9.2 Yann Galein¹, Nicolas Desoignies¹, Marc Richard-Molard², Herve Escriou², Agnes Champeil², Claude Bragard¹

¹Université catholique de Louvain, Faculté d'ingénierie biologique, agronomique et environnementale, Earth and Life Institute, Applied Microbiology-Phytopathology, Croix du Sud, 2 boîte L7.05.03, B – 1348 Louvain-la-Neuve

Original language: French

DEEP SEQUENCING REVEALS DISTINCT PATTERNS OF ISOLATES BETWEEN SUSCEPTIBLE, RZ1, RZ1RZ2 SUGAR BEET VARIETIES FROM THE SAME FIELD

ABSTRACT

Since the widespread use of rhizomania partially resistant cultivars, bearing the Rz1 gene along with high yield capacities, multiple Rz1 resistance-breaking events have been reported both in the USA and in Europe. Recently, the double resistance with the Rz1 and Rz2 gene was also introduced in France in response to the diseas pressure. Varietal field assays have been set up in the Pithiviers area in a first soil known to contain the tetrad SYHG and SYHR, the RNA-5, the RNA-2, BSBV and BVQ, in a second soil known to contain the tetrad SYHG, AYHR, AYPR and TYHR, and in third soil known to contain the tetrad AYHR, SYHG and VCHG. Different varieties were cultivated in each field: Rz1 susceptible variety, Rz1 tolerant variety and Rz1Rz2 tolerant variety. The root symptoms incidence in September for each variety was also estimated.

The presence of BNYVV RNA-2, RNA-3 and RNA-5, as well as of BSBV and of BVQ was assessed by RT-PCR followed by targeted sequencing for the determination of the amino acid sequence of the p25 viral protein. A 454 sequencing strategy using tagged primers was carried out on each sample to assess the whole virus population. For each variety, the 454 sequencing focused on the p14 (RNA-2), on p25 (RNA-3) and on p26 (RNA-5). For each amplicon (27 in total), between 2000 to 7000 different sequences were obtained. Such strategy allowed a genral view of the sequence diversity as well as the detection of deletions lying in the targeted sequences.

SUR DES ISOLATS DE VARIETES SENSIBLES DE BETTERAVES SUCRIERE RZ1 ET RZ1RZ2 D'UN MEME CHAMP, DEEP SEQUENCING REVELE DES PATTERNS BIEN DISTINCTS

RÉSUMÉ

Depuis l'utilisation généralisée de cultivars partiellement résistants à la rhizomanie, portant le gène Rz1 lié à des capacités de rendement élevé, plusieurs cas de rupture de résistance du gène Rz1 ont été rapportés à la fois aux Etats-Unis et en Europe. Récemment, la double résistance avec le gène Rz1 et Rz2 a également été introduit en France en réponse à la pression de la maladie. Des essais variétaux en champs ont été mis en place dans la région de Pithiviers dans un sol d'abord connu pour

²Institut technique français de la betterave (ITB), 45, rue de Naples, F – 75008 Paris

contenir la tétrade SYHG et SYHR, l'ARN-5, l'ARN-2, BSBV et BVQ, dans un second sol connu pour contenir les tétrades SYHG, AYHR, AYPR et TYHR, et dans un troisième sol connu pour contenir les tétrades AYHR, SYHG et VCHG. Différentes variétés ont été cultivées dans chaque champ: la variété Rz1 sensible, RZ1 tolérante et Rz1Rz2 tolérante. L'incidence des symptômes racinaires en Septembre pour chaque variété a également été estimée.

La présence de l'ARN-2 du BNYVV, de l'ARN-3 et de l'ARN-5, ainsi que du BSBV et de BVQ a été évaluée par RT-PCR suivi d'un séquençage ciblé pour la détermination de la séquence d'acides aminés de la protéine p25 virale. Une stratégie de séquençage 454 utilisant des amorces marquées a été effectuée sur chaque échantillon pour évaluer la population de virus en entier. Pour chaque variété, le séquençage 454 a été porté sur la p14 (ARN-2), la p25 (ARN-3) et la p26 (ARN-5). Pour chaque amplicon (27 au total), entre 2000 et 7000 différentes séquences ont été obtenues. Une telle stratégie a permis une vue générale de la diversité des séquences ainsi que la détection des délétions se trouvant dans les séquences ciblées.

DEEP SEQUENCING ZEIGT DEUTLICHE MUSTER BEI ISOLATEN AUS ANFÄLLIGEN, RZ1- UND RZ1RZ2-ZUCKERRÜBENSORTEN VOM GLEICHEN FELD

KURZFASSUNG

German abstract not available.