



EVOLUCIÓN DEL HONGO *Puccinia striiformis* W. CAUSANTE DE LA ROYA AMARILLA DEL TRIGO EN MÉXICO E IDENTIFICACIÓN DE FUENTES DE RESISTENCIA

EVOLUTION OF THE FUNGUS *Puccinia striiformis* W. CAUSING WHEAT YELLOW RUST IN MEXICO AND IDENTIFICATION OF SOURCES OF RESISTANCE

Julio Huerta-Espino^{1*}, Héctor Eduardo Villaseñor-Mir¹, Salvador Carranza-González¹, René Hortelano-Santa Rosa¹, Eliel Martínez-Cruz¹ y Ravi P. Singh²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México, Chapingo, Estado de México, México.

²International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City, Mexico.

*Autor de correspondencia (j.huerta@cgjar.org)

RESUMEN

La roya amarilla, causada por el hongo *Puccinia striiformis* W., sigue siendo una enfermedad importante del trigo en la región de El Bajío, el Noroeste de México y en los Valles Altos del centro de México. Durante el ciclo 2014 se observó una epidemia de roya amarilla del trigo en los Valles Altos de México, de donde se tomaron muestras y se analizaron en líneas diferenciales en invernadero. Los resultados indicaron que las combinaciones de virulencia de Yr1, Yr2, Yr3, Yr6, Yr7, Yr8, Yr9, Yr17, Yr27 y Yr31 fueron identificadas por primera vez en México. Estas combinaciones estuvieron representadas por las razas MEX14.122, MEX 14.501, MEX14.191, MEX14.146, MEX14.157 y Mex14.300 con virulencia a Yr1. Tomando como base siete líneas diferenciales se identificaron 25 razas, lo que significó una diversidad amplia en la población de *P. striiformis* presente durante 2014. La combinación de virulencia de Yr27 y Yr31 en las poblaciones del patógeno, representadas por la raza MEX14.191, entre otras, causaron que la variedad Nana F2007 se mostrara como susceptible. Los resultados indicaron una evolución continua y acumulación de virulencias en las razas de *P. striiformis* de linaje agresivo adaptadas a temperaturas por arriba de 18 °C durante el periodo de incubación. De 2014 hasta 2022 la raza predominante, tanto en El Bajío como en los Valles Altos, siguió siendo MEX14.191. Pruebas en invernadero y campo mostraron que el 65% de líneas de trigo harinero provenientes del 48-IBWSN del CIMMYT fueron resistentes y su resistencia fue más efectiva en planta adulta.

Palabras clave: *Triticum*, epidemias, hongos fitopatógenos, razas.

SUMMARY

Yellow rust, caused by the fungus *Puccinia striiformis* W., remains a major wheat disease in El Bajío region, Northwestern Mexico and the High Valleys of central Mexico. During the 2014 cycle, an epidemic of yellow rust of wheat was observed in the High Valleys of Mexico, from where samples were taken and analyzed in differential lines in greenhouse. Results indicated that virulence combinations of Yr1, Yr2, Yr3, Yr6, Yr7, Yr8, Yr9, Yr17, Yr27 and Yr31 were identified for the first time in Mexico. These combinations were represented by the races MEX14.122, MEX 14,501, MEX14.191, MEX14.146, MEX14.157 and Mex14.300 with virulence to Yr1. Based on seven differential lines, 25 races were identified, which meant a wide diversity in the population of *P. striiformis* present during 2014. The combination of virulence of Yr27 and Yr31 in the populations of the pathogen represented by the MEX14.191 race, among others, caused the variety Nana F2007 to be shown as susceptible.

Results indicated a continuous evolution and accumulation of virulence in the races of *P. striiformis* of aggressive lineage adapted to temperatures above 18 °C during the incubation period. From 2014 to 2022, MEX14.191 remained as the predominant race in both El Bajío and the High Valleys. Greenhouse and field tests showed that 65 % of bread wheat lines from CIMMYT 48-IBWSN were resistant, and their resistance was more effective in adult plant.

Index words: *Triticum*, epidemics, phytopathogenic fungi, races

INTRODUCCIÓN

La roya amarilla, causada por el hongo *Puccinia striiformis* W., se ha convertido en la principal enfermedad del trigo en México y otros países productores de este grano a nivel mundial. El hongo causante de esta enfermedad puede mutar rápidamente, evolucionar adquiriendo nuevas formas de virulencia y moverse a grandes distancias por medio del viento, pues las hojas enfermas producen miles de esporas que transmiten la enfermedad, teniéndose evidencias de movimientos intercontinentales (Ali *et al.*, 2017). En México la principal zona productora de trigo de temporal se ubica en los Valles Altos del centro del país, compuesta por regiones de los estados de Puebla, Hidalgo, Tlaxcala y Estado de México, donde una de las enfermedades que causa pérdidas importantes en el rendimiento del cultivo de temporal es la roya amarilla (Villaseñor *et al.*, 2012); además, esta roya, es aun una enfermedad importante del trigo en las regiones de El Bajío, el Noroeste y Norte de este país.

En las poblaciones de patógenos existen razas que sólo se distinguen por los genes de virulencia o avirulencia que éstas poseen, de tal forma que una variedad con un gene o combinaciones de genes de resistencia específicos muestra síntomas de susceptibilidad cuando el patógeno evoluciona y es capaz de infectar plantas que poseen

estos genes de resistencia. Los genes de virulencia o avirulencia que las razas de patógeno poseen se determinan indirectamente por la respuesta de plantas que poseen genes de resistencia específicos, denominadas diferenciales. Hasta el año 2000, la raza de *P. striiformis* más común era la identificada como MEX96.11, con virulencia para los genes *Yr2*, *Yr3*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9* y *Yr27*, pero avirulenta a *Yr17* y *Yr31* (Huerta-Espino *et al.*, 2015; Com. Pers.)¹.

La evolución de esta raza hacia nuevas formas de virulencia fue relativamente lenta (más de 10 años), y desde la identificación de MEX96.11, varios genes de resistencia, incluyendo el gen presente en Pollmer (triticale) ahora son inefectivos. La evolución de *P. striiformis* con virulencia para *Yr8* fue detectada por primera vez en los Estados Unidos en el año 2000 (Chen *et al.*, 2002; Milus *et al.*, 2009), generalizándose en México en el año 2003, y continuó evolucionando a un ritmo más rápido con virulencia a *Yr7* (Huerta-Espino *et al.*, 2015; Com. Pers.)¹.

La identificación de una nueva raza debe venir acompañada de la determinación de las variedades o genotipos de trigo que permanecen resistentes y los genotipos que se tornan susceptibles a la misma. Las variantes del hongo con virulencias a *Yr17* y *Yr31* se detectaron en 2007 y 2008, respectivamente (Huerta-Espino *et al.*, 2015; Com. Pers.)¹. Las razas con virulencia para *Yr31* afectaron principalmente a la variedad Rebeca F2000 y otras líneas avanzadas derivadas de Pastor F2000 (Huerta-Espino *et al.*, 2015; Com. Pers.)¹, cuya resistencia es en parte asociada con la presencia de *Yr31*. Hortelano *et al.* (2014) reportaron que la merma en el rendimiento de la roya lineal era del 7 % (200 kg ha⁻¹) en la variedad Nana F2007. Al momento de liberación de Nana F2007 se desconocían los genes de resistencia que la variedad poseía; sin embargo, lo más probable es que parte de su resistencia se deba a la combinación de *Yr27* y de *Yr31*, pero no se habían identificado razas que fueran virulentas a la combinación de *Yr27+Yr31*. Las nuevas formas de virulencia hicieron inefectiva su resistencia, determinándose que si esta variedad se sembraba era necesario realizar dos aplicaciones de fungicidas para el control de la roya, minimizando las pérdidas que ascendieron hasta al 84 % cuando no se protegía el cultivo (Díaz *et al.*, 2018).

Como parte del monitoreo de razas de royas, en cada ciclo de cultivo de trigo de temporal y de riego se toman muestras de hojas enfermas en campos de agricultores,

ya sea en viveros trampa o en viveros de selección del Programa de Trigo del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). En cada muestra viable se determina la raza a la que pertenece mediante el uso de las líneas diferenciales. Si una nueva variedad presenta síntomas de la enfermedad, existe la probabilidad de que una nueva raza del patógeno esté presente. Debido a la relevancia de la roya amarilla del trigo en los Valles Altos de México, el objetivo de la presente investigación fue caracterizar aislamientos de roya amarilla, determinar la existencia de nuevas razas, explicar la susceptibilidad de Nana F2007, sentar precedente para la identificación de nuevas razas e identificar fuentes de resistencia en líneas avanzadas provenientes de 48-IBWSN del CIMMYT.

MATERIALES Y MÉTODOS

Toma de muestras en campo y determinación de razas

Durante la temporada de cultivo 2014, en las siembras comerciales de trigo de temporal en los Valles Altos de México se observó una epidemia de roya amarilla, de donde se colectaron al menos 500 muestras de hojas infectadas con dicha roya en diferentes campos de trigo harinero de varias localidades de Tlaxcala, Puebla, Hidalgo y el Estado de México; además, se tomaron muestras de hojas enfermas de genotipos de trigo incluidos en los viveros de observación y ensayos de rendimiento establecidos por el INIFAP. Las muestras obtenidas de todos los sitios se caracterizaron en las líneas diferenciales (las provenientes de Nana F2007). El resto de las muestras, después de multiplicarse se mantuvo en un refrigerador a -70 °C. para su caracterización posterior.

En los invernaderos del CIMMYT el Batán, México, se sembraron semillas de la variedad Moroco-Lr19 en vasos de unicel, cuando éstas germinaron fueron tratadas con ácido maleico (MH30) a una concentración de 500 mg L⁻¹ de agua. El tratamiento con MH30 restringe el crecimiento de las plántulas, con lo que se incrementa la producción de esporas. Las plántulas de ocho días de edad fueron inoculadas con esporas recolectadas de cada muestra de campo, se colocaron en una cámara de rocío (100 % HR) durante 16 h a 7 °C, luego se colocaron en cámaras de plástico transparente en un invernadero con temperaturas entre 17 y 20 °C. Una uredínea (pústula) de cada muestra de campo que resultó viable se volvió a multiplicar en la misma variedad Moroco-Lr19 siguiendo el procedimiento descrito. Las plántulas que se incrementaron inoculadas con cada aislamiento se colocaron en cámaras individuales de plástico transparente para evitar contaminación entre los aislamientos y obtener suficiente inóculo para inocular las líneas diferenciales (Cuadro 1). La mayoría de las cuasi-isolíneas o diferenciales para los genes conocidos de

¹Huerta-Espino J., H. E. Villaseñor-Mir, M. F. Rodríguez-García and R. P. Singh (2015) Emerging new virulence gene combinations in the Mexican Pst population. In: Proceedings of the Borlaug Global Rust Initiative 2015 Technical Workshop, September 17-20. Sydney, Australia. p. 16.

Cuadro 1. Líneas diferenciales de Avocet y variedades usadas en México para describir la variación fenotípica de *Puccinia striiformis* W.

Diferencial		Diferencial	
1	Moroco (Susceptible)	15	Avocet Yr15
2	Avocet-YrA	16	Avocet Yr17
3	Avocet + YrA	17	Avocet Yr24
4	Avocet Yr1	18	Avocet Yr26
5	Kalyansona Yr2	19	Avocet Yr5b
6	PBW 343 Yr3+Yr9	20	Pavón F76 (Yr6+Yr7)
7	Tatara Yr3+Yr9+	21	Seri M82 (Yr2+Yr9)
8	Avocet Yr5a	22	Opata M85 (Yr27+)
9	Avocet Yr6	23	Kauz (Yr9+Yr27+)
10	Avocet Yr7	24	Pollmer Tcl (YrPoll)
11	Avocet Yr8	25	Tam 200 (YrTam200)
12	Avocet Yr9	26	Avocet Yr31
13	Avocet Yr10	27	Pastor F2000 (Yr31+)
14	Trident (Yr17+)	28	Reedling (Yr17 +)

resistencia a roya amarilla (genes Yr) fueron desarrolladas en Australia y se les conoce como Avocet (Wellings *et al.*, 2009). Las variedades de trigo harinero Seri M82, Pavón F76, Ópata M85, Bacanora T88 (Kauz), TAM 200, Rebeca F2000, Pastor F2000, la línea Reedling y el triticale Pollmer también se incluyeron en la serie de diferenciales.

Las plántulas de 12 días de las diferenciales fueron inoculadas mediante aspersión con urediniosporas suspendidas en aceite mineral ligero (Soltrol 170, Chevron Phillips Chemical Co., Woodlands, Texas, EUA) a una concentración de 1×10^6 urediniosporas mL⁻¹ y luego colocadas en una cámara de rocío, como se describió anteriormente, antes de transferirse a un invernadero a temperaturas entre 17 y 20 °C. El tipo de infección se evaluó aproximadamente 15 días después de la inoculación utilizando la escala de 0 a 9 descrita por McNeal *et al.* (1971). Los aislamientos fueron designados con el acrónimo MEX (México), seguido del año y el número de aislamiento; por ejemplo, MEX14.191, que significa aislamiento 191 registrado en México en el año 2014.

Identificación de fuentes de resistencia

Las líneas designadas como 48 Vivero Internacional de Trigos Harineros (IBWSN) fueron evaluadas el 8 de septiembre y 1 de diciembre de 2014 en plántula en el invernadero en contra de las razas MEX96.11, MEX08.13 y MEX14.191 siguiendo el mismo procedimiento que en la inoculación de las diferenciales.

Para la evaluación en planta adulta se sembraron los

653 genotipos de trigo harinero candidatos al IBWSN del CIMMYT en el Campo Experimental Bajío del INIFAP en Roque, Guanajuato, México durante el ciclo 2014-2015 con el fin de determinar los niveles de resistencia a esta nueva raza. Se sembraron bordos con semillas en partes iguales de Luminaria F2012 y Nana F2007 que sirvieron como dispersores de inóculo. Los 653 genotipos y los testigos Nana F2007 y PBW343 se sembraron en un ensayo de campo siguiendo un diseño completamente al azar sin repeticiones, en surcos dobles de 1.0 m de longitud y 0.3 m de separación. La densidad de siembra fue de aproximadamente 100 semillas por parcela. Los bordos susceptibles se inocularon con urediniosporas de la raza MEX14.191 mediante una suspensión de 5 mg de esporas del hongo por mL⁻¹ de aceite mineral Soltrol 170 y se inocularon alrededor de la etapa de encañe de las plantas. La severidad de la enfermedad se evaluó el 23 de marzo, 3 y 13 de abril del 2015 la cual se estimó por el porcentaje de área de la hoja cubierta por las colonias o pústulas del patógeno (Kishii *et al.*, 2019).

Al mismo tiempo, la reacción de la planta se evaluó según el método de Roelfs (1992), cuando las hojas no presentaron lesiones o sólo mostraron clorosis se registraron como resistentes (R); cuando las hojas mostraron uredíneas rodeadas de necrosis o clorosis se registraron como moderadamente resistentes (MR). Una reacción de susceptibilidad moderada (MS) se registró cuando las hojas presentaron uredíneas con ausencia de necrosis y clorosis. Cuando las hojas mostraron respuestas de MRMS o la combinación de MR y MS y presentaron uredíneas rodeadas de necrosis y un nivel de

infección moderada o clorosis, se registraron como M, y S se registró cuando las hojas mostraron grandes áreas cubiertas de uredíneas o lesiones sin tejido necrótico o clorosis (Kishii *et al.*, 2019). Los genotipos se agruparon de acuerdo con la severidad final de la enfermedad y se clasificaron en grupos con intervalos del 10 % de infección.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Identificación de razas

De los 28 genotipos usados como diferenciales, se observó variación en ocho de ellos como respuesta a las inoculaciones del hongo causante de roya amarilla de las muestras colectadas durante 2014. La combinación de virulencia para *Yr2*, *Yr3*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr8*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr27* y *Yr31*, que fue identificada por primera vez y representada en las razas MEX 14.191, y otra similar, MEX14.146 virulenta a *Yr1* (Cuadro 2).

Considerando la respuesta de *Yr1* a las diferentes razas, se discriminaron tres grupos entre las 25 identificadas; 10 fueron virulentas, ocho avirulentas y en siete de ellas hubo respuesta diferencial heterocigota con plantas resistentes y susceptibles (Cuadro 2). En la variedad Tatara, que inicialmente fue usada como diferencial para *Yr3*, se postuló la presencia de otros genes de resistencia (*Yr3*, *Yr9*, *Yr27+*); además, por su comportamiento, es posible que adicionalmente posea *Yr8*, ya que se observó que las razas avirulentas (15) o virulentas (ocho) en Tatara también fueron avirulentas o virulentas en *Yr8* (Cuadro 3), con excepción de la raza MEX14.115. Lo anterior indicaría la presencia en Tatara de un gen de resistencia adicional (+) a los ya mencionados, pero inefectivo a la raza MEX14.160, y que puede ser similar al identificado en Ópata M85 (Cuadro 2). Las variedades Ópata M85 (*Yr27*, +) y Kauz (*Yr9*, 27, +) usadas para verificar el comportamiento de *Yr27* cuando existe virulencia para *Yr9*, tuvieron un comportamiento diferente. Once de las 25 razas identificadas fueron virulentas tanto en Ópata M85 como en Kauz, mientras que cinco fueron avirulentas en ambos genotipos (Cuadro 2); sin embargo, ocho de ellas, fueron virulentas en Kauz, pero avirulentas en Ópata M85, lo que indicaría que Ópata M85 posee un gene de resistencia adicional a *Yr27* (+).

En el presente estudio se usaron dos fuentes de *Yr31*, Avocet *Yr31* y la variedad Pastor F2000 (*Yr31+*) (Cuadro 1), ambas con un comportamiento similar, pero sólo la respuesta de Pastor F2000 se presenta en el Cuadro 3. De las 25 razas identificadas, 18 fueron virulentas y siete avirulentas, entre las cuales cuatro de estas últimas también fueron avirulentas en Kauz. La raza MEX14.114, proveniente de una muestra obtenida de Rebeca F2000 (*Yr31+*), fue virulenta en Pastor F2000, pero avirulenta en Kauz y sólo los aislamientos

MEX14.202 y MEX14.206 fueron avirulentos en Pastor F2000, pero virulentos en Kauz (Cuadro 2). En plántula, las razas identificadas en la presente investigación fueron virulentas a *Yr17*. Dos fuentes adicionales de *Yr17* fueron incluidas como diferenciales, Trident y Reedling (Borlaug 100 *Yr17+*). Avocet *Yr17* y Trident tuvieron el mismo comportamiento, pero Reedling se comportó diferencialmente, aunque la mayoría de las razas fueron avirulentas y sólo MEX14.114, MEX14.122, MEX14.202, MEX14.187 y MEX14.160 fueron virulentas (Cuadro 2), lo que indicó que Reedling puede poseer resistencia adicional a *Yr17* en plántula.

Estas nuevas combinaciones de virulencia (*Yr27+Yr31*) vencieron la resistencia de la variedad Nana F2007 sembrada en los Valles Altos de México, y de Luminaria F2012 liberada para las zonas de riego de El Bajío. Estos resultados indican una continua evolución y acumulación de virulencias que dan lugar a razas más agresivas de *P. striiformis*. Cuando se comparó el comportamiento de ciertos genotipos y diferenciales a la raza MEX14.191 con las dos razas identificadas anteriormente, una virulenta a *Yr27*, pero avirulenta a *Yr31* (MEX96.11) y una segunda que fue virulenta a *Yr31* pero avirulenta a *Yr27* (MEX08.13), es claro que la combinación de virulencia sobre *Yr27+Yr31* fue capaz de causar la enfermedad en plántula en genotipos resistentes a las dos razas anteriores como Don Carlos M2015, Francolín, Luminaria F2012, Kronstad F2004 y Nana F2007, entre otros (Cuadro 3).

Entre las muestras analizadas durante 2014, y las pruebas de plántula, se observó que los aislamientos fueron virulentos a *Yr2*, *Yr3*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9* y *Yr17*, además de los ya mencionados en los Cuadros 2 y 3; así mismo, entre los aislamientos evaluados en estado de plántula no se observó virulencia para los genes *Yr5a*, *Yr5b*, *Yr10*, *Yr15*, y *Yr24* (= *Yr26*). La fórmula de avirulencia/virulencia de MEX14.191 es: *Yr1*, *Yr5a*, *Yr5b*, *Yr15*, *YrPoll/Yr2*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr8*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr27*, *Yr31* y *Yr32*. Del 2014 al 2023 la raza predominante continuó siendo MEX14.191. Se han detectado nuevas razas, incluyendo MEX16.04, virulenta para *Yr10* y *Yr24* (Huerta-Espino y Singh, 2017) sin llegar a causar epidemias en las variedades actualmente cultivadas. A partir del año 2015, MEX14.191 se ha utilizado para hacer selección en contra de roya amarilla, tanto en generaciones segregantes como en líneas avanzadas.

Las epidemias de roya amarilla con frecuencia son causadas por razas que existen en baja frecuencia y luego de que una variedad se siembra en superficie mayor, como en el caso de Nana F2007, estas razas también tienden a incrementar su frecuencia, por lo que la enfermedad se presenta a un nivel epidémico; en otras palabras, una variedad resistente al momento de liberarse, en pocos años puede hacerse susceptible debido a la presencia

Cuadro 2. Tipos de infección[†] y frecuencia de razas de *P. striiformis* identificadas con base en siete diferenciales seleccionados de las muestras tomadas durante el 2014 en trigo de temporal en los Valles Altos de México y grupo correspondiente.

Grupo	Raza	Diferencial							
		Yr1	Tatara	Yr8	Opata	Kauz	Pastor	Reedling	%
1	MEX14.114	0	5	5	4	6	9	9	2.8
2	MEX14.113	0	5	5	8	8	9	4	1.8
3	MEX14.107	0	5	3	4	3	4	4	2.8
4	MEX14.222	0	5	5	5	9	7	5	5.6
5	MEX14.122	0	8	9	9	9	9	7	2.8
6	MEX14.501	0	9	9	9	9	9	5	9.3
7	MEX14.152	0	7	7	1	1	4	0	1.0
8	MEX14.152.1	0	7	7	5	6	4	1	1.0
9	MEX14.191	1,7	9	9	9	9	8	5	19.6
10	MEX14.224	1,7	5	5	5	8	9	5	2.8
11	MEX14.140	0,7	4	4	4	5	5	4	1.0
12	MEX14.209	1,7	5	4	8	9	7	4	1.0
13	MEX14.132	0,7	5	5	5	5	9	5	1.0
14	MEX14.502	7,1	5	5	5	7	5	5	1.0
15	MEX14.201	1,7	5	5	8	8	7	5	1.8
16	MEX14.146	7	9	9	9	9	9	5	5.6
17	MEX14.115	8	5	9	5	7	9	5	2.8
18	MEX14.516	9	5	5	5	7	9	5	10.2
19	MEX14.206	9	5	5	5	8	5	5	2.8
20	MEX14.202	9	5	4	5	8	5	8	1.8
21	MEX14.241	9	5	5	7	8	8	5	7.4
22	MEX14.300	9	9	9	9	9	9	5	5.6
23	MEX14.157	9	7	9	9	9	9	9	1.0
24	MEX14.187	9	5	4	5	7	9	9	6.5
25	MEX14.160	9	7	5	7	9	9	4	1.0

[†]Escala 0-9 de McNeal *et al.* (1971). Las razas fueron virulentas a Yr2, Yr3, Yr6, Yr7, Yr9 y Yr17. No se detectó virulencia para los genes Yr5a, Yr5b, Yr10, Yr15, y Yr24 (=Yr26).

de una nueva raza. Esta nueva raza puede presentarse por evolución local, como es el caso de la evolución que combinó virulencia para Yr27 y Yr31 en los Valles Altos (García *et al.*, 2015; Com. Pers.)² o por incursión de razas

provenientes de otras regiones del país, del continente o de otras partes del mundo, sin excluir el origen de recombinación sexual en el hospedante alterno.

En Europa, por ejemplo, las epidemias de roya amarilla en 12 países entre 2002 y 2014 fueron causadas por tres razas denominadas por la variedad donde se encontró virulencia (Guerrero, Kranich y Triticale agresivo) y las razas que aparecieron después de 2011 fueron de origen exótico (Hovmøller *et al.*, 2016). En general, las epidemias

²García L. E., J. Huerta E., H. E. Villaseñor M., M. F. Rodríguez G. y D. Bárcenas (2015) Nuevas razas de roya amarilla (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) en variedades comerciales de trigo harinero en los Valles Altos de México. In: Memoria de Resúmenes del XVII Congreso Internacional y XLII Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Fitopatología. 19-23 de julio de 2015. Sociedad Mexicana de Fitopatología. Ciudad de México. p. 172.

Cuadro 3. Diferencias importantes en los tipos de infección entre MEX96.11 y Mex08.13 prevalentes hasta el año 2012 y los cambios observados en respuesta a MEX14.191 identificada durante 2014.

Diferencial	Razas de <i>P. striiformis</i> y Tipos de infección (TI) [†]		
	MEX96.11	MEX08.13	MEX14.191
AOC-Yr27	8	5	8
Ópata M85 (Yr27 +)	8	4	9
Kauz (Yr9, 27 +)	8	5	9
PBW343 (Yr3, Yr9, Yr27 +)	8	3	9
AOC-Yr31	5	8	9
Pastor F2000 (Yr31+)	5	8	9
Ópata/Pastor (Yr27+Yr31)	3	3	9
Don Carlos M2015	4	5	8
Luminaria F2012	2	4	8
Nana F2007	4	5	9
AOC-Yr8	4	5	8
Tatara (Yr3, Yr9, Yr27 +)	4	4	9
AOC-Yr32	3	4	8

[†]Escala 0-9 de McNeal *et al.* (1971).

de roya amarilla del trigo han sido causadas por un número reducido de razas, como es el caso de MEX14.191 en la variedad Nana F2007 en México (García *et al.*, 2015; Com. Pers.)². Otro ejemplo se basa en datos de 35 países que de 2009 a 2015 revelaron variación en las razas de acuerdo con las regiones productoras de trigo; así, mientras algunas fueron dominantes en América del Norte, otras lo fueron en Asia Occidental, África del Norte y África Oriental, y distintas de las que prevalecieron en Asia Central y Europa (Ali *et al.*, 2017).

En términos de virulencia, las razas prevalentes o causantes de las epidemias de roya amarilla han aparecido a causa de la evolución hacia nuevas formas de virulencia influenciadas en parte por los genes presentes en las variedades cultivadas en grandes extensiones, sin descartar el movimiento global de razas cuyo origen puede ser el producto de la recombinación sexual en regiones donde se encuentran los hospedantes alternos. En Turquía y parte de Europa, por ejemplo, la mayoría de los aislamientos caracterizados fueron virulentos en diversas frecuencias para los genes de resistencia *Yr1*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr8*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr17*, *Yr24*, *Yr27*, *Yr32*, *Yr43*, *Yr44*, *YrSp* (=Yr5b) y *YrTr1*, pero avirulentos en *Yr5* y *Yr15* (Cat *et al.*, 2021). La virulencia para *Yr9* y *Yr27* fue común en epidemias en África y Asia, mientras que la virulencia a *Yr17* y *Yr32* prevaleció en Europa, lo que corresponde a genes de resistencia ampliamente desplegados en las variedades

comerciales (Ali *et al.*, 2017). Al comparar la situación global de la roya amarilla en varios países, se concluyó que las razas prevalentes y su variación ha dependido de las variedades cultivadas y otros factores presentes en las regiones productoras de trigo (Sharma-Poudyal *et al.*, 2013), aunque las frecuencias de los factores de virulencia fueron diferentes, la mayoría de los aislamientos (razas) de *P. striiformis* de estos países compartían factores de virulencia comunes (Sharma-Poudyal *et al.*, 2013).

Identificación de fuentes de resistencia

Con la evolución de virulencia para *Yr27* y *Yr31* en Nana F2007, Luminaria F2012 y otras variedades, se planteó la necesidad de identificar fuentes de resistencia efectiva a MEX14.191, entre otras. Con los datos de la evaluación en plántula en contra de las razas MEX96.11, MEX08.13 y MEX14.191 (Cuadro 3) en planta adulta en el campo se formaron seis grupos (Cuadro 4): A) resistentes en plántula a las tres razas, B) líneas resistentes en plántula a MEX96.11 pero susceptibles a MEX08.13 y MEX14.191, C) líneas susceptibles en plántula a MEX96.11 y MEX14.191 pero resistentes a MEX08.13, D) líneas susceptibles en plántula a las tres razas, E) líneas resistentes en plántula a MEX96.11 y MEX08.13 pero susceptibles a MEX14.191 y F) líneas con comportamiento en planta adulta independiente del comportamiento en plántula. La evaluación de estos seis grupos en planta adulta en el campo mostró que

existen altos niveles de resistencia en las líneas evaluadas.

Más del 65 % de las líneas evaluadas tuvieron niveles de infección iguales o menores de 5 %, que son las que se consideraron con niveles de resistencia altos, siendo el mayor grupo casi inmune (0 % de infección) y representaron el 36 % del total de las líneas evaluadas, seguidas de líneas que mostraron el 5 % de infección (19.13 %) y líneas con el 1 % de infección (11.11 %). Los datos no se muestran en el Cuadro 4, pero están incluidas en el intervalo de clasificación (10 en 10) de los genotipos de acuerdo con el porcentaje de infección en los diferentes grupos del Cuadro 4.

La identificación de fuentes de resistencia sigue siendo un reto para fitopatólogos y mejoradores; afortunadamente, en México se han identificado fuentes con genes de resistencia de raza específica a roya amarilla y se han incorporado a variedades con alto potencial de rendimiento, como es el caso de los genes *Yr5*, *Yr15* y *Yr17* en la variedad Borlaug 100 (Valdez-Rodríguez *et al.*, 2020) o se han desarrollado genotipos con resistencia en planta adulta, como en el presente estudio, donde se observó que al menos 70 % de las líneas tuvieron niveles aceptables de resistencia. En países como Pakistán, India y Egipto (Badoni *et al.*, 2017; Elbasyoni *et al.*, 2019; Rehman *et al.*, 2019; Sood *et al.*, 2020) se han identificado fuentes de resistencia a las razas prevalentes en esos países. Estas líneas incluyen resistencia de raza específica y resistencia parcial de planta adulta, como es el caso de las líneas evaluadas en el presente estudio. Los resultados indicaron

que los genes *Yr18*, *Yr29*, *Yr46* y *Yr30*, solos o en diferentes combinaciones, estuvieron presentes entre las variedades de trigo evaluadas y continúan siendo la columna vertebral de la resistencia en el germoplasma mexicano actual (Huerta-Espino *et al.*, 2020).

Otra forma de identificar fuentes de resistencia es mediante mapeo por asociación utilizando datos genómicos (GWAS); por ejemplo, de una colección mundial de 1000 accesiones de trigo de primavera en condiciones de campo se evaluaron cuatro razas de *P. striiformis* en seis ambientes en el oeste de los Estados Unidos, en estado de plántula; se observaron mayores niveles de resistencia en una subpoblación del sur de Asia, GWAS identificó 97 loci que fueron significativos; pero sólo tres de 10 QTL representan nuevos loci de resistencia (Maccaferri *et al.*, 2015). Por otro lado, en una colección de 1175 accesiones de germoplasma de trigo de invierno de la Colección Nacional de Granos Pequeños de los Estados Unidos, el análisis por GWAS identificó 127 loci de resistencia (Bulli *et al.*, 2016). En otro estudio de asociación de todo el genoma del trigo se evaluaron 23,346 líneas de trigo del CIMMYT en India, Kenia y México contra razas predominantes en esos países. Se identificaron 114 marcadores repetibles que marcan 20 loci de rasgos cuantitativos (QTL) asociados con YR en 10 cromosomas, incluyendo 1D, 2A, 2B, 2D, 3A, 4A, 4D, 5A, 5B y 6B, entre los cuales cuatro QTL, *QYr.cim-2DL.2*, *QYr.cim-2AS.1*, *QYr.cim-2BS.2* y *QYr.cim-2BS.3* fueron significativos en más de diez conjuntos de datos (Juliana *et al.*, 2020).

Cuadro 4. Número de líneas y porcentaje por grupo de acuerdo con su comportamiento en plántula en contra de las razas MEX96.11, MEX08.13 y MEX14.191 de roya amarilla y severidad en planta adulta en campo.

Severidad (%)	Grupos											
	A		B		C		D		E		F	
	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%
0-10	58	84.1	28	65.3	57	49	30	42	296	83.9	472	72.8
11-20	5	7.2	8	18.6	34	29	20	27.7	32	9.1	95	14.7
21-30	2	2.9	2	4.6	9	7.7	5	6.9	7	1.9	25	3.8
31-40	0	0	3	6.9	4	3.4	8	11.1	6	1.7	21	3.2
41-50	3	4.3	1	2.3	4	3.4	4	5.5	1	0.3	13	1.5
51-60	1	1.5	1	2.3	2	1.7	2	2.7	5	1.4	11	1.5
61-70	0	0	0	0	1	0.8	0	0	4	1.1	5	0.8
71-80	0	0	0	0	3	2.5	0	0	1	0.3	4	0.6
81-90	0	0	0	0	3	2.5	2	2.7	1	0.3	6	0.9
91-100	0	0	0	0	0	0	1	1.4	0	0	1	0.2
Total	69	100	43	100	117	100	72	100	353	100	653	100

Las líneas de trigo harinero identificadas como resistentes en el presente estudio son el producto de cruzamientos y selección en contra de las razas en México previas a 2014, donde se ha hecho énfasis en la resistencia de planta adulta. Estas líneas tienen, además de resistencia a roya amarilla, resistencia a la roya de la hoja e inclusive a la roya del tallo, potencial de rendimiento alto y buena calidad industrial. De este vivero, las líneas resistentes se pueden seleccionar de acuerdo con su adaptación para condiciones de temporal o de riego y liberarse como variedades para cada uno de estos ciclos.

CONCLUSIONES

El hongo causante de la roya amarilla del trigo continúa su evolución hacia nuevas formas de virulencia o combinaciones de virulencia previamente no identificadas en México. La raza MEX14.191, entre otras con virulencia para *Yr27* y *Yr31*, fueron la causa de que las variedades Nana F2007, Luminaria F2012 y otras variedades mostraran síntomas de susceptibilidad. Los resultados de las pruebas de campo mostraron que más de 70 % de los materiales del 48avo vivero IBWSN del CIMMYT poseen niveles altos de resistencia de planta adulta, éstos se pueden evaluar bajo condiciones de temporal o riego y seleccionar aquellos que mejor se adapten a estas condiciones, y en un futuro ser liberados como nuevas variedades mejoradas resistentes a roya amarilla.

AGRADECIMIENTOS

La presente investigación fue financiada parcialmente por el proyecto CONACYT-SAGARPA México No. 146788.

BIBLIOGRAFÍA

- Ali S., J. Rodríguez-Algaba, T. Thach, C. K. Sørensen, J. G. Hansen, P. Lassen, ... and M. S. Hovmöller (2017) Yellow rust epidemics worldwide were caused by pathogen races from divergent genetic lineages. *Frontiers in Plant Science* 8:1057, <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01057>
- Badoni S., R. Chaudhary, R. Shekhar, S. Badoni, E. Ahmad, R. P. Gangwar, ... and J. P. Jaiswal (2017) Unveiling sources of stripe rust resistance in diverse wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using narrow down methodology: a proof of concept. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 20:393-403, <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0118-0>
- Bull P., J. Zhang, S. Chao, X. Chen and M. Pumphrey (2016) Genetic architecture of resistance to stripe rust in a global winter wheat germplasm collection. *G3 Genes/Genomes/Genetics* 6:2237-2253, <https://doi.org/10.1534/g3.116.028407>
- Cat A., M. Tekin, K. Akan, T. Akar and M. Çatal (2021) Races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* identified from the coastal areas of Turkey. *Canadian Journal of Plant Pathology* 43:S323-S332, <https://doi.org/10.1080/07060661.2021.1978000>
- Chen X., M. Moore, E. A. Milus, D. L. Long, R. F. Line, D. Marshall and L. Jackson (2002) Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the United States in 2000. *Plant Disease* 86:39-46, <https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.1.39>
- Díaz C. H. L., S. G. Leyva M., H. E. Villaseñor M., M. Vargas H., R. Hortelano S. R., Y. R. Valdez R. y E. Martínez C. (2018) Control químico de la roya lineal en diferentes etapas de desarrollo del trigo en Terrenate, Tlaxcala. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 9:1067-1074, <https://doi.org/10.29312/remexca.v9i5.1510>
- Elbasyoni I. S., W. M. El-Orabey, S. Morsy, P. S. Baenziger, Z. Al Ajlouni and I. Dowikat (2019) Evaluation of a global spring wheat panel for stripe rust: resistance loci validation and novel resources identification. *PLoS ONE* 14:e0222755, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222755>
- Hortelano S. R. R., H. E. Villaseñor M., E. Martínez C. y E. Espitia R. (2014) Control químico de roya amarilla en trigo harinero de temporal en los Valles Altos de México. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria* 2:38-44.
- Hovmöller M. S., S. Walter, R. A. Bayles, A. Hubbard, K. Flath, N. Sommerfeldt, ... and C. de Vallavieille-Pope (2016) Replacement of the European wheat yellow rust population by new races from the centre of diversity in the near-Himalayan region. *Plant Pathology* 65:402-41, <https://doi.org/10.1111/ppa.12433>
- Huerta-Espino J. and R. Singh (2017) First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* to wheat resistance genes *Yr10* and *Yr24* (=Yr26) in Mexico. *Plant Disease* 101:1676, <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-17-0532-PDN>
- Huerta-Espino J., R. Singh, L. A. Crespo-Herrera, H. E. Villaseñor-Mir, M. F. Rodríguez-García, S. Dreisigacker, ... and E. Lagudah (2020) Adult plant slow rusting genes confer high levels of resistance to rusts in bread wheat cultivars from Mexico. *Frontiers in Plant Science* 11:824, <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00824>
- Juliana P., R. P. Singh, J. Huerta-Espino, S. Bhavani, M. S. Randhawa, U. Kumar, ... and G. P. Singh (2020) Genome-wide mapping and allelic fingerprinting provides insights into the genetics of resistance to wheat stripe rust in India, Kenya, and Mexico. *Scientific Reports* 10:10908, <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67874-x>
- Kishii M., J. Huerta, H. Tsujimoto and Y. Matsuoka (2019) Stripe rust resistance in wild wheat *Aegilops tauschii* Coss.: genetic structure and inheritance in synthetic allohexaploid *Triticum* wheat lines. *Genetic Resources and Crop Evolution* 66:909-920, <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00758-w>
- Maccafferri M., J. Zhang, P. Bulli, Z. Abate, S. Chao, D. Cantu, ... and J. Dubcovsky (2015) A genome-wide association study of resistance to stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) in a worldwide collection of hexaploid spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *G3 Genes/Genomes/Genetics* 5:449-465, <https://doi.org/10.1534/g3.114.014563>
- McNeal F. H., C. F. Konzak, E. P. Smith, W. S. Tate and T. S. Russell (1971) A uniform system for recording and processing cereal research data. *Agricultural Research Service Bulletin* 34:121-143.
- Milus E. A., K. Kristensen and M. S. Hovmöller (2009) Evidence for increased aggressiveness in a recent widespread strain of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* causing stripe rust of wheat. *Phytopathology* 99:89-94, <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-1-0089>
- Rehman A., S. A. H. Naqvi, U. D. Umar, M. I. Zafar, F. Hussain, M. A. Zulfiqar and A. A. Khan (2019) Identification of resistance sources in wheat to brown and yellow rust. *Pakistan Journal of Agricultural Research* 32:185-196, <https://doi.org/10.17582/journal.pjar/2019/32.1.185.196>
- Roelfs A. P. (1992) Las Royas del Trigo: Conceptos y Métodos para el Manejo de esas Enfermedades. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. México, D. F. 81 p.
- Sharma-Poudyal D., X. M. Chen, A. M. Wan, G. M. Zhan, Z. S. Kang, S. Q. Cao, ... and L. J. Patzek (2013) Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease* 97:379-386, <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-12-0078-RE>
- Sood T., D. Basandrai, A. K. Basandrai, V. S. Sohu, V. Rana, A. Mehta, ... and N. S. Bains (2020) Stable sources of resistance to yellow rust and powdery mildew in Indian and exotic wheat germplasm. *Journal of Cereal Research* 12:23-28, <http://doi.org/10.25174/2582-2675/2020/100835>
- Valdez-Rodríguez Y. R., J. Huerta-Espino, J. S. Sandoval-Islas, H. E. Villaseñor-Mir y O. Gómez-Rodríguez (2020) Introgresión de los genes de resistencia a roya amarilla *Yr5a* y *Yr15* en el cultivar de trigo

harinero Borlaug 100. *Revista Fitotecnia Mexicana* 43:275-282, <https://doi.org/10.35196/rfm.2020.3.275>

Villaseñor M. H. E., R. Hortelano S. R., E. Martínez C., L. A. Mariscal A., S. G. Leyva M. y J. Huerta Espino (2012) Control químico de las enfermedades: una alternativa para la producción de trigo de temporal en Tlaxcala. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*

3:595-600, <https://doi.org/10.29312/remexca.v3i3.1452>

Wellings C. R., R. P. Singh, A. H. Yahyaoui, K. Nazari and R. A. McIntosh (2009) The development and application of near-isogenic lines for monitoring cereal rust pathogens. *In: Proceedings of Oral Papers 2009 Borlaug Global Rust Initiative*. Ciudad Obregón, Sonora, México. pp:77-87.