

## **Profile ekspresji genu *Lr34* i związanych z nim miRNA u pszenicy zwyczajnej podczas reakcji odpornościowej na porażenie rdzą brunatną (*Puccinia triticina*)**

Julia Spychała, Agnieszka Tomkowiak, Aleksandra Sobiech

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

e-mail: [julia.spychala@up.poznan.pl](mailto:julia.spychala@up.poznan.pl)

Podstawowe kierunki hodowli pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) koncentrują się na wysokim plonowaniu, dobrej jakości handlowej, a także odporności na stesy biotyczne i abiotyczne. Jedną z najgroźniejszych chorób prowadzących do poważnych strat w uprawach pszenicy jest rdza brunatna, powodowana przez patogen grzybowy *Puccinia triticina* Eriks. Poznanie molekularnych mechanizmów interakcji roślina-patogen pozwoli na opracowanie nowych strategii hodowli odpornościowej pszenicy. Odporność na rdzę brunatną uwarunkowaną genetycznie scharakteryzowano w przypadku młodych roślin (seedling resistance), jak i roślin w stadium dorosłym. W stadium siewki odporność jest pionowo kontrolowana przez geny główne R, które często ulegają przełamaniu przez patogeny. W przypadku dojrzałych, odpornych na rdzę roślin obserwuje się odporność poziomą typu APR (adult plant resistance), która zabezpiecza roślinę przed wieloma rasami patogenów jednocześnie, wyróżniając się większą trwałością. Do genów APR należy m.in. gen *Lr34*, zidentyfikowany na chromosomie 7DL pszenicy. Celem badań była analiza profili ekspresji genu *Lr34* oraz trzech komplementarnych miRNA (miR9653b, miR9773 i miR9677b), po inokulacji rdzą brunatną. Materiał roślinny stanowiły odmiany referencyjne pszenicy (Artigas, NP846, Glenlea, Lerma Rojo, TX) zawierające locus genu *Lr34/Yr18/Sr57*. Identyfikacja markera genu *Lr34* w odmianach referencyjnych została przeprowadzona metodą łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR). Stres biotyczny został wywołany poprzez inokulację zarodnikami grzybów w kontrolowanych warunkach w fitotronie. Materiał roślinny stanowiły próbki tkanki liściowej pobrane przed inokulacją oraz 6, 12, 24 i 48 h po inokulacji. Do analizy różnic w ekspresji genu wykorzystano metodę qRT-PCR. W odmianie Artigas zaobserwowano wzrost poziomu ekspresji genu *Lr34* przy jednoczesnym spadku poziomu ekspresji miR9653b i odwrotnie. Podobne zależności zaobserwowano w przypadku odmian NP846 i TX w prawie wszystkich punktach czasowych. Wyniki analiz wskazują na możliwość blokowania ekspresji genu *Lr34* przez miR9653b.

## The expression patterns of the *Lr34* gene and associated miRNAs in common wheat during resistance response to leaf rust (*Puccinia triticina*) infection

Julia Spychała, Agnieszka Tomkowiak, Aleksandra Sobiech

Poznan University of Life Science, Department of Plant Genetics and Breeding, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

e-mail: [julia.spychala@up.poznan.pl](mailto:julia.spychala@up.poznan.pl)

The main trends in breeding common wheat (*Triticum aestivum* L.) focus on high yield, good trade quality, and resistance to biotic and abiotic stresses. One of the most dangerous diseases causing significant losses in wheat crops is leaf rust, caused by *Puccinia triticina* Eriks. The understanding of molecular mechanisms of plant-pathogen interactions will enable the development of new strategies for resistance breeding in wheat. Genetically determined resistance to leaf rust has been characterized in young plants (seedling resistance) as well as in plants at the adult stage. At the seedling stage, resistance is controlled vertically by R major genes, which are often broken by fungal pathogens. In mature rust-resistant plants, horizontal adult plant resistance (APR) is observed, which protects the plant against multiple races of pathogens simultaneously, distinguished by greater durability. Among the APR genes is the *Lr34* gene, identified on wheat chromosome 7DL. The aim of this study was to analyze the expression profiles of the *Lr34* gene and three complementary miRNAs (miR9653b, miR9773 and miR9677b) after inoculation with leaf rust. The plant material consisted of wheat reference varieties (Artigas, NP846, Glenlea, Lerma Rojo, TX) containing the *Lr34/Yr18/Sr57* locus. Identification of the *Lr34* gene marker in reference varieties was performed by polymerase chain reaction (PCR). Biotic stress was induced by inoculation with fungal spores under controlled conditions in a phytotron. Plant material consisted of leaf tissue samples collected before inoculation and 6, 12, 24 and 48 h post inoculation (hpi). The qRT-PCR method was used to analyze differences in gene expression. In Artigas variety, an increase in *Lr34* gene expression level was observed with a decrease in miR9653b expression level. Similar correlations were observed in NP846 and TX varieties at nearly all time points (hpi). The results of the analyses indicate that miR9653b may be capable of blocking *Lr34* gene expression.