

REZA AMIRI¹, MAHMOUD MESBAH² MOHAMMAD MOGHADDAM³ MOHAMMAD REZA GHANNADHA⁴ & SAYYED ABOLGHASEM MOHAMMADI³

¹Department of Crop Production & Breeding, AbouReihan Campus, P.O.Box 4117, University of Tehran, Tehran, Iran.

²Sugar Beet Seed Institute (SBSI), P. O. Box 31585-4114. Karaj, Iran.

³Department of Crop Production & Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran.

⁴Department of Crop Production & Breeding, Agriculture & Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran.

IDENTIFICATION AND MAPPING OF A RAPD MARKER LINKED TO BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS RESISTANCE GENE (Rz2) IN *B. VULGARIS* SUBSP. MARITIMA, ACCESSION WB42

Abstract

Molecular markers tightly linked to rhizomania resistance genes would allow for early selection. Availability of linked markers is the first requisite for starting a gene isolation program. In this study, using bulked segregant analysis, RAPD markers linked to beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) resistance genes were identified in two Beta accessions Holly-1-4 and WB42. For Holly-1-4, a RAPD marker was identified in long distance from the resistance gene of Rz1. However, a tightly linked RAPD marker with Rz2 gene in repulsion phase was detected with an approximate distance of 3.6 cM. This marker was not population specific and showed high repeatability. The distance between Rz1 and Rz2 was estimated as 46.4 cM by means of the RAPD marker. Comparison of ELISA mean of Rz2Rz2 and Rz2rz2 genotypes based on the repulsion phase RAPD markers revealed lack of the gene dosage effects. Nevertheless, the difference between ELISA mean of Rz2Rz2 and Rz2rz2 genotypes indicated that under field or severe infection conditions, the gene dosage effects of Rz2 allele might be important. The RAPD marker linked to Rz2 gene will convert into a SCAR marker which can be used for marker-assisted selection.

IDENTIFICATION ET CARTOGRAPHIE D'UN MARQUEUR RAPD LIE A UN GENE RESISTANT AU BNYVV (Rz2) SUR LA BETTERVE *B. VULGARIS* DE SOUCHE MARITIMA, ACCESSIU WB42

Abrégé

Les marqueurs moléculaires étroitement reliés aux gènes résistant à la Rhizomanie permettraient une sélection précoce. La disponibilité de ces marqueurs liens est une première condition pour l'instauration d'un programme d'isolation du gène. Cette étude a permis d'identifier des gènes de résistance par des marqueurs RAPD reliés au virus BNYVV, et ce, dans deux accessions Beta, Holly-1-4 et WB42. Pour Holly-1-4, le marqueur RAPD a été identifié à longue distance depuis le gène de résistance du Rz1. Toutefois, un marqueur RAPD étroitement lié au gène Rz2 en phase de répulsion a été détecté avec une distance approximative de 3.6 cM. Ce marqueur n'avait pas de spécificité de population et a révélé une grande répétitivité. La

distance entre Rz1 et Rz2 a été estimée de 46.4 cM au moyen du marqueur RAPD. La comparaison entre la moyenne ELISA de Rz2Rz2 et les géotypes Rz2rz2 sur base de la phase de répulsion des marqueurs RAPD a révélé un manque d'effets de dosage du gène. Toutefois, la différence entre la moyenne ELISA de Rz2Rz2 et les géotypes Rz2rz2 a indiqué que dans des conditions d'infection grave, les effets de dosage du gène de Rz2 peut être important. Le marqueur RAPD lié au gène Rz2 se convertit en un marqueur SCAR qui peut être utilisé dans les sélections assistées d'un marqueur.

IDENTIFIZIERUNG UND KARTIERUNG VON RAPD MARKERN, DIE MIT DEM BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS-RESISTENZGEN (R7,2) IN B.VULGARIS SUBSP. MARITIMA, HERKUNFT WB42 GEKOPPELT SIND

Kurzfassung

Eng mit den Rhizomania-Resistenzgenen gekoppelte Marker würden eine frühe Selektion ermöglichen. Die Verfügbarkeit von gekoppelten Markern ist die erste Voraussetzung für ein Programm zur Isolierung von Genen. RAPD Marker mit einer Koppelung zu necrotic yellow vein virus (BNYVV) Resistenzgenen wurden in den zwei Beta-Herkünften Holly-1-4 und WB42 identifiziert. Für Holly-1-4 wurde ein RAPD-Marker in großer Distanz vom Resistenzgen Rz₁ identifiziert. Andererseits wurde ein eng gekoppelter RAPD-Marker in der Repulsionsphase mit einer ungefähren Distanz von 3.6cM gefunden. Dieser Marker war nicht populationsspezifisch und war hoch repetitiv. Die Distanz zwischen Rz₁ und Rz₂ wurde mit Hilfe von RAPD-Markern auf 46.4 cM geschätzt. Ein Vergleich von ELISA-Ergebnissen von Rz₂Rz₂ und Rz₂rz₂-Genotypen *auf der Grundlage von RAPD-Markern in der Repulsionsphase zeigten einen Mangel an Gendosis-Effekten. Indessen zeigte die Differenz zwischen den ELISA-Werten von Rz₂Rz₂ und Rz₂rz₂-Genotypen, daß unter Feldbedingungen und bei starker Infektion der Gendosis-Effekt des Rz₂-Allels von Bedeutung sein könnte. Der mit dem Rz₂-Gen gekoppelte RAPD-Marker wird in einen SCAR-Marker konvertiert der für eine Marker gestützte Selektion genutzt werden kann.*
