

JOEL CUGUEN

PROFESSEUR

UMR 8016 - Génétique et Evolution des Populations Végétales

Bâtiment SN2, Université de Lille 1

F-59655 VILLENEUVE D'ASCQ CEDEX

GENE FLOW WITHIN THE BETA SPECIES COMPLEX: GENETIC DIVERSITY OF WEED AND WILD SEA BEET POPULATIONS WITHIN THE FRENCH SUGAR BEET PRODUCTION AREA.

Abstract (original)

The *Beta* species complex is of particular interest for the study of crop - wild gene flow as crop (*Beta vulgaris* ssp. *vulgaris*), wild (*Beta vulgaris* ssp. *maritima*) and weedy forms are all interfertile and can be found in close vicinity in various places in Europe, hence heightening the likelihood of accidental hybridization events. In Northern France, sugar beet fields can be found close to the coastline, together with wild sea beet populations. Nine wild populations and 12 weedy populations were sampled and examined for chloroplastic and nuclear variation using PCR-RFLP and microsatellite length variation. Most of weed populations were characterised by a unique haplotype, *Svulg* characteristic of cultivated lines. Although no clear diagnostic alleles were depicted using microsatellite markers, a clear genetic differentiation occurred between weed and wild forms. Furthermore, weed populations displayed a significant lower allelic diversity in addition to significant departures from Hardy-Weinberg expectations. This suggests either an introgression between genetically differentiated gene pool within the region of seed-production, or the presence of self-compatibility alleles commonly used in breeding programs. Altogether, our results seem to indicate a low level of gene exchanges between neighbouring populations of wild and weed beets. Nevertheless, gene exchanges from crop to wild relatives were depicted for some sea beet populations, indicating the possibility of local introgression and highlighting the importance of case-by-case and long-term monitoring surveys.

FLUX GENIQUES AU SEIN DU COMPLEXE D'ESPECES BETA: DIVERSITE GENETIQUE DES POPULATIONS DE BETTERAVES MAUVAISES HERBES ET DE BETTERAVES MARITIMES AU SEIN DE LA ZONE DE PRODUCTION SUCRIERE FRANÇAISE

Abrégé

Le complexe d'espèce *Beta* est un modèle de choix pour l'étude des flux géniques entre formes cultivées et sauvages car les différentes formes sont toutes interfertiles et peuvent coexister localement dans de nombreuses régions d'Europe. Dans le Nord de la France, les champs de betteraves sucrières du littoral de la Manche sont souvent au contact de populations de betteraves maritimes. La diversité génétique de 9 populations maritimes de betteraves sauvages situées le long des côtes de la Manche et de 12 populations d'individus mauvaises herbes récoltés à l'intérieur de champs de production de betteraves sucrières a été étudiée à l'aide de marqueurs de l'ADN chloroplastique et de microsatellites nucléaires. La plupart des populations de mauvaises herbes des champs présentent un unique haplotype *Svulg*, caractéristique des betteraves cultivées sucrières, confirmant ainsi l'origine maternelle cultivée des betteraves mauvaises-herbes. En revanche, parmi les 9 populations maritimes échantillonnées, seules 2 populations renferment une faible fréquence d'individus présentant le type *Svulg* (3 et 4 % respectivement), ce qui suggère néanmoins la possibilité d'un rare apport de graines en provenance des champs. Concernant les marqueurs microsatellites, une nette différenciation se dessine entre les deux groupes en terme de distance génétique et de structure génotypique, ce qui suggère un isolement reproducteur des deux compartiments. Les populations de mauvaises herbes présentent en outre une plus faible diversité allélique ainsi qu'un déficit en hétérozygotes systématique, suggérant un mélange de pools génétiques différenciés lors de la contamination des lots de semence, et/ou la présence d'allèles d'auto-compatibilité originaires des formes cultivées. En conclusion, nos résultats suggèrent des flux géniques limités entre les formes

mauvaises herbes et maritimes, bien que l'analyse approfondie de certaines populations sauvages révèle la présence d'individus hybrides issus de croisements avec les mauvaises herbes. Ces résultats soulignent la nécessité d'une surveillance particulière de ces situations de contact potentiel afin d'éviter la diffusion non contrôlée de gènes en provenance des populations cultivées ou mauvaises herbes.

GEGENFLUSS INNERHALB DES ARTENKOMPLEXES BETA: GENETISCHE DIVERSITÄT VON POPULATIONEN VON UNKRAUTRÜBEN UND WILDTYPEN IM FRANZÖSISCHEN ZUCKERÜBENANBAUGEBIET

Kurfassung

Der Betaartenkomplex ist von besonderem Interesse um den Genfluss zwischen Kultur- und Wildpflanzen zu untersuchen, da die Kulturpflanzen (*Beta vulgaris* ssp *vulgaris*), Wildtypen (*Beta vulgaris* ssp *Maritima*) und Unkrautrüben interfertil sind und in Nachbarschaft in verschiedenen Standorten Europas zu finden sind. Durch diese Nähe erhöht sich die Wahrscheinlichkeit einer zufälligen Hybridation. In Nord-Frankreich findet man Zuckerrübenfelder in der Nähe der Küste, zusammen mit Populationen von Wildrüben. Neun Wildpopulationen und zwölf Unkrautpopulationen wurden auf chloroplastische und Nuklearvariationen mit Hilfe von PCR-RFLP und Mikrosatelliten Längenvariationen untersucht. Die meisten Unkrautpopulationen waren durch einen einzigen Haplotypen charakterisiert, Svulg, charakteristisch für kultivierte Linien. Obwohl keine klare Diagnose durch Mikrosatelliten Marker zustande kam, ergab sich eine klare genetische Differenzierung zwischen Unkraut- und Wildtypen. Darüberhinaus zeigten Unkrautpopulationen eine signifikant niedrigere Diversität der Allele zusätzlich zu signifikanten Ausfällen von Hardy-Weinberg Vorkommnissen. Dadurch wird entweder eine Introgression zwischen genetisch differenzierten Genpools innerhalb der Saatgutproduktionsregion suggeriert oder, das Vorkommen von selbstkompatiblen Allelen die üblicherweise in Züchtungsprogrammen verwendet werden.

Insgesamt zeigen unsere Resultate ein niedriges Niveau von Genaustausch zwischen Nachbarpopulationen von Wild- und Unkrautrüben. Trotzdem wurden bei einigen *Beta Maritima* Populationen Genaustausch zwischen kultivierten und Wildtypen entdeckt, wodurch die Möglichkeit einer lokalen Introgression suggeriert wird und die Wichtigkeit der Einzelfallanalyse bei Langzeituntersuchungen aufgezeigt wird.
