The effect of bacterial strains on the transcriptional activity of genes of the RNA interference system in wheat (*Triticum*) infected with *Septoria*

Shein M.Yu., Burkhanova G.F., Maksimov I.V.
Institute of Biochemistry and genetics UFRS RAS
E-mail: mikeshenoda@yandex.com

Key message. In wheat, the level of expression of *DCL4* and *AGO1* genes correlated with resistance to the pathogen *S. nodorum*. The transcriptional activity of these genes increased when treated with strains of *B. subtilis* 26D and *B. thuringiensis* 11.

Keywords: RNA interference, *Stagonospora nodorum*, wheat, *Bacillus subtilis*, *Bacillus thuringiensis*

It is well known that RNA interference (RNAi) plays an important role in the formation of an immune response against viruses, but little is known about its participation in protecting plants from pathogenic fungi. The key components in this process are DCL and AGO proteins. DCL proteins initiate the formation of short double-stranded fragments of target RNAs due to their RNase activity. AGO proteins bind these fragments and use them as a cliché to recognize mRNA of target genes. The goal of the research was to assess the role of the *AGO1* and *DCL4* genes in the resistance of wheat *Triticum aestivum* to the pathogen *Stagonospora nodorum* Berk in the presence of endophytic strains of bacteria.

Common wheat Tulaykovskaya 108 and Salavat Yulaev were used in the experiment. The first variety proved to be resistant, and the latter was susceptible *S. nodorum*. A comparative analysis of the expression of *TaDCL4* and *TaAGO1* genes showed that its level correlates with resistance to pathogen. Treatment of wheat with bacterial strains *B. subtilis* 26D and *B. thuringiensis* 11 demonstrated that the combined effect of bacteria and the fungus greatly increased the activity of the genes of interest. This effect was more pronounced in variety Salavat Yulaev, which indicates the possibility of priming resistance to *Septoria* in wheat using endophytic bacterial strains.

This work was supported by Russian Foundation for Basic Research grant №17-29-08014.

Влияние бактериальных штаммов на транскрипционную активность генов системы РНК-интерференции на растениях пшеницы (*Triticum*) при инфицировании возбудителем септориоза

Шейн М.Ю., Бурханова Г.Ф., Максимов И.В.
Институт биохимии и генетики УФИЦ РАН, Уфа, Россия

Аннотация. У пшеницы уровень экспрессии генов *DCL4* и *AGO1* коррелировал с устойчивостью к патогену *S. nodorum*. Количество транскриптов этих генов также возрастало при обработке штаммами *Bacillus subtilis* 26Д и *Bacillus thuringiensis* 11.

Ключевые слова: РНК-интерференция, *Stagonospora nodorum*, пшеница, *Bacillus subtilis*, *Bacillus thuringiensis*

Хорошо известно, что РНК-интерференция (РНКи) играет важную роль в формировании иммунного ответа против вирусов, но о ее участии в защите растений от патогенных грибов известно мало. Ключевыми компонентами в этом процессе являются белки DCL и AGO, где первые, обладая РНКазной активностью, инициируют формирование коротких двухцепочечных фрагментов целевых РНК, а вторые, связывая их, используют в качестве клише для распознавания мРНК генов-мишеней. Соответственно, цель работы – оценить роль генов *AGO1* и *DCL4* в устойчивости пшеницы *Triticum aestivum* к возбудителю септориоза *Stagonospora nodorum* Berk в присутствии эндофитных штаммов бактерий.

В эксперименте были использованы сорта мягкой яровой пшеницы Тулайковская 108 и Салават Юлаев. Первый сорт оказался устойчив, а второй – восприимчив к грибу *S. nodorum*. Сравнительный анализ экспрессии генов *TaDCL4* и *TaAGO1* показал, что её уровень коррелирует с устойчивостью к патогену. При иммунизации пшеницы штаммами бактерий *B. subtilis* 26Д и *B. thuringiensis* 11 было показано, что совместное воздействие на растения и бактерий, и гриба многократно повышало активность исследуемых генов. В наибольшей степени этот эффект проявлялся у сорта Салават Юлаев, что говорит о возможности праймирования устойчивости к септориозу у пшеницы с участием эндофитных штаммов бактерий.

Работа выполнена в рамках гранта РФФИ-офи № 17-29-08014.