

JOHANNES H.M. SCHNEIDER, P.M.S. MUSTERS VAN OORSCHOT
IRS (Institute of Sugar Beet Research)
Van Konijnenburgweg 24
NL – 4611HL BERGEN OP ZOOM

Original language: English

GENOTYPIC DIVERSITY OF *RHIZOCTONIA SOLANI* AG 2 USING REPETITIVE ELEMENTS

ABSTRACT

The soil-borne fungus *Rhizoctonia solani* is a species complex composed of 13 so-called anastomosis groups (AGs). Within *R. solani* AG 2 eight subgroups are distinguished. These subgroups differ in biology (e.g. host range) and molecular characteristics. We used enterobacterial repetitive intergenic consensus (ERIC) PCR and repetitive extragenic palindromic (REP) PCR to study the genetic diversity within and between AG 2 isolates, with special emphasis on AG 2 isolates occurring in sugar beet. In total 114 isolates were subjected to ERIC and REP PCR. The present subgrouping was confirmed and in addition an apparently new subgroup was identified. This subgroup is closely related to AG 2-2IIIB and AG 2-2IV. Repetitive element PCR can be used to study genetic relatedness between AGs and group field isolates within the current AG system. Within subgroups a genotypic diversity was revealed. We intended to use these methods to study the population structure of *R. solani* AG 2-IIIB in sugar beet. However, the inconsistency of the presence and absence of bands between experiments leads to different placement of a single isolate on a dendrogram. Hence, these techniques are not suitable for population structure analysis, but it is appropriate for preliminary typing of isolates.

DIVERSITÉ GÉNOTYPIQUE DANS L'AGENT *RHIZOCTONIA SOLANI* AG 2 PAR ÉLÉMENTS RÉPÉTITIFS

ABRÉGÉ

Le champignon du sol *Rhizoctonia solani* est un complexe d'espèces composé de 13 groupes dénommés groupes anatomosis (AGs). Dans le AG 2 de *R. solani* on distingue 8 sous-groupes. Ces sous-groupes se distinguent concernant leur biologie (espèces de plantes-hôtes) et leurs caractères moléculaires. Nous avons utilisé enterobactériel repetitive intergenic consensus (ERIC) PCR et repetitive extragenic palindromic (REP) PCR afin d'investiguer la diversité génétique dans et entre les isolats AG 2 avec un focus sur les isolats AG 2, qu'on trouve dans les betteraves sucrières. Au total 114e isolats ont été traités avec ERIC et REP PCR. Le sous-groupement actuel a été confirmé et en plus un sous-groupe apparemment nouveau a été détecté. Ce sous-groupe est en relation étroite avec AG 2-2IIIB et AG 2-2IV. Une Repetitive element PCR peut être appliquée afin d'étudier la relation génétique entre des AGs et afin de grouper des isolats de champ dans le système courant. On a détecté une diversité génétique dans les sous-groupes. Nous avons eu l'intention d'utiliser ces méthodes afin d'étudier la structure de la population de *R. solani* AG 2-IIIB dans les betteraves sucrières. Cependant, l'inconsistance de la présence et de l'absence de bandes entre différents essais aboutissent à des placements différents sur un dendrogramme pour un isolat individuel. Alors, ces techniques ne sont pas appropriées pour des analyses de structure de populations, mais elles sont utiles pour un classement préliminaire de différents isolats en différents types.

GENOTYPISCHE DIVERSITÄT INNERHALB DER *RHIZOCTONIA SOLANI* AG 2 MITTELS REPETITIVER ELEMENTE

KURZFASSUNG

Der bodenbürtige Pilz *Rhizoctonia solani* ist ein Artkomplex, der sich aus 13 sogenannten Anastomosegruppen (AGs) zusammensetzt. Innerhalb der *R. solani* AG 2 werden acht Untergruppen unterschieden. Diese Untergruppen variieren hinsichtlich ihrer Biologie (z.B. dem Wirtspflanzenspektrum) und molekularen Charakteristika. Um die genetische Diversität innerhalb und zwischen den AG 2 Isolaten zu untersuchen, benutzten wir eine „Enterobacterial repetitive intergenic consensus (ERIC) PCR“ und eine „Repetitive extragenic palindromic (REP) PCR“, wobei spezielles Augenmerk auf AG 2 Isolate mit Auftreten in Zuckerrüben gelegt wurde. Insgesamt wurden 114 Isolate mittels ERIC und REP PCR untersucht. Die bestehende Einteilung in Untergruppen konnte bestätigt werden, eine offensichtlich neue Untergruppe wurde identifiziert. Diese Untergruppe ist den AG 2-2IIIB und AG 2-2IV nah verwandt. Die „Repetitive element PCR“ kann zur Untersuchung der genetischen Verwandtschaft zwischen verschiedenen AGs herangezogen werden und ordnet Feldisolate in das bestehende AG-System ein. Innerhalb der Untergruppen wurde genotypische Diversität aufgedeckt. Unsere Idee war, anhand dieser Methoden die Populationsstruktur von *R. solani* AG 2-2IIIB in Zuckerrüben zu untersuchen. Die geringe Übereinstimmung in den Bandenmustern zwischen Experimenten führte jedoch zu einer unterschiedlichen Eingruppierung einzelner Isolate im Dendrogramm. Daher erwiesen sich diese Techniken als nicht geeignet zur Analyse von Populationsstrukturen, sie sind aber zur vorläufigen Einordnung von Isolaten in AGs einsetzbar.
