(3): 77-82  
Shi Y X, Lu B S, Song W, Xu L, Zhao J R. Genetic diversity analysis of waxy corn inbred lines by single. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2015, 30(3): 77-82
- [30] 张金渝, 张建华, 杨晓洪, 金航, 王波, 肖植文, 孔令明, 米艳华, 华秋瑾. 用 SSR 标记划分云南糯玉米地方品种资源遗传类群的研究. *玉米科学*, 2007(1): 53-58  
Zhang J Y, Zhang J H, Yang X H, Jin H, Wang B, Xiao Z W, Kong L M, Mi Y H, Hua Q J. A study on genetic group classification of waxy corn landraces in yunnan by SSR markers. *Journal of Maize Sciences*, 2007(1): 53-58
- [31] 卢媛, 韩晴, 艾为大, 施标, 王义发, 潘春丹, 沈雪芳. 基于 SNP 标记的糯玉米种质资源遗传多样性分析. *玉米科学*, 2020, 28(3): 44-51  
Lu Y, Han Q, Ai W D, Shi B, Wang Y F, Pan C D, Shen X F. Genetic diversity of waxy maize germplasm revealed by SNP-chips. *Journal of Maize Sciences*, 2020, 28(3): 44-51
- [32] Nelimor C, Badu-Apraku B, Garcia-Oliveira A L, Tetteh A, Paternite A, N'Guetta A S, Gedil M. Genomic analysis of selected maize landraces from sahel and coastal west africa reveals their variability and potential for genetic enhancement. *Genes (Basel)*, 2020, 11(9): 1054
- [33] 曾艳华, 谢和霞, 程伟东, 江禹奉, 周锦国, 谢小东, 谭贤杰, 周海宇, 覃兰秋. 广西玉米种质资源系统调查与收集. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(3): 654-661  
Zeng Y H, Xie H X, Cheng W D, Jiang Y F, Zhou J G, Xie X D, Tan X J, Zhou H Y, Qin L Q. Systematic field survey and collection of maize germplasm resources in Guangxi. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019, 20(3): 654-661
- [34] Wright S. *Evolution and the genetics of populations*. Chicago: University of Chicago Press, 1978



The material number is the same as attached Table 1

K=4 时群体结构 Q 图

Q-plot of the population structure when K=4



附表1 本研究中糯玉米地方品种及参考自交系列表

List of waxy maize landraces and reference inbred lines in this study

编号	名称	来源	区域	类群	类群成员概率
ID	Name	Source	District	Population	Probabilities of group membership
DN1	白糯	桂林市灵川县	桂北	Pop2	0.772
DN10	本地糯玉米	桂林市兴安县	桂北	Pop1	0.632
DN183	沟口糯玉米	桂林市永福县	桂北	Pop2	0.682
DN185	本地花糯玉米	桂林市永福县	桂北	Pop1	0.86
DN186	本地白糯玉米	桂林市永福县	桂北	Pop2	0.528
DN43	花糯(紫)	桂林市龙胜县	桂北	Pop2	0.496
DN44	花糯(白)	桂林市龙胜县	桂北	Pop1	0.423
DN45	五月苞	桂林市资源县	桂北	Pop2	0.539
DN48	白糯苞谷	桂林市龙胜县	桂北	Pop2	0.95
DN59	龙胜白糯	桂林市龙胜县	桂北	Pop2	0.652
DN60	花糯	桂林市资源县	桂北	Pop2	0.336
DN100	糯玉米	崇左市天等县	桂南	Pop2	0.79
DN103	糯玉米	崇左市大新县	桂南	Pop2	0.675
DN104	本地糯玉米	南宁市马山里	桂南	Pop1	0.547
DN12	糯玉米	钦州市灵山县	桂南	Pop2	0.767
DN123	本地糯玉米	崇左市天等县	桂南	Pop3	0.678
DN13	糯玉米	防城港市上思县	桂南	Pop3	0.999
DN133	本地糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.756
DN135	糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop2	0.713
DN136	本地糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.55
DN137	土糯	南宁市上林县	桂南	Pop2	0.388
DN138	糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.723
DN139	高秆糯	南宁市上林县	桂南	Pop2	0.526
DN140	老糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop2	0.568
DN141	本地糯玉米	南宁市马山县	桂南	Pop1	0.796
DN142	白糯玉米	南宁市马山县	桂南	Pop2	0.492
DN143	土糯玉米	南宁市马山县	桂南	Pop1	0.523
DN144	土糯玉米	南宁市马山县	桂南	Pop4	0.626
DN158	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.746
DN159	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.763
DN16	本地白糯	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.602
DN160	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.876
DN161	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.884
DN162	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.984
DN163	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop3	0.996
DN164	本地糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.716
DN165	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.919
DN166	土糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.773
DN167	糯玉米	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.481

DN17	本地白糯	南宁市上林县	桂南	Pop1	0.804
DN187	早玉米	南宁市马山县	桂南	Pop2	0.999
DN188	城厢糯	南宁市马山县	桂南	Pop2	0.998
DN189	120天糯玉米	南宁市横县	桂南	Pop2	0.766
DN190	糯玉米	崇左市扶绥县	桂南	Pop2	0.724
DN191	糯玉米	崇左市龙州县	桂南	Pop2	0.981
DN192	糯玉米	崇左市龙州县	桂南	Pop2	0.95
DN193	宁干糯玉米	崇左市天等县	桂南	Pop2	0.849
DN194	糯玉米	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.969
DN2	小白糯玉米	崇左市凭祥市	桂南	Pop2	0.987
DN22	凭祥白玉米	凭祥市凭祥市	桂南	Pop1	0.596
DN24	本地白糯	南宁市隆安县	桂南	Pop2	0.828
DN3	土白糯玉米	崇左市凭祥市	桂南	Pop1	0.557
DN46	糯玉米	崇左市宁明县	桂南	Pop3	0.742
DN47	糯苞谷(白)	崇左市宁明县	桂南	Pop4	0.606
DN50	糯玉米	崇左市扶绥县	桂南	Pop2	0.636
DN7	糯玉米	钦州市灵山县	桂南	Pop2	0.538
DN91	糯玉米	崇左市龙州县	桂南	Pop2	0.741
DN101	本地黄糯玉米	百色市德保县	桂西	Pop2	0.81
DN102	四月糯	河池市环江县	桂西	Pop2	0.596
DN106	秀花糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop1	0.458
DN107	糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.718
DN11	白糯玉米	百色市田东县	桂西	Pop2	0.886
DN110	本地糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.908
DN114	本地糯玉米	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.807
DN115	糯苞谷	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.677
DN116	花糯苞谷	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.557
DN117	糯苞谷	河池市凤山县	桂西	Pop1	0.591
DN118	糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.945
DN119	本地糯	河池市东兰县	桂西	Pop1	0.687
DN120	糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.872
DN121	本地糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.812
DN122	东兰糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.749
DN145	糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.9
DN146	糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.74
DN147	糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.863
DN148	糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.993
DN149	黄糯	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.872
DN150	本地白糯	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.742
DN151	黄糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.925
DN152	紫花粒土糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.614
DN154	糯玉米	百色市田东县	桂西	Pop2	0.803
DN155	花籽粒糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop1	0.797
DN156	糯玉米	百色市田东县	桂西	Pop2	0.753

DN157	老糯玉米	百色市田东县	桂西	Pop2	0.952
DN195	白糯玉米	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.999
DN196	糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.826
DN199	魁圩糯玉米	百色市靖西县	桂西	Pop2	0.936
DN200	弄猛糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop2	0.948
DN201	古障白糯	百色市西林县	桂西	Pop2	0.92
DN202	八达黄糯	百色市西林县	桂西	Pop2	0.99
DN203	德峨白糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.995
DN204	龙陷井黑花糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.655
DN205	隆劳黄糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.996
DN206	八渡白糯	百色市田林县	桂西	Pop2	0.997
DN207	平塘白糯	百色市田林县	桂西	Pop2	0.983
DN208	黄糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.998
DN209	四月糯玉米	河池市宜山县	桂西	Pop2	0.984
DN210	雪白糯玉米	河池市宜山县	桂西	Pop2	0.974
DN211	百加糯	河池市都安县	桂西	Pop2	0.999
DN212	弄袍糯	河池市都安县	桂西	Pop2	0.911
DN213	中糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.999
DN214	长乐糯	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.998
DN215	田糯玉米	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.88
DN216	猛干白竹糯	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.809
DN217	高脚糯玉米	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.904
DN23	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop1	0.93
DN25	糯玉米	河池市都安县	桂西	Pop2	0.787
DN26	糯玉米	河池市都安县	桂西	Pop1	0.66
DN27	糯玉米	河池市都安县	桂西	Pop2	0.673
DN28	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop1	0.583
DN29	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop2	0.898
DN30	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop2	0.841
DN32	本地糯玉米	河池市巴马县	桂西	Pop2	0.681
DN33	本地花糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.718
DN34	本地花糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.764
DN35	糯玉米	河池市东兰县	桂西	Pop2	0.759
DN37	杨家糯	河池市宜州市	桂西	Pop2	0.578
DN4	糯玉米	河池市都安县	桂西	Pop2	0.831
DN42	本地黄糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.776
DN5	糯玉米	河池市都安县	桂西	Pop2	0.655
DN51	本地糯（白）	河池市大化县	桂西	Pop2	0.804
DN52	本地糯（白）	河池市大化县	桂西	Pop2	0.473
DN53	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop1	0.329
DN54	糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.831
DN55	花糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.69
DN56	白糯苞谷	河池市凤山县	桂西	Pop2	0.749
DN57	宜州白糯	河池市宜州区	桂西	Pop3	0.533



DN61	白糯	百色市靖西县	桂西	Pop2	0.712
DN62	糯苞谷	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.745
DN64	本地糯玉米	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.574
DN65	糯玉米	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.523
DN66	糯玉米	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.858
DN67	本地糯玉米	百色市乐业县	桂西	Pop2	0.759
DN69	糯玉米	百色市西林县	桂西	Pop2	0.557
DN70	花糯	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.868
DN71	本地黄糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.962
DN72	本地糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.619
DN73	白糯玉米	百色市西林县	桂西	Pop2	0.881
DN74	白糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.838
DN75	本地糯玉米	百色市西林县	桂西	Pop1	0.502
DN76	本地糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.746
DN77	本地黄糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.797
DN78	糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.745
DN79	黄糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.85
DN8	糯玉米	百色市那坡县	桂西	Pop2	0.674
DN80	糯苞谷	百色市西林县	桂西	Pop2	0.902
DN81	白糯玉米	百色市隆林县	桂西	Pop2	0.659
DN82	糯苞谷	百色市凌云县	桂西	Pop2	0.822
DN90	本地黄糯玉米	百色市田阳县	桂西	Pop2	0.785
DN95	本地糯玉米	百色市乐业县	桂西	Pop2	0.924
DN96	糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.869
DN97	花糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.831
DN98	糯玉米	百色市田林县	桂西	Pop2	0.985
DN99	本地糯玉米	百色市平果县	桂西	Pop2	0.654
DN125	加作糯	河池市都安县	桂西	Pop2	0.999
DN153	糯玉米	百色市田东县	桂西	Pop2	0.924
DN93	本地糯玉米	河池市罗城县	桂西	Pop2	0.563
DN105	柳州忻城糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.627
DN127	珍珠早糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.57
DN128	大颗珍珠糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.494
DN129	小粒糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.607
DN131	小粒糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.625
DN132	大粒糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop1	0.683
DN168	糯玉米	来宾市武宣县	桂中	Pop2	0.651
DN169	龙山糯玉米	来宾市武宣县	桂中	Pop2	0.58
DN170	鲁班糯玉米	来宾市武宣县	桂中	Pop4	0.521
DN172	本地糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop2	0.626
DN173	白糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop3	0.47
DN174	红糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop2	0.465
DN175	白糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop2	0.603
DN176	珍珠糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop1	0.551

DN177	迷塘糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop1	0.602
DN178	复合糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop2	0.76
DN179	本地白玉米	来宾市金秀县	桂中	Pop2	0.739
DN18	本地白糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.581
DN180	糯米包	来宾市金秀县	桂中	Pop1	0.565
DN181	迷塘小糯玉米	来宾市象州县	桂中	Pop1	0.584
DN182	那满糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop1	0.591
DN19	本地白糯	来宾市忻城县	桂中	Pop1	0.49
DN19	本地白糯	来宾市忻城县	桂中	Pop1	0.49
DN20	白糯	来宾市象州县	桂中	Pop1	0.545
DN219	坡贯糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.657
DN220	寨南长条糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.529
DN221	上塘糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.996
DN222	明机糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.622
DN223	古抗糯	来宾市忻城县	桂中	Pop1	0.559
DN224	岩洞糯玉米	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.967
DN225	桥头糯	来宾市忻城县	桂中	Pop2	0.746
DN38	糯玉米	来宾市金秀县	桂中	Pop2	0.678
DN39	本地白糯	来宾市合山县	桂中	Pop1	0.541
DN40	本地白糯	来宾市合山县	桂中	Pop1	0.581
DN41	本地白糯	来宾市合山县	桂中	Pop2	0.596
DN108	糯玉米	柳州市融安县	桂中	Pop2	0.586
DN109	本地糯玉米	柳州市融安县	桂中	Pop2	0.479
DN111	糯玉米	柳州市三江县	桂中	Pop2	0.531
DN112	黑糯玉米	柳州市三江县	桂中	Pop2	0.509
DN113	早苞谷(糯)	柳州市三江县	桂中	Pop2	0.595
DN15	糯玉米	柳州市融水县	桂中	Pop3	0.527
DN184	本地糯玉米	柳州市鹿寨县	桂中	Pop2	0.523
DN218	柳城糯	柳州市柳城县	桂中	Pop2	0.98
DN31	糯晚玉米	柳州市融水县	桂中	Pop2	0.979
DN83	本地白糯玉米	柳州市柳城县	桂中	Pop2	0.506
DN84	糯玉米	柳州市柳城县	桂中	Pop3	0.999
DN86	下富糯玉米	柳州市柳城县	桂中	Pop2	0.648
DN87	本地糯玉米	柳州市融水县	桂中	Pop2	0.866
DN88	糯玉米	柳州市融水县	桂中	Pop2	0.516
DN9	糯玉米	柳州市融水县	桂中	Pop2	0.708
CK_DN226	YL611	宜州糯、都安糯和克洞糯选系		Pop4	1
CK_DN227	莫宜糯	宜山糯		Pop4	1
CK_DN230	NF7	天等糯		Pop2	0.645
CK_DN232	WR1791	花甜糯 179 分离双隐二环系		Pop1	0.463
CK_DN234	NF11	马来甜玉米杂交种分离双隐二环系		Pop3	0.606
CK_DN235	1802NF13	甜玉米分离二环系		Pop3	0.551

类群成员概率：群体结构中同系得分

Probabilities of group membership: fraction ancestry of the population structure