

2.13 KAZUNORI TAGUCHI

National Agricultural Research Center for Hokkaido region (NARCH), Shinsei Memuro Hokkaido, Japan - 082-0081

Original language: English

QTL ANALYSIS FOR THE APHANOMYCES ROOT ROT RESISTANCE

ABSTRACT

Aphanomyces root rot, caused by *Aphanomyces cochlioides* Drechs., is one of the most serious diseases of sugar beet (*Beta vulgaris* L.). Identification and characterization of resistance genes is a major task in sugar beet breeding. To ensure the effectiveness of marker-assisted screening for Aphanomyces root rot resistance, genetic analysis of mature plants phenotypic and molecular markers segregation was carried out. At a highly infested field site, RILs individuals, derived from a cross between lines 'NK-310mm-O' (highly resistant) and 'NK-184mm-O' (susceptible), were tested, for their level of resistance to Aphanomyces root rot. This resistance was classified into six categories according to the extent and intensity of whole plant symptoms. Simultaneously, 'NK-310mm-O'-coupled DNA markers were used in the construction of a linkage map. Each of nine resultant linkage groups was successfully anchored to one of nine sugar beet chromosomes by incorporating STS-CAPS and SSR markers. Combining data for phenotype and molecular marker segregation, two resistant QTLs were identified on chromosome III and IX.

ANALYSE LCQ CONCERNANT LA RÉSISTANCE À LA POURRITURE DES RACINES, CAUSÉE PAR APHANOMYCES

RÉSUMÉ

La pourriture des racines due à *Aphanomyces*, causé par les *Aphanomyces cochlioides* Drechs, est une des plus graves affections touchant les betteraves sucrières (*Beta vulgaris* L.). L'identification et la caractérisation de gènes résistants est une tâche majeure pour la reproduction de la betterave sucrière. Pour s'assurer de l'efficacité des méthodes utilisant des marqueurs pour tester la résistance à la pourriture des racines due à *Aphanomyces*, l'analyse génétique du phénotype de plants matures et de la séparation des molécules marquées est effectuée. Sur un site particulièrement affecté, les individus RILs, dérivés d'un croisement entre les lignées 'NK-310mm-O' (hautement résistantes) et 'NK-184mm-O' (sensibles), ont été testés, pour la pourriture des racines due à *Aphanomyces*. Cette résistance a été classée en 6 catégories suivant l'existant et l'intensité des symptômes. En même temps, des marqueurs d'ADN 'NK-310mm-O' couplés ont été utilisés pour définir une carte des liaisons. Chacune des neuf liaisons effectuées ont intégré avec succès un des neuf chromosomes de betterave sucrière en incorporant des marqueurs STS-CAPS et SSR. En combinant les données du phénotype et de la séparation des marqueurs, du QTLs a été identifié sur le chromosome III et IX.

QTL-ANALYSE AUF RESISTENZ GEGENÜBER DER APHANOMYZES-WURZELFÄULE

KURZFASSUNG

Aphanomyces Wurzelfäule, verursacht durch *Aphanomyces cochliformis* Drechs., ist eine der schwerwiegendsten Krankheiten der Zuckerrübe (*Beta vulgaris* L.). Die Identifizierung und Charakterisierung von Resistenzgenen ist eine vorwiegende Aufgabe der Zuckerrübenzucht. Um die Effektivität der Marker gestützten Selektion für *Aphanomyces* Wurzelfäule sicherzustellen, wurden genetische Analysen über die phänotypische und molekulare Markertrennung von erwachsenen Pflanzen durchgeführt. An einem hochinfizierten Feld wurden RILs Individuen, welche aus einer Kreuzung zwischen den Linien „NK-310mm-O“ (hochresistent) und „NK-184mm-O“ (empfindlich) abstammen, auf ihr Maß an Resistenz gegenüber *Aphanomyces* Wurzelfäule getestet. Die Resistenzen wurden, gemäß der Intensität der Symptome an der kompletten Pflanze in sechs Kategorien klassifiziert. Gleichzeitig wurden „NK-310mm-O“ gekoppelte DNA-Marker für die Erstellung einer Kopplungskarte verwendet. Jede der neun resultierenden Kopplungsgruppen wurde erfolgreich durch eingegliederte STS-CAPS und SSR Marker an einem von neun Zuckerrüben-Chromosomen verankert. Bei der Kombination der Daten der phänotypischen und molekularen Markertrennung wurde zwei QTL auf Chromosom III und IX identifiziert.
