

**T.P. FEDULOVA, S.N. MITIN, A.V. KORNIENKO**  
All-Russian Research Institute of Sugar Beet and Sugar (VNISS)  
Ramon, Voronezh Region,  
RUSSIA – 396030

P 03

## **Study of genetic diversity in sugar beet inbred lines by protein markers technique**

### **Abstract (original)**

When a breeder develops starting material using inbreeding and different sib crossings, a great number of lines, which need an adequate genetic estimation before their further use, are accumulated. In most cases, sugar beet varieties, lines and hybrids are identified using morphological characteristics. But to differentiate samples of close origin as well as to reveal hidden genetic variability and to control inbred lines uniformity is not always a success here. Use of protein markers proves to be more efficient (Lesnevich L.A., 1993).

---

## **ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DES LIGNEES AUTOFERTILES EN BETTERAVE SUCRIERE PAR LA TECHNIQUE DE MARQUEURS DE PROTEINES**

### **Abrégé**

Lorsque un sélectionneur obtient du matériel génétique par autofertilisation et différents croisements de variétés, il accumule un nombre important de lignées, qui doivent être génétiquement appréhendées avant de pouvoir être utilisées. Dans la plupart des cas, les variétés de betterave sucrière, les lignées et hybrides sont identifiés en se référant aux caractéristiques morphologiques. On n'arrive pas toujours à différencier les échantillons d'origine proche et de révéler la variabilité génétique cachée ou de contrôler l'uniformité des lignées autofertiles. L'utilisation de marqueurs de protéines s'avère plus efficace dans cette recherche. (Lesnevich L.A., 1993).

---

## **UNTERSUCHUNG DER GENETISCHEN DIVERSITÄT BEI AUTOFERTILEN ZUCKERRÜBENLINIEN MIT HILFE VON PROTEINMARKERN**

### **Kurzfassung**

Wenn Züchter neues Material durch Inzucht und verschiedene Kreuzungen züchtet, wird eine große Anzahl Linien die eine adequate genetische Beurteilung vor ihrer Verwendung benötigen, angehäuft. In den meisten Fällen werden Zuckerrübensorten, Linien und Hybriden durch morphologische Merkmale bestimmt. Zur Differenzierung von Linien mit nah verwandten Quellen oder auch um verborgene genetische Variabilität hervorzuheben und die Gleichförmigkeit von Inzuchtlinien zu bestimmen ist diese Methode nicht immer von Erfolg gekrönt. Die Verwendung von Protein-Markern stellte sich hier als effizienter heraus (Lesnevich L.A., 1993)

---