

王梦薇,周羽,王树杰,等. 基于 *ADH3* 基因的野生大麦系统进化分析[J]. 华中农业大学学报, 2022, 41(3): 124-130.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2022.03.014

基于 *ADH3* 基因的野生大麦系统进化分析

王梦薇¹, 周羽¹, 王树杰², 沈辉³, 任喜峰¹

1. 华中农业大学植物科学技术学院, 武汉 430070; 2. 河南省驻马店市农业科学院, 驻马店 463000;
3. 湖北省襄阳市原种繁殖场, 襄阳 441004

摘要 为探究大麦的遗传进化关系, 选用91份来源于近东、中亚和我国西藏的野生大麦材料, 基于乙醇脱氢酶Ⅲ基因(*ADH3*)对其进行系统进化分析。结果显示: 近东野生大麦的单倍型个数($H=22$)和遗传多样性($H_d=0.914$, $\pi=0.012\ 65$)均明显高于西藏野生大麦($H=5$, $H_d=0.753$, $\pi=0.012\ 16$)和中亚野生大麦($H=8$, $H_d=0.810$, $\pi=0.011\ 10$)。91份野生大麦材料主要被分成2个类群(I和II), 81%的近东野生大麦和80%的西藏野生大麦聚类于I类群; 91%的中亚野生大麦与少部分近东和西藏野生大麦混合聚类于II类群。同时, 群体结构分析进一步佐证了西藏野生大麦与近东野生大麦之间的亲缘关系更近, 与中亚野生大麦的亲缘关系较远。该研究结果明确了近东、西藏、中亚野生大麦的遗传进化关系, 可为研究栽培大麦的起源提供分子依据。

关键词 野生大麦; 系统进化; 群体结构; 遗传多样性; 种质资源; *ADH3* 基因

中图分类号 S512.302.4 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2022)03-0124-07

大麦是世界上最早被驯化的作物^[1]。因其具有早熟、丰产、抗逆性强和适应性广等优点, 成为世界广泛栽培的作物之一^[2]。野生大麦作为栽培大麦的祖先, 其在长期自然选择过程中, 积累了大量抗病虫害、抗旱、耐盐、耐贫瘠等优良基因^[3], 是大麦进行遗传育种和品种改良的重要基因资源^[2]。然而, 野生大麦的系统演化机制尚存在很大的分歧, 一些研究者认为近东新月沃地是大麦的唯一起源^[1,4-9], 也有学者支持近东、中国西藏、中亚、埃及、利比亚和埃塞俄比亚等大麦多起源理论^[10-15]。目前, 大量的分子证据证实, 除了近东新月沃地, 中亚和中国西藏是大麦的潜在驯化中心^[12,15-16]。也有学者证实西藏是大麦的多样性中心而非起源中心, 因为找不到野生群落的存在, 西藏野生大麦实际上是以杂草的形式存在于田埂的半野生大麦^[6]。另据报道, 西藏的大麦是近东野生大麦向东扩散到中亚后, 继续向东由巴基斯坦、印度扩散到中国西藏^[1,6], 也有学者认为西藏大麦是由近东通过青藏高原以北地区进入东亚, 再到达东南部青藏高原^[17-18]。

随着分子生物学的发展, 利用基因和基因组重测序等分子手段可更高效地研究大麦的进化及驯

化, 乙醇脱氢酶基因(*ADH*)具有催化乙醇分解的生物学功能, 在禾本科植物遗传研究中被广泛应用, 研究表明该基因在大麦中含有3个拷贝^[19]; 乙醇脱氢酶Ⅲ基因(*ADH3*)可揭示大麦种群的地理分布格局, 也可用于检测大麦属植物在进化中曾发生的重组和渐渗事件^[20]。本研究基于 *ADH3* 基因对91份来自近东、中亚和中国西藏的野生大麦进行系统进化分析, 明确不同地理区域野生大麦的遗传进化关系, 旨在为研究栽培大麦的起源提供参考, 为野生大麦的优异种质资源的收集和利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验材料为91份野生大麦, 按地理来源分为3个群体, 其中近东野生大麦48份, 西藏野生大麦20份, 中亚野生大麦23份(表1)。这些野生大麦种质资源均由华中农业大学麦作课题组提供。所有材料种植于华中农业大学校内试验田, 每份材料1行, 行长1.5 m, 行距20 cm。每份材料在3叶期取10株叶片混样提取DNA。

收稿日期: 2022-03-01

基金项目: 国家大麦青稞产业技术体系(CARS-05)

王梦薇, E-mail: 1095548987@qq.com

通信作者: 任喜峰, E-mail: 675994852@qq.com

表 1 91 份野生大麦种质信息

Table 1 91 germplasm information of wild barley

编号 Code	来源地 Origin	分类 Type	编号 Code	来源地 Origin	分类 Type
HS1	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS51	黎巴嫩 Lebanon	近东 Near East
HS2	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS52	以色列 Israel	近东 Near East
HS3	伊拉克 Iraq	近东 Near East	HS53	以色列 Israel	近东 Near East
HS4	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS54	以色列 Israel	近东 Near East
HS5	伊朗 Iran	中亚 Central Asia	HS55	以色列 Israel	近东 Near East
HS7	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS56	以色列 Israel	近东 Near East
HS8	巴基斯坦 Pakistan	中亚 Central Asia	HS57	以色列 Israel	近东 Near East
HS9	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS58	以色列 Israel	近东 Near East
HS10	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS59	伊朗 Iran	中亚 Central Asia
HS11	阿富汗 Afghanistan	中亚 Central Asia	HS60	伊朗 Iran	中亚 Central Asia
HS13	伊拉克 Iraq	近东 Near East	HS64	伊朗 Iran	中亚 Central Asia
HS14	伊拉克 Iraq	近东 Near East	HS65	伊朗 Iran	中亚 Central Asia
HS15	伊朗 Iran	中亚 Central Asia	HS67	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS18	以色列 Israel	近东 Near East	HS68	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia
HS19	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia	HS69	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia
HS20	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia	HS70	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia
HS21	阿塞拜疆 Azerbaijan	中亚 Central Asia	HS71	塔吉克斯坦 Tajikistan	中亚 Central Asia
HS22	阿塞拜疆 Azerbaijan	中亚 Central Asia	HS72	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS23	以色列 Israel	近东 Near East	HS73	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS24	以色列 Israel	近东 Near East	HS74	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS25	以色列 Israel	近东 Near East	HS75	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS26	以色列 Israel	近东 Near East	HS76	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS27	以色列 Israel	近东 Near East	HS77	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS28	以色列 Israel	近东 Near East	HS78	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS29	以色列 Israel	近东 Near East	HS79	土耳其 Turkey	近东 Near East
HS30	以色列 Israel	近东 Near East	HS100	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS31	以色列 Israel	近东 Near East	HS101	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS32	伊朗 Iran	中亚 Central Asia	HS102	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS33	伊朗 Iran	中亚 Central Asia	HS103	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS34	约旦 Jordan	近东 Near East	HS104	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS35	约旦 Jordan	近东 Near East	HS105	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS36	约旦 Jordan	近东 Near East	HS106	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS37	约旦 Jordan	近东 Near East	HS107	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS38	约旦 Jordan	近东 Near East	HS108	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS39	约旦 Jordan	近东 Near East	HS109	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS40	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS110	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS41	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS111	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS42	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS112	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS43	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS113	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS44	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS114	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS45	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS115	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS46	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS116	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS47	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS117	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS48	叙利亚 Syria	近东 Near East	HS118	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS49	黎巴嫩 Lebanon	近东 Near East	HS119	中国西藏 Tibet, China	西藏 Tibet
HS50	黎巴嫩 Lebanon	近东 Near East			

1.2 DNA扩增和测序

乙醇脱氢酶Ⅲ基因(*ADH3*)的引物设计和PCR扩增均按Lin等^[19]的方法,该基因扩增片段为810 bp,PCR产物经QIAquick™ PCR纯化试剂盒(Qiagen公司)进行纯化后,送泰和生物技术有限公司进行Sanger测序。为了提高测序数据质量,每个样本独立扩增3次并测序,且正向和反向链均独立测序,分析序列长度为736 bp。

1.3 数据分析

用软件MAFFT对序列进行比对,将比对后的nex格式文件导入PAUP4中,再从Modeltest软件中选56个模型放入PAUP4中搜索最佳模型,根据最佳模型运用MrBayes软件构建系统发育树。一直增加‘mcmc ngen’的值,使其达到30 000 000,此时的‘average standard deviation of split frequencies’小于0.01,即已构建出能收敛的系统发育树。之后将‘sump burnin’与‘sumt burnin=’均设置为500,构建出的共识树最后利用Treeview软件进行可视化;使用STRUCTURE v.2.3.4软件进行群体结构分析;在混合模型下,首先对*K*从2到4分别进行10次独立模拟运算,每次模拟进行500 000次预迭代(length of burn-in period)和1 000 000次基于马尔可夫链蒙特卡罗迭代(Markov Chain Monte Carlo, MCMC)。之后利用Structure Harvester与Clumpak对群体结构的结果计算后验概率值($\ln P(D)$)以及*K*为2~4时计算每份种质的遗传成分。对比后的序列用DnaSP6软件进行单倍型分析,最后在PopART软件中制作

单倍型网络图。

2 结果与分析

2.1 野生大麦*ADH3*基因序列的遗传分析

将本研究的91份不同来源野生大麦材料基于*ADH3*基因序列的多态性位点数(*S*)、单倍型个数(*H*)、单倍型多样性(H_d)、核苷酸多样性(π)以及沃特森估计值(θ_w)等指标进行遗传差异分析(表2)。结果显示,3个不同来源野生大麦群体的核苷酸多态性突变位点总数为48个,其中近东野生大麦具有最多的多态性位点个数($S=46$),几乎涵盖了所有多态性位点数;而中亚与西藏野生大麦的多态性位点数量较少,分别为35个和31个。从单倍型个数看,3个野生大麦群体总的单倍型个数为26,近东野生大麦的单倍型个数最多($H=22$),中亚与西藏野生大麦的单倍型个数分别为8和5。从单倍型多样性看,近东野生大麦群体的单倍型多样性最高,为0.914;而中亚与西藏野生大麦的单倍型多样性较低,分别为0.810和0.753。从核苷酸多样性看,近东野生大麦群体的 π 值最高,为 $0.012\ 65\pm0.002\ 47$;其次是西藏野生大麦,为 $0.012\ 16\pm0.004\ 38$;中亚野生大麦最低,为 $0.011\ 10\pm0.004\ 19$ 。从沃特森估计值结果看,近东野生大麦 θ_w 值最高,为0.014 40;而西藏野生大麦的 θ_w 值最低,为0.012 14。综上,近东野生大麦的多态性位点数、单倍型个数及遗传多样性均远高于中亚和西藏野生大麦。

表2 野生大麦*ADH3*基因的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of *ADH3* gene in wild barley

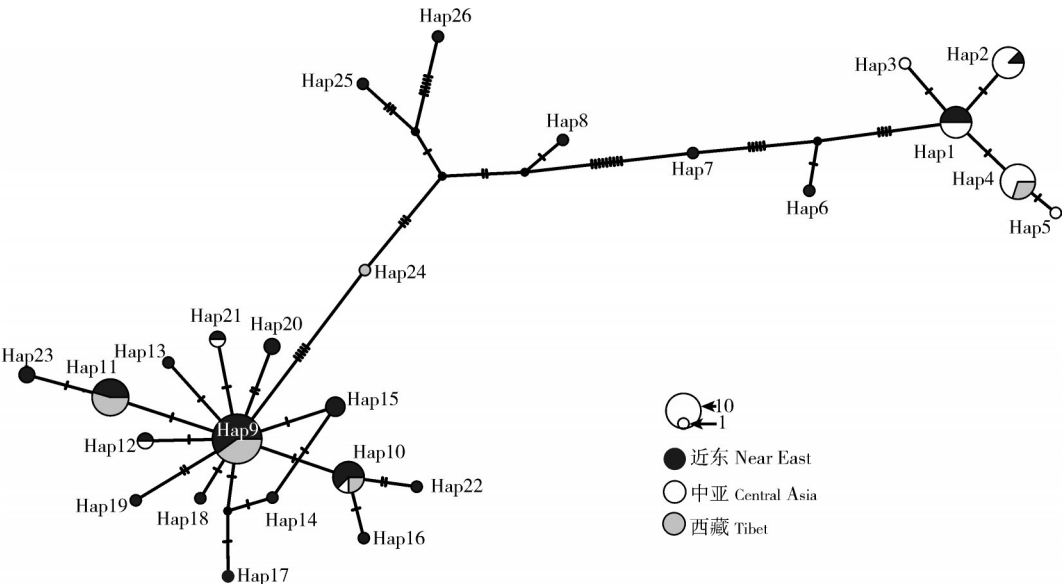
群体 Population	样本数(<i>n</i>) Number of accession	多态性位点数(<i>S</i>) Number of polymorphic loci	单倍型个数(<i>H</i>) Number of hap- lotypes	单倍型多样性(H_d) Haplotype diversity	核苷酸多样性(π) Nucleotide diversity	沃特森估计值(θ_w) Watterson estimator
近东 Near East	48	46	22	0.914	$0.012\ 65\pm0.002\ 47$	0.014 40
中亚 Central Asia	23	35	8	0.810	$0.011\ 10\pm0.004\ 19$	0.013 17
西藏 Tibet	20	31	5	0.753	$0.012\ 16\pm0.004\ 38$	0.012 14
总计 Total	91	48	26	0.907	$0.019\ 55\pm0.001\ 23$	0.013 12

2.2 野生大麦*ADH3*基因序列的系统进化分析

为了研究3个不同来源野生大麦群体单倍型之间的关联性,对26个不同的单倍型进行关联分析(图1)。结果显示,3个群体的不同单倍型以近东和西藏野生大麦共有的单倍型Hap9为一个大的多样性中心点,向周围进行点状发散,推断Hap9可能是

一个古老单倍型。其次是近东和中亚野生大麦共有的单倍型Hap1和3个地区野生大麦共有的单倍型Hap10也各自形成一个小的多样性中心。此外,近东野生大麦存在特有的单倍型共15个,而中亚和西藏野生大麦特有的单倍型分别只有2个(Hap3和Hap5)和1个(Hap24)。这更进一步奠定了近东作为

大麦起源中心的地位,同时,由于中亚和西藏独特的地理环境增加了新的单倍型出现。另外,近东野生大麦与西藏野生大麦群体的单倍型相距较近,推测西藏野生大麦可能来源于近东野生大麦。



圆圈面积大小代表单倍型频率 The size of the circle represents the haplotype frequency.

图 1 野生大麦 *ADH3*基因序列的单倍型网络

Fig.1 Haplotype network of *ADH3* gene sequences in wild barley

为进一步探究 3 个不同野生大麦群体之间的遗传进化关系,基于 *ADH3* 基因序列对 91 份不同来源野生大麦材料构建遗传进化树(图 2)。结果显示,91 份不同来源野生大麦材料主要被分成 2 个大的类群 (I 和 II),每个类群又分成 3~4 个亚群。且 81% 的近东野生大麦和 80% 的西藏野生大麦聚类于 I 类群,91% 的中亚野生大麦与少部分近东和西藏野生大麦混合聚类于 II 类群,从各材料间进化树的聚类情况来看, *ADH3* 基因在野生大麦的种系发育上存在较明显的分化。其中,近东野生大麦与西藏野生大麦的亲缘关系更近,而中亚野生大麦与西藏野生大麦的亲缘关系更远。

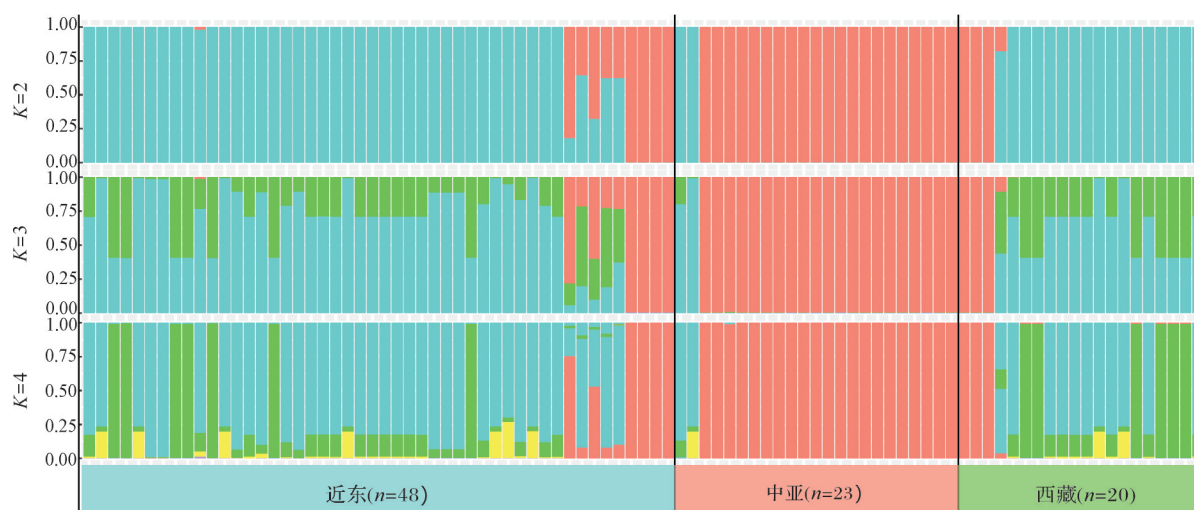
2.3 群体结构分析

群体结构分析有助于进一步明确不同地理区域野生大麦之间的遗传进化关系,对 91 份野生大麦的 SNP 进行群体结构分析(图 3)。设置其群体结构值 (*K* 值)为 2~4,当 *K*=2 时,91 份野生大麦被分为红色和蓝色 2 个亚群,其中近东和西藏野生大麦以蓝色亚群为主,中亚野生大麦以红色亚群为主;当 *K*=3 时,91 份野生大麦被分为红色、蓝色和绿色 3 个亚群,近东野生大麦和西藏野生大麦种质仍以蓝色亚群为主,同时增加了大量绿色亚群的成分,中亚野生大麦仍以红色亚群为主;当 *K*=4 时,91 份野生大麦被分

为红色、蓝色、绿色和黄色 4 个亚群,近东野生大麦和西藏野生大麦仍保持相似的群体结构,而中亚野生大麦仍以红色亚群为主。这说明一方面西藏野生大麦的遗传成分与近东野生大麦相近,与系统进化分析得到的结果相一致(图 1,2);另一方面也可能是西藏野生大麦和近东野生大麦之间存在互相传播导致基因交流的可能。

3 讨论

大麦在驯化过程中会经历遗传瓶颈^[21-22]和人为干扰^[23]等现象,致使其丢失大量的遗传多样性^[24],而起源地的野生大麦群体通常表现出较高的遗传多样性^[25]。本研究对 91 份不同来源的野生大麦基于 *ADH3* 基因序列的遗传差异分析结果表明,近东野生大麦不仅具有最多的多态性位点个数(*S*=46)和单倍型个数(*H*=22),而且近东野生大麦群体的单倍型多样性 ($H_d=0.914$) 和核苷酸多样性 ($\pi=0.012\ 65\pm0.002\ 47$) 均明显高于中亚与西藏野生大麦。推测近东野生大麦是栽培大麦的起源中心,而中亚和西藏野生大麦可能是由近东野生大麦扩散后形成的新的多样性驯化中心,所得结论支持近东单起源假说^[1,4-9]。

图3 野生大麦群体的群体结构($K=2,3,4$)Fig.3 Population structure of wild barley populations ($K=2,3,4$)

其次,进化和群体结构分析的结果表明3个群体的不同单倍型以近东和西藏野生大麦共有的单倍型Hap9为中心形成一个大的多样性中心点,且81%的近东野生大麦和80%的西藏野生大麦聚类于Ⅰ类群,91%的中亚大麦与少部分近东和西藏野生大麦混合聚类于Ⅱ类群。群体结构分析也表明西藏野生大麦的遗传成分与近东野生大麦非常相近,表明近东野生大麦和西藏野生大麦群体之间有更近的亲缘关系。推测可能是西藏野生大麦和近东野生大麦之间存在互相传播导致基因交流的可能。这不同于大多数学者认为的近东野生大麦先扩散到中亚后,继续向东由巴基斯坦、印度扩散到中国西藏的路径^[1,6],而支持由考古证实的西藏大麦是由近东通过青藏高原以北地区进入东亚,再到达东南部青藏高原的传播途径^[17-18]。

本研究通过对不同来源野生大麦材料进行遗传进化分析,有助于进一步了解野生大麦的遗传多样性和群体结构,明确3个潜在的大麦起源地近东、西藏、中亚野生大麦的遗传进化关系,可为探究大麦的起源提供分子依据,为小麦育种家对种质资源收集、抗性遗传改良等方面的育种工作打下基础。

参考文献 References

- [1] ZOHARY D, HOPF M, WEISS E. Domestication of plants in the old world: the origin and spread of domesticated plants in southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin [M]. 4th ed. Oxford: Oxford University Press, 2012.
- [2] 任喜峰. 大麦新矮源“华矮11”主要性状的遗传分析和大麦抽穗期性状的QTL定位 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2011. REN X F. Inheritance of the main traits for a novel dwarf germplasm

"Huaai11" and QTL mapping of heading date in barley [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2011 (in Chinese with English abstract).

- [3] 程晓彬, 赵钢, 薛文韬, 等. 约旦野生二棱大麦在川西高原的物候期和农艺性状分析 [J]. 西南农业学报, 2016, 29(5): 1027-1031. CHENG X B, ZHAO G, XUE W T, et al. Phenology and agronomic traits of Jordan wild two-row barley in western Sichuan Plateau [J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2016, 29(5): 1027-1031 (in Chinese with English abstract).
- [4] NEVO E. Genome evolution of wild cereal diversity and prospects for crop improvement [J]. Plant genetic resources, 2006, 4: 36-46.
- [5] BADR A, MUELLER K, SCHAAFER-PREGL R, et al. On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*) [J]. Molecular biology and evolution, 2000, 17(4): 499-510.
- [6] ZENG X, GUO Y, XU Q, et al. Origin and evolution of qingke barley in Tibet [J]. Nature communications, 2018, 9(1): 5433-5445.
- [7] POURKHEIRANDISH M, KANAMORI H, WU J, et al. Elucidation of the origin of 'agriocrithon' based on domestication genes questions the hypothesis that Tibet is one of the centers of barley domestication [J]. The plant journal, 2018, 94: 525-534.
- [8] CIVAN P, DROSOU K, ARMISEN-GIMENEZ D, et al. Episodes of gene flow and selection during the evolutionary history of domesticated barley [J]. BMC genomics, 2021, 22(1): 1-17.
- [9] ZHOU Y, LU G, SUN G L, et al. Transcriptome and metabolite insights into domestication process of cultivated barley in China [J/OL]. Plants, 2022, 11(2): 209 [2022-03-01]. <https://doi.org/10.3390/plants11020209>.
- [10] MOLINA-CANO J L, RUSSELL J R, MORALESJO M A, et al. Chloroplast DNA microsatellite analysis supports a polyphyletic origin for barley [J]. Theoretical applied genetics, 2005, 110: 613-619.
- [11] AZHAGUVEL P, KOMATSUDA T. A phylogenetic analysis based on nucleotide sequence of a marker linked to the brittle rachis locus indicates a diphyletic origin of barley [J]. Annals botany, 2007, 100(5): 1009-1015.

- [12] MORRELL P L, CLEGG M T. Genetic evidence for a second domestication of barley (*Hordeum vulgare*) east of the Fertile Crescent[J]. PNAS, 2007, 104(9): 3289-3294.
- [13] ORABI J, JAHOR A, BACKES G. Genetic diversity and population structure of wild and cultivated barley from West Asia and North Africa[J]. Plant breeding, 2009, 128(6): 606-614.
- [14] BJORNSTAD A, ABAY F. Multivariate patterns of diversity in Ethiopian barleys[J]. Crop science, 2010, 50(5): 1579-1586.
- [15] DAI F, NEVO E, WU D, et al. Tibet is one of the centers of domestication of cultivated barley [J]. PNAS, 2012, 109(42): 16969-16973.
- [16] REN X F, NEVO E, SUN D F, et al. Tibet as a potential domestication center of cultivated barley of China [J/OL]. PLoS One, 2013, 8(5): e62700 [2022-03-01]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062700>.
- [17] WANG J, LIU L, BALL T, et al. Revealing a 5000-year-old beer recipe in China[J]. PNAS, 2016, 113(23): 6444-6448.
- [18] CHEN F H, DONG G H, ZHANG D J, et al. Agriculture facilitated permanent human occupation of the Tibetan Plateau after 3600 B.P.[J]. Science, 2015, 347(6219): 248-250.
- [19] LIN J Z, BROWN A H, CLEGG M T. Heterogeneous geographic patterns of nucleotide sequence diversity between two alcohol [J]. PNAS, 2001, 98(2): 531-536.
- [20] 刘全兰. 小麦族披碱草属(*Elymus* L.)的分子系统发育与进化研究[D]. 上海: 复旦大学, 2005. LIU Q L. Molecular phylogeny and evolution of *Elymus triticum* (*Elymus* L.) [D]. Shanghai: Fudan University, 2005 (in Chinese with English abstract).
- [21] CALDWELL K, RUSSELL J, LANGRIDGE P, et al. Extreme population-dependent linkage disequilibrium detected in an in-breeding plant species, *Hordeum vulgare* [J]. Genetics, 2005, 172(1): 557-567.
- [22] KILIAN B, OZKAN H, KOHL J, et al. Haplotype structure at seven barley genes: relevance to gene pool bottlenecks, phylogeny of ear type and site of barley domestication [J]. Molecular genetics and genomics, 2006, 276(3): 230-241.
- [23] WANG Y, REN X, SUN D, et al. Origin of worldwide cultivated barley revealed by NAM-1 gene and grain protein content [J/OL]. Frontiers in plant science, 2015, 6: 803 [2021-03-01]. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00803>.
- [24] JIN X, CAI S, HAN Y, et al. Genetic variants of HvGlb1 in Tibetan annual wild barley and cultivated barley and their correlation with malt quality [J]. Journal of cereal science, 2011, 53(1): 59-64.
- [25] WANG A, YU Z, DING Y. Genetic diversity analysis of wild close relatives of barley from Tibet and the Middle East by ISSR and SSR markers [J]. Comptes rendus biologiques, 2009, 332(4): 393-403.

ADH3 gene based phylogenetic analysis of wild barley

WANG Mengwei¹, ZHOU Yu¹, WANG Shujie², SHEN Hui³, REN Xifeng¹

1. College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

2. Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Henan Province, Zhumadian 463000, China;

3. Stock Breeding Farm at Xiangyang City, Hubei Province, Xiangyang 441004, China

Abstract 91 wild barley samples from the Near East, Central Asia and Tibet of China were selected and phylogenetically analyzed based on the alcohol dehydrogenase III (*ADH3*) gene to study the genetic evolution relationship of barley. The results showed that the number of haplotypes ($H=22$) and genetic diversity ($H_d=0.914$, $\pi=0.012\ 65$) of the wild barley from Near East were significantly higher than that of the wild barley from Tibet ($H=5$, $H_d=0.753$, $\pi=0.012\ 16$) and Central Asia ($H=8$, $H_d=0.810$, $\pi=0.011\ 10$). Ninety-one wild barley samples were mainly divided into two groups (I and II). 81% of wild barley from the Near East and 80% of wild barley from Tibet were clustered in group I. 91% of wild barley from Central Asian and a few parts of wild barley from the Near East and Tibet were clustered in group II. The results of analyzing population structure further confirmed that the wild barley samples from Tibet were more closely related to wild barley from the Near East than to wild barley from the Central Asia. It is clarified the genetic evolution relationship of wild barley in the Near East, Tibet and Central Asia. It will provide the molecular basis for studying the origin of cultivated barley.

Keywords wild barley; phylogenetic evolution; population structure; genetic diversity; germplasm resource; *ADH3* gene

(责任编辑: 张志钰)