

3.25 TOMOHIKO KUBO¹, DAYOU CHENG^{1,2}, YU YOSHIDA¹, YUJIRO HONMA¹, TETSUO MIKAMI¹

¹Hokkaido University, N-9, W-9, Kita-ku, Sapporo, JP - 060-8589

²Harbin Institute of Technology, West Da-Zhi Street, Harbin, CN - 150001

Original language: English

MITOCHONDRIAL GENOME DIVERSITY OF CULTIVATED BEETS

ABSTRACT

The cultivated beet, or *Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*, includes four cultivar groups such as leaf beet group, garden beet group, fodder beet group, and sugar beet group. Genetic relationships among them are not only the subject for crop evolution but also for exploring the genetic resources. Attempts have been made to see the cytoplasmic diversity of cultivated beet using RFLP analysis of chloroplast DNA and mitochondrial DNA, but the available data is limited. On the other hand, informative loci to see the diversity of mitochondrial genomes of *B. vulgaris* have been found: *B. vulgaris* is known to contain four mitochondrial tandem repeat (TR) loci designated as TR1 to TR4, which exhibits length variation due to the altered number of repeat units. Using the array of the repeat units as markers, we are currently investigating the mitochondrial genome diversity in cultivated beets.

First, we examined the mitochondrial genome diversity of sugar beets. Forty-two Chinese breeding lines were subjected to this analysis. The result indicated that there were three mitochondrial haplotypes, of which one was associated with Owen-type CMS. Protein gel blot analysis using anti-preSATP6, which detected Owen-CMS specific polypeptide, supported this association. Leaf beets, garden beets and fodder beets are currently subjected to similar analysis.

DIVERSITÉ DE GÉNOMES MITOCHONDRIAUX CHEZ LES BETTERAVES CULTIVÉES

RÉSUMÉ

La betterave cultivée, ou *Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*, inclue quatre groupes de cultivars tels que le groupe Blette, le groupe Betterave, le groupe Betterave à racines, et le groupe Betterave sucrière. Les relations génétiques entre ces groupes ne sont pas seulement sujettes à l'évolution des cultures et représentent une aide précieuse pour l'étude des ressources génétiques. Des essais ont été effectués pour observer la diversité cytoplasmique des betteraves cultivées en utilisant une analyse RFLP d'ADN chloroplastique et mitochondriale, mais les données disponibles sont limitées. En revanche, des loci apportant des informations intéressantes pour observer la diversité des génomes mitochondriaux du *B. vulgaris* ont été trouvés: le *B. vulgaris* est connu pour contenir quatre répétitions mitochondriales (TR) loci notés de TR1 à TR4, qui présentent une variation de longueur due au nombre altéré d'éléments répétés. En utilisant les éléments répétés comme marqueurs, nous étudions actuellement la diversité du génome mitochondrial chez les betteraves cultivées.

Dans un premier temps, nous avons étudié la diversité du génome mitochondrial chez les betteraves sucrières. Quarante-deux plantations chinoises ont été sujettes à ces observations. Le résultat a permis de trouver trois haplotypes mitochondriaux, dont un associé au type Owen CMS. L'analyse protéique d'une tache de gel en utilisant la méthode anti-preSATP6, qui a détecté le polypeptide spécifique Owen-CMS, a soutenu l'idée de cette association. Les betteraves, blettes, et betteraves à racines sont actuellement sujettes à des analyses similaires.

MITOCHONDRIALE GENOMVIELFALT IN ZUCKERRÜBENKULTUREN

KURZFASSUNG

Die gemeine Rübe (*Beta vulgaris* L.ssp. *vulgaris*) umfasst vier Kulturformen: Mangold, die rote Rübe, die Futterrübe und die Zuckerrübe. Die genetische Verwandtschaft zwischen den Untergruppen ist nicht nur Gegenstand der Evolution der Feldfrucht sondern auch eine große Hilfe bei der Untersuchung von genetischen Ressourcen. Es wurde versucht, die cytoplasmische Diversität der gemeinen Rübe durch RFLP-Analyse der chloroplastischen und mitochondrialen DNA zu untersuchen, die vorhandenen Daten sind jedoch beschränkt. Andererseits wurden informative Genloci entdeckt, welche die Vielfalt des mitochondrialen Genoms der *B. vulgaris* aufzeigen. *B. vulgaris* hat bekanntermaßen vier mitochondriale Tandemwiederholungen (TR) von Genloci, welche als TR1 bis TR4 bezeichnet werden und aufgrund der unterschiedlichen Anzahl wiederholter Einheiten in ihrer Länge variieren. Momentan untersuchen wir die mitochondriale Genomvielfalt der gemeinen Rübe, indem wir die Anordnung der wiederholten Einheiten als Genmarker verwenden.

Zunächst untersuchten wir die Genomvielfalt der Zuckerrübe. 42 Chinesische Zuchtlinien waren Gegenstand der Analyse. Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass es drei mitochondriale Haplotypen gibt, von denen einer genetische Assoziation mit Owen CMS aufweist. Protein Gel Blotting Analyse unter Verwendung von anti pre SATP6, bei welchen Polypeptide, die charakteristisch für Owen CMS sind entdeckt wurden, unterstützten diese Assoziation. Augenblicklich unterziehen wir Mangold, die Futterrübe und die rote Rübe ähnlichen Analysen.