

YASMINA EL BAHLOUL
Plant breeder
National Institute of Agronomy Research INRA-MAROC
Avenue de la Victoire BP. 415
MOROCCO 10100 Rabat RP

Original language: English

DIVERSITY ANALYSIS OF SUGAR BEET POPULATIONS IN MOROCCO

Abstract

The development of molecular markers during the recent years makes it possible to establish new approaches for the studies of genetic diversity. This work fits well within the ongoing project of characterization of genetic diversity of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) populations for breeding program. In this study, 10 populations from the sugar beet breeding program of National Institute of the Agronomic research (INRA), were used for characterization of molecular diversity at microsatellite loci. The study revealed that the ability of 8 microsatellites or simple sequence repeat (SSR) markers used to determine the level of genetic diversity of these five studied populations both at inter and intra population levels varied. Degree of genetic diversity varied greatly both at inter and intra population levels, resulting in diverse relationships among the individual accessions. The number of alleles identified at the SSR analysis ranged from 2 to 8, although most loci revealed 2 alleles or more. The mean number of allele per locus was 3.8. The Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average (UPGMA) enabled us to study genetic relationships among the populations and evaluate diversity within and between populations. Genetically near population were cluster into homogeneous pools. Results indicate that studied microsatellites were highly polymorphic and could be used as genetic markers for studying genetic diversity and molecular mapping of sugar beet genome.

ANALYSE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE POPULATION DE BETTERAVE A SUCRE AU MAROC

Abrégé

Le développement des marqueurs moléculaires durant les dernières années offre la possibilité d'établir de nouvelles approches pour les études de la diversité génétique. Cette étude a pour but l'analyse de la diversité génétique de 10 populations de betterave à sucre (*Beta vulgaris* L.) dans le cadre du programme de sélection de l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) de Rabat. La capacité des marqueurs moléculaires microsatellites est de déterminer le degré de diversité génétique de ces cinq populations étudiées. Huit paires d'amorces microsatellites ont été employés afin d'évaluer la diversité génétique inter et intra populations. Le nombre d'allèles présumés par locus révélé avec l'analyse des microsatellites varie entre 2 et 8. Le nombre moyen d'allèle par locus est de 3,8. Ceci indique la présence d'un polymorphisme élevé. L'analyse des clusters par la méthode UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averaging) a permis de mettre en évidence la diversité génétique entre les individus et entre les différentes populations étudiées. Aussi les résultats ont permis le regroupement des population proches génétiquement.

ANALYSE DER DIVERSITÄT VON ZUCKERRÜBENPOPULATIONEN IN MAROKKO

Kurzfassung

Die Entwicklung molekularer Marker während der letzten Jahre erlaubt neue Herangehensweisen hinsichtlich der Untersuchung genetischer Diversität. Diese Arbeit reiht sich gut ein in das laufende Projekt zur Charakterisierung der genetischen Diversität von Zuckerrüben (*Beta vulgaris* L.)-Populationen für Züchtungsprogramme. In dieser Untersuchung wurden 10 Populationen aus dem Zuckerrübenzuchtprogramm des Nationalen Agrarforschungsinstituts (INRA) zur Charakterisierung der molekularen Diversität an Mikrosatelliten-Loci verwendet. Die Untersuchung zeigte die unterschiedliche Eignung von 8 Mikrosatelliten oder Simple Sequence Repeat (SSR) Markern, die zur Bestimmung des Grades der genetischen Diversität dieser fünf Populationen sowohl innerhalb als auch zwischen den Populationen herangezogen wurden. Der Grad der Diversität variierte deutlich sowohl innerhalb als auch zwischen Populationen, wodurch sich verschiedene Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den einzelnen Accessions ergaben. Die Anzahl der durch SSR-Analyse bestimmten Allele belief sich auf 2 bis 8, obwohl die meisten Loci 2 Allele oder mehr aufwiesen. Im Mittel wiesen die Loci 3.8 Allele auf. Die Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average (UPGMA) ermöglichte es uns, genetische Beziehungen innerhalb den Populationen zu untersuchen und die Diversität innerhalb und zwischen Populationen auszuwerten. Genetisch nah verwandte Populationen clusterten in homogenen Gruppen. Die Ergebnisse zeigen, dass die untersuchten Mikrosatelliten hoch polymorph sind und als genetische Marker zur Untersuchung genetischer Diversität sowie zur Erstellung einer molekularen Karte des Zuckerrüben-Genoms geeignet sind.
