

LUCINDA C. JAMES<sup>1</sup>, K. M. R. BEAN<sup>1</sup>, M. K. GRIMMER<sup>2</sup>, STEVE BARNES<sup>3</sup>,  
THOMAS KRAFT<sup>4</sup>, MARK STEVENS<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Rothamsted Research, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmunds IP28 6NP, UK

<sup>2</sup>ADAS UK Ltd, Boxworth, Cambridge CB23 4NN, UK

<sup>3</sup>SESVanderHave, Industriepark, Soldatenplein Z2 nr15, B – 3300 Tienen

<sup>4</sup>Syngenta Seeds AB, box 302, S – 261 23 Landskrona

**Original language: English**

## **RESISTANCE TO MULTIPLE PATHOGENS IN SUGAR BEET: CHARACTERISATION OF CHROMOSOME IV**

### **ABSTRACT**

The genetic characterisation of novel plant resistance (R) loci forms an important component of pest management and modern breeding strategies. Sugar beet cultivars worldwide are susceptible to a wide range of pathogens and, with limited genetic resistance available, the industry remains reliant on fungicide and insecticide treatment. Novel forms of genetic resistance to sugar beet pathogens are therefore highly sought. Our consortium has harnessed genetic diversity, from both wild and cultivated *Beta* germplasm, to identify a region on Chromosome (Ch) IV conditioning resistance to viral and fungal pathogens. Such 'broad-spectrum' resistance could be conferred by several tightly-linked R genes or by a single, novel gene. This study aims to characterise the region of *Beta vulgaris* Ch IV in terms of structure and control of disease in the field. To this end we have employed a Quantitative Trait Locus (QTL) mapping approach, based on large F2 populations derived from crosses between susceptible elite sugar beet lines and resistant *Beta* accessions. Populations segregating for Ch IV resistance were fingerprinted with single nucleotide polymorphism markers across the genome. F2 populations were inoculated with Beet yellows virus (BYV), Beet mild yellowing virus (BMV), *Polymyxa betae*, *Erysiphe betae* and *Uromyces betae* and segregating phenotypes assessed. QTL mapping analysis identified main effect QTLs on Ch IV conferring dominant resistance to powdery mildew and rust. In addition, main effect QTL's were identified on Ch III & Ch IV providing resistance to BYV & BMV. Fine mapping of resistant loci is currently underway and will assist marker assisted selection to exploit Ch IV 'broad spectrum' resistance in the future.

---

## **LA RESISTANCE AUX NOMBREUX PATHOGENES DE LA BETTERAVE SUCRIERE : CARACTERISATION DU CHROMOSOME IV**

### **RÉSUMÉ**

La caractérisation génétique de nouveaux locus impliqués dans la résistance (R) aux maladies constitue un important volet de la gestion des maladies et des stratégies modernes de reproduction. Les cultivars de betterave sucrière de monde entier sont susceptibles à une grande variété de pathogènes et, compte tenu du peu de résistance génétique disponible, l'industrie sucrière reste dépendante des traitements fongicides et insecticides. De nouvelles formes de résistance génétique aux patho-

gènes de la betterave sucrière sont cependant intensément recherchées. Notre consortium a exploité la diversité génétique du germoplasme des Beta sauvages et cultivés, afin d'identifier une zone du chromosome (Ch) IV impliquée dans la résistance aux pathogènes viraux et fongiques. Ce type de résistances « à large spectre » peut être attribué à plusieurs gènes R étroitement liés ou à un unique nouveau gène. Notre étude a pour but de caractériser la zone du Ch IV de *Beta vulgaris* du point de vue structure et contrôle des maladies en champ. A cette fin, nous avons favorisé une approche par cartographie des QTL (Quantitative Trait Loci), basée sur des populations F2 dérivées de croisements réalisés entre des lignées d'élite susceptibles de betterave sucrière et des accessions résistantes appartenant au genre Beta. Le profil génétique des populations de ségrégation pour la résistance due au Ch IV est réalisé grâce à des marqueurs polymorphes à un seul nucléotide répartis sur l'ensemble du génome. Les populations F2 ont été inoculées avec Beet yellows virus (BYV), Beet mild yellowing virus (BMV), *Polymyxa betae*, *Erysiphe betae* et *Uromyces betae*, et la ségrégation des phénotypes a été évaluée. L'analyse de la cartographie QTL a permis d'identifier des QTL à effet majeur sur le Ch IV conférant une résistance dominante au mildiou et à la rouille. De plus, des QTL à effet majeur ont également été identifiés sur les Ch III et IV procurant à la plante une résistance à BYV et BMV. Une cartographie fine des locus résistants est actuellement en cours et servira à faciliter la sélection assistée par marqueur afin d'exploiter, dans le futur, la résistance « à large spectre » du Ch IV.

---

## MEHRFACHRESISTENZ GEGENÜBER PATHOGENEN DER ZUCKERRÜBE: CHARAKTERISIERUNG DES CHROMOSOMS IV

### KURZFASSUNG

Die genetische Charakterisierung neuer Pflanzenresistenz (R) -Loci ist eine wichtige Komponente des Schädlingsmanagements und moderner Zuchtstrategien. Zuckerrübensorten in der ganzen Welt sind gegenüber einem breiten Spektrum an Pathogenen anfällig, und da nur in begrenztem Umfang genetische Ressourcen zur Verfügung stehen, bleibt der Sektor abhängig von fungiziden und insektiziden Behandlungen. Daher ist die Nachfrage nach neuartigen Formen der genetischen Resistenz gegenüber Zuckerrübenpathogenen sehr groß. Unser Konsortium hat die genetische Diversität sowohl wilder als auch kultivierter *Beta*-Akzessionen eingehend untersucht, um eine Region auf dem Chromosom (Ch) IV zu finden, die Resistenz gegenüber viralen und pilzlichen Erregern bewirkt. Solch eine breite Resistenzwirkung könnte durch mehrere eng verknüpfte R-Gene oder durch ein einzelnes, neues Gen vermittelt werden. In dieser Untersuchung soll die Region Ch IV bei *Beta vulgaris* hinsichtlich ihrer Struktur und Krankheitskontrolle im Feld charakterisiert werden. Zu diesem Zweck wurden die Quantitative Trait Loci (QTL) auf der Basis großer F2-Populationen kartiert, die aus Kreuzungen anfälliger Zuckerrüben-Elitelinien mit resistenten *Beta*-Akzessionen entstanden waren. Vom Genom der im Merkmal Ch IV-Resistenz aufspaltenden Populationen wurden mit Hilfe von Single Nucleotide Polymorphism-Markern ein Fingerprint erstellt. Die F2-Populationen wurden mit dem Beet yellows virus (BYV), dem Beet mild yellowing virus (BMV), *Polymyxa betae*, *Erysiphe betae* und *Uromyces betae* inokuliert und die aufspaltenden Phänotypen erfasst. Mit Hilfe der QTL-Erfassung wurden die wesentlichen QTLs auf Ch IV identifiziert, die dominant Resistenz gegenüber Mehltau und Rost bewirken. Zusätzlich

wurden die Haupteffekt-QTLs auf Ch III und CH IV identifiziert, die zu Resistenz gegenüber BYV und BMYV führen. Eine detaillierte Kartierung der resistenten Loci ist momentan in Arbeit und wird dazu beitragen, dass über markergestützte Selektion in Zukunft die breit wirksame Resistenz auf Ch IV genutzt werden kann.

---