

## 2.2 BELINDA TOWNSEND, EFFIE MUTASA-GÖTTGENS

Rothamsted Research, Broom's Barn, Higham, Bury St Edmunds, Suffolk IP28 6NP, UK

**Original language: English**

### **APPLYING SYSTEMS BIOLOGY IN SUGAR BEET TO INCREASE CROP VALUE**

#### **ABSTRACT**

Recent advances in computational biology and high-throughput technologies in the biological sciences are making the integrated analysis of complex datasets possible. Sugar beet (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*) can benefit enormously from these advances, with potential for discovery in the areas of sugar yield improvement, non-food uses, winter beet, coping with abiotic and biotic stress, and process efficiency. By combining molecular genetic data such as gene expression (transcriptomics) and heritable information (genomics) with phenotypic measurements, we can use bioinformatics and mathematical modelling to unravel the genetic basis for many traits in sugar beet. The phenotypic measurements could include natural chemicals such as phenolics associated with cell wall development in the root or a collection of many different metabolites produced by the plant and extractable under different conditions, including sucrose (metabolomics). Physiological measurements can also contribute to the datasets, such as dry matter content, root yield and leaf area. At Broom's Barn, we are collating these diverse datasets to investigate storage root development, cell wall composition, floral transitions, winter beet survival, frost tolerance, and non-food uses of beet. Correlations between the phenotypes and genetic information is then a first step to creating tools such as markers of use in selective breeding and for the generation of novel sugar beet varieties.

---

### **APPLIQUER LA BIOLOGIE SYSTEMIQUE AUX BETTERAVES SUCRIERES POUR OBTENIR UNE AUGMENTATION DU RENDEMENT**

#### **RÉSUMÉ**

De récentes avancées en biologie computationnelle et technologies à haut débit dans le domaine des sciences biologiques rendent possible l'analyse intégrée de jeux de données complexes. La betterave sucrière (*Beta vulgaris* ssp. *vulgaris*) peut énormément bénéficier de ces avancées, avec des potentialités de découvertes dans les domaines de l'amélioration du rendement sucrier, des usages non-alimentaires, de la betterave d'hiver, de la lutte contre les stress biotiques et abiotiques et de l'efficacité des opérations agricoles. En combinant les données de génétique moléculaire telles que l'expression génique (transcriptomique) et l'information héréditaire (génomique) aux mesures phénotypiques, nous sommes capables d'utiliser la bioinformatique et la modélisation mathématique afin d'en savoir plus sur la base génétique de nombreux caractères de la betterave sucrière. Les mesures de caractères phénotypiques peuvent comprendre des produits chimiques naturels tels que des phénols associés au développement de la paroi cellulaire dans la racine ou encore, une quantité de métabolites potentiellement de grande valeur, produits par la plante et

extractibles sous différentes conditions, dont le saccharose (métabolomique). Les mesures physiologiques peuvent également contribuer à l'ensemble des données, comme par exemple le contenu en matière sèche, le rendement racinaire et la surface foliaire. A Broom's Barn, nous confrontons ces diverses données afin d'approfondir nos connaissances sur le développement des racines de stockage, la composition de la paroi cellulaire, les transitions florales, la survie de la betterave d'hiver, la tolérance au gel et les usages non-alimentaires de la betterave. Des corrélations entre les phénotypes et l'information génétique forment, dès lors, la première étape menant à la création d'outils tels que des marqueurs utilisés pour la sélection végétale ou pour la production de nouvelles variétés de betterave sucrière.

---

## **DIE ANWENDUNG DER SYSTEMBIOLOGIE IN ZUCKERRÜBEN ZUR ERTRAGSERHÖHUNG**

### **KURZFASSUNG**

Neuste Fortschritte in der rechnergestützten Biologie und den Hochdurchsatzverfahren in den Biowissenschaften ermöglichen die integrierte Analyse komplexer Datensätze. Zuckerrüben (*Beta vulgaris* ssp. *vulgaris*) können enorm von diesen Fortschritten mit Entwicklungspotenzial in den Bereichen Zuckerertragssteigerung, Non-Food, Winterrüben, Bewältigung von biotischem und abiotischem Stress und Prozesseffizienz profitieren. Durch Kombination molekulargenetischer Merkmale wie z. B. Genexpression (Transkriptom) und Erbinformation (Genom) mit phenotypischen Untersuchungen können wir Bioinformatik und mathematische Modellierung einsetzen, um die genetische Basis vieler Merkmale von Zuckerrüben aufzudecken. Die phenotypischen Untersuchungen könnten die Bestimmung natürlicher Chemikalien, wie zur Zellwandentwicklung in der Wurzel benötigte Phenole, oder eine Vielzahl verschiedener, von der Pflanze produzierter und unter bestimmten Bedingungen abbaubarer Stoffwechselprodukte inklusive Saccharose (Metabolomik) beinhalten. Physiologische Untersuchungen z. B. des Trockensubstanzgehaltes, des Rübenertrages und der Blattfläche können die Datensammlung ergänzen. In Broom's Barn werten wir diese verschiedenen Datensätze aus, um die Entwicklung von Lagerungsrüben, die Zellwandzusammensetzung, den Blühzeitpunkt, das Überleben von Winterrüben, die Kältetoleranz und den Einsatz von Rüben im Non-Food-Bereich zu erforschen. Die Korrelation von Phenotypen und genetischer Information stellt dann einen ersten Schritt zur Entwicklung von Hilfsmitteln wie Markern zur Selektion und der Schaffung neuartiger Zuckerrübensorten dar.

---