Role of pathogen effectors SnTox in development of compatibility reaction in the pathosystem wheat – *Stagonospora nodorum*

Nuzhnaya T.V.¹, Veselova S.V.¹, Burkhanova G.F.¹, Rumyantsev S.D.¹

Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia

E-mail: tanyawww89@mail.ru

Key message. It was shown that the interactions of SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1 in the pathosystem wheat-*Stagonospora nodorum* play an important role in the development of Septoria nodorum blotch and are aimed at manipulating of host redox-status.

Keywords: *Stagonospora nodorum*; *Triticum aestivum*; pathogen effectors, SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1 interactions

The fungus *Stagonospora nodorum* Berk. is the causative agent of Septoria nodorum blotch (SNB) of wheat. The most important factors of *Stagonospora nodorum* virulence include numerous fungal necrotrophic effectors (NEs) encoded by SnTox genes. They interact with the matching products of host susceptibility genes (*Snn*). SnTox-Snn interactions are mirror images of classical gene-for-gene interactions and lead to the development of disease and are aimed at manipulating of host redox-status. The aim of this work was study the effect of SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1 interactions on the development of infection and redox status in a host plant. Several strains of *S. nodorum* (SnB, Sn4VD, Sn9MN) and more than 50 varieties of soft spring and winter wheat were used in the work. Various wheat cultivars were screened for the presence of alleles of susceptibility genes *Tsn1*, *Snn1* using the PCR method. The redox-status of infected plants was determined using spectrophotometric methods. It was shown that the *Tsn1* gene is more often found in winter wheat (50%), and the *Snn1* gene is more often found in spring wheat (91.7%). The study identified genotypes with a null allele of the *tsn1* gene (Omskaya35, Chinese Spring), with a null allele of the *snn1* gene (Hanna, Amelio) and with two null alleles of the *tsn1/snn1* genes (Boevchanka, Selkirk, Atlas66), as well as with dominant alleles of the *Tsn1/Snn1* genes (Zhbitsa, Iren). The wheat genotype with two dominant alleles of the *Tsn1/Snn1* genes (Zhbitsa) was more susceptible to the virulent isolate of the pathogen SnB than the genotypes with one dominant allele of the *Tsn1* (Amelio) or *Snn1* gene (Omskaya 35). The wheat genotype with two null alleles of the *tsn1/snn1* genes (Boevchanka) showed a complete incompatibility reaction, which was manifested in the accumulation of hydrogen peroxide, which provided the induction of protective mechanisms and pathogen growth inhibition. The compatibility reaction (Zhbitsa/SnB), on the contrary, was characterized by a decrease in the content of hydrogen peroxide at the initial stage of infection (24 hours), which subsequently led to the development of extensive lesion area. This work was supported by the RFBR in the framework of the research project no. 20-316-80047, no. 18-04-00978.

Роль эффекторов патогена SnTox в развитии реакции совместимости в патосистеме пшеница – *Stagonospora nodorum*

Нужная Т.В.¹, Веселова С.В.¹, Бурханова Г.Ф.¹, Румянцев С.Д.¹

Институт биохимии и генетики ФГБНУ Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Уфа, Россия

Аннотация. Показано, что взаимодействия SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1 в патосистеме пшеница-*Stagonospora nodorum* играют важную роль в развитии септориоза и направлены на манипулирование редокс-статусом хозяина.

Ключевые слова. *Stagonospora nodorum*, *Triticum aestivum*, эффекторы патогена, взаимодействия SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1.

Важнейший фактор вирулентности возбудителя септориоза пшеницы *Stagonospora nodorum* Berk. – многочисленные некротрофные эффекторы (НЭ) гриба (SnTox), взаимодействующие с продуктами генов восприимчивости хозяина (*Snn*). Взаимодействия SnTox-Snn осуществляются по типу ген-на-ген, ведут к развитию болезни и направлены на манипулирование редокс-статусом хозяина. Цель работы состояла в изучении влияния взаимодействий SnToxA-Tsn1, SnTox1-Snn1 на развитие инфекции и редокс-статус у растения хозяина. В работе использованы несколько штаммов *S. nodorum* (SnB, Sn4VD, Sn9MN) и более 50 сортов мягкой яровой и озимой пшеницы. С помощью метода ПЦР проведен скрининг различных сортов пшеницы на наличие аллелей генов восприимчивости *Tsn1*, *Snn1*. Редокс-статус инфицированных растений определяли с помощью спектрофотометрических методов. Было показано, что ген *Tsn1* чаще встречается у пшениц с озимым типом развития (50%), а ген *Snn1* чаще встречается у пшениц с яровым типом развития (91,7%). В ходе исследования определены генотипы с нулевой (рецессивной) аллелью гена *tsn1* (Омская35, Башкирская26, Экада113, Chinese Spring), с нулевой аллелью гена *snn1* (Hanna, Amelio) и с двумя нулевыми аллелями генов *tsn1/snn1* (Боевчанка, Selkirk, Atlas66), а также с доминантными аллелями генов *Tsn1/Snn1* (Жница, Ирень). Роль НЭ в развитии реакции совместимости была изучена на различных парах генотипов пшеница-*S. nodorum*. Генотип пшеницы с двумя доминантными аллелями генов *Tsn1/Snn1* (Жница) был более восприимчив к вирулентному изоляту патогена SnB, чем генотипы с одним доминантным аллелем гена *Tsn1* (Amelio) или *Snn1* (Омская35). Генотип пшеницы с двумя нулевыми аллелями генов *tsn1/snn1* (Боевчанка) показал полную реакцию несовместимости, которая проявлялась в повышении содержания перекиси водорода, что обеспечивало запуск защитных механизмов и остановку роста патогена. Реакция совместимости (Жница/SnB), напротив, характеризовалась снижением содержания перекиси водорода на начальной стадии инфицирования (24 ч), что впоследствии приводило к развитию обширных зон поражения.

Работа выполнена в рамках РФФИ № 20-316-80047-мол-эв-а, №18-04-00978-А.