POSTULACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN PROGENITORES DEL PROGRAMA DE TRIGO HARINERO DEL INIFAP-CEVAMEX

POSTULATION OF LEAF RUST RESISTANCE GENES IN BREAD WHEAT PROGENITORS OF THE INIFAP-CEVAMEX PROGRAM

Julio Huerta-Espino[1], Yerica R. Valdez-Rodríguez[1], Santos G. Leyva-Mir[2], Elizabeth García-León[3], Héctor E. Villaseñor-Mir[1]*, Ma. Florencia Rodríguez-García[1] y Huizar L. Díaz-Ceniceros[4]

[1]Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Valle de México, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, México. [2]Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Parasitología Agrícola, Chapingo, Texcoco, Estado de México, México. [3]INIFAP, Campo Experimental Valle del Fuerte, Juan José Ríos, Guasave, Sinaloa, México. [4]INIFAP, Campo Experimental Norman E. Borlaug, Cd. Obregón, Sonora, México.

**Autor de correspondencia* (villasenor.hector@inifap.gob.mx)

RESUMEN

Las royas han sido uno de los mayores problemas del trigo (*Triticum* spp.) en el mundo, de las cuales, la de la hoja, causada por el hongo *Puccinia triticina*, es la más común y la más ampliamente distribuida. El uso de variedades resistentes es el método más efectivo y ecológicamente sustentable para su control. El objetivo de este trabajo fue postular los genes de resistencia a roya de la hoja en plántula de genotipos élite y su respuesta a la enfermedad en planta adulta. Se evaluaron 38 genotipos del grupo de progenitores del Programa de Trigo del INIFAP-CEVAMEX, incluyendo variedades y líneas experimentales. Se inocularon 16 razas diferentes de roya de la hoja bajo condiciones de invernadero para ser evaluados en estado de plántula, y la raza MBJ/SP para medir su respuesta en planta adulta en campo e invernadero. Con base en los tipos de infección expresados por los genotipos en estado de plántula, se postuló la presencia de 14 genes: *Lr1, 2a, 2c, 3, 9, 10, 13, 14b, 16, 17, 23, 24* y *27+31*, solos o en combinación de hasta ocho, teniendo un total de 31 combinaciones diferentes; así mismo, hubo variación en la respuesta en planta adulta. Se identificaron genotipos que combinan genes de resistencia en plántula y planta adulta, presentando mayor resistencia en planta adulta los genotipos de reciente formación, lo que refleja los avances en el mejoramiento mediante la acumulación de genes para el control genético de la roya de la hoja.

Palabras clave: *Puccinia triticina, Triticum aestivum*, genes *Lr.*

SUMMARY

Rusts have been one of the major probles of wheat (*Triticum* spp.) worldwide, of which the leaf rust, caused by the fungus *Puccinia triticina*, is the most common and the most widely distributed. The use of resistant varieties is the most effective and ecologically sustainable method for its control. The objective of this study was to postulate the genes for resistance to leaf rust in seedlings of elite genotypes and their response to the disease in adult plants. Thirty-eight genotypes of the group of parents of the INIFAP-CEVAMEX Wheat Program were evaluated, including varieties and experimental lines. Sixteen different races of leaf rust were inoculated under greenhouse conditions to be evaluated at the seedling stage, and the MBJ/SP race was inoculated to evaluate their response in adult plant in field and greenhouse conditions. Based on the infection types expressed by the genotypes at seedling stage, the presence of 14 genes was postulated: *Lr1, 2a, 2c, 3, 9, 10, 13, 14b, 16, 17, 23, 24* and *27+31*, alone or in combinations of up to eight, having a total of 31 different combinations; likewise, there was variation in the response in adult plants. Genotypes that combine resistance genes at the seedling and adult plant stages were identified, with newly formed genotypes presenting greater resistance in adult plant, reflecting advances in improvement through the accumulation of genes for the genetic control of leaf rust.

Index words: *Puccinia triticina, Triticum aestivum, Lr* genes.

INTRODUCCIÓN

El trigo (*Triticum* spp.) es el segundo grano de mayor producción a nivel mundial, más del 60 % de su producción se utiliza para la alimentación humana y es cada vez más común en países en desarrollo de Asia y Latinoamérica. Uno de los problemas importantes de este cultivo es la roya de la hoja causada por el hongo *Puccinia triticina*, enfermedad ampliamente distribuida y devastadora en México y en el mundo (Huerta *et al*., 2011). Sus daños pueden causar pérdidas en el rendimiento de hasta 84 %, ya que infecciones tempranas provocan disminución en el número de granos por espiga, el peso hectolítrico y la calidad del grano (Delgado-Sánchez *et al*., 2016).

El uso de variedades resistentes es el método de control más efectivo y ecológicamente sustentable para hacer frente a esta enfermedad; por lo tanto, incorporar genes de resistencia a nuevas variedades es el principal objetivo de los programas de mejoramiento (Vanzetti *et al*., 2013). Realizar el análisis genético de la resistencia en líneas avanzadas en un programa de mejoramiento genético es fundamental, ya que constituye una herramienta valiosa para determinar el germoplasma a liberar y a recombinar para lograr un control genético efectivo de la roya (Huerta *et al*., 2002). Desde el descubrimiento de la interacción gen-gen (Flor, 1959), la postulación de genes se ha realizado para determinar aquellos que confieren resistencia en variedades de trigo (Dawit *et al*., 2012). En este procedimiento se evalúan genotipos de trigo frente

Recibido: 08 de julio de 2020
Aceptado: 10 de abril de 2021

a diferentes razas de *P. triticina* que tienen distintas combinaciones de genes de avirulencia/virulencia, caracterizando los diferentes tipos de infección, tanto en las líneas diferenciales como en los genotipos evaluados. Los tipos de infección en las diferenciales, que poseen genes de resistencia individuales, son la base para comparar los tipos de infección de los genotipos y así postular los genes de resistencia que poseen (Vanzetti *et al*., 2013). En el caso de variedades mexicanas, se han realizado estudios de postulación de genes por Singh y Rajaram (1991; 1992), Singh (1993), Huerta (2002); Huerta-Espino *et al*. (2003), Solís-Moya *et al*. (2013) y Ponce *et al.* (2018). La postulación de genes a roya de la hoja también se ha realizado recientemente en otros países (Hanzalová *et al*., 2020; Randhawa *et al*. 2016; Vanzetti *et al*. 2013; Volkova *et al*., 2020).

Debido a la importancia de conocer los genes de resistencia a la roya de la hoja que posee el germoplasma elite del programa de mejoramiento de trigo del INIFAP-CEVAMEX, el objetivo de la presente investigación fue postular en el grupo de progenitores del programa de mejoramiento genético de trigo harinero, los genes de resistencia en plántula y su respuesta en planta adulta.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético y sitio experimental

Se evaluaron 38 genotipos de trigo harinero (Cuadro 1) durante el ciclo primavera-verano 2016 en el Campo Experimental Valle de México del INIFAP (INIFAP-CEVAMEX). La evaluación en plántula se realizó en el Laboratorio Nacional de Royas y otras Enfermedades de Cereales (LANAREC) y la evaluación en planta adulta se realizó en campo en condiciones de secano (temporal), así como en invernadero en el LANAREC. Se usaron 16 razas de roya de la hoja y se incluyeron las 21 líneas diferenciales (Cuadro 2).

Pruebas en estado de plántula

Para la prueba en plántula se colocaron de 8 a 10 semillas de cada genotipo en charolas de plástico utilizando como sustrato tierra estéril, también se incluyeron las líneas diferenciales de roya de la hoja (Cuadro 2). Trece días después de la siembra las plantas se inocularon con una suspensión de uredioniosporas de cada raza en aceite mineral (Soltrol 170®) en una concentración de 5 mg de urediniosporas por mL de aceite (Randhawa *et al*., 2018) y se asperjaron con un atomizador conectado a un compresor eléctrico (Valdez-Rodríguez *et al*., 2020).

Las plántulas se incubaron durante 12 h en una cámara húmeda, donde se generó rocío en forma artificial, y posteriormente fueron transferidas a un invernadero con una temperatura de 20-24 °C durante el día y con luz suplementaria de 10,000 Lux por 8 h. Los datos de tipo de infección se tomaron 10 días después de la inoculación siguiendo la escala de 0-4, donde 0, 1, 2 y X se consideran resistentes, mientras que 3 y 4 susceptibles. Dado que se trata de una escala visual relativa, también contempla variaciones o combinaciones del tipo de infección, como 0;, ;1, 11+, o 1+3c, etc., donde "c" indica clorosis, "+" indica una reacción más intensa pero menor al siguiente número en la escala.

Pruebas en planta adulta en invernadero

Cada genotipo se sembró en macetas de plástico que contenía suelo esterilizado para realizar la evaluación en planta adulta. Se depositaron seis semillas en cada maceta para dejar tres plantas por maceta, seleccionando las más vigorosas, se aplicó una dosis única de urea en etapa de plántula (20 g L^{-1} de agua). Se inoculó la raza MBJ/SP asperjando la hoja bandera de cada genotipo con urediniosporas suspendidas en aceite mineral en la misma concentración usada en la evaluación en plántula; posteriormente, las plantas se mantuvieron en las mismas condiciones de invernadero que en la evaluación de plántula. La evaluación de severidad de la roya en la hoja se realizó 15 días después de la inoculación, siguiendo la escala de Cobb modificada, que va de 0 a 100 % (Roelfs *et al*., 1992).

Pruebas en planta adulta en el campo

En la evaluación en campo los 38 genotipos se sembraron en dos surcos de 1 m de longitud y una fertilización inicial 160N-80P-00K. Se inoculó la raza MBJ/SP a los 45 días después de la siembra, preparando una suspensión de urediosporas en aceite mineral (5 mg de urediniosporas mL^{-1} de aceite) (Randhawa *et al*., 2018) y asperjada con un atomizador manual. Las evaluaciones de severidad en la hoja bandera se realizaron siguiendo la escala de Cobb modificada que va de 0 a 100 % (Roelfs *et al*., 1992).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación en plántula

De los más de 67 genes conocidos de resistencia a roya de la hoja (McCallum *et al*., 2012), se postularon 14 en forma individual o en combinación. Los genes postulados fueron: *Lr1*, *2a*, *2c*, *3*, *9*, *10*, *13*, *14b*, *16*, *17*, *23*, *24*, *27+31* y otros aún no identificados que se representan con el signo +. En México ya existe virulencia para los genes postulados; sin embargo, no existe una raza virulenta a todos ellos. Los

Cuadro 1. Genotipo y cruza de los 38 materiales de trigo harinero evaluados.

No.	Genotipo	Cruza
1	Kronstad F2004	VEE/KOEL//SIREN/ARIV92
2	Urbina S2007	CNO79/PRL//CHIL/3/CUBA/4/CASILDA/CENTELLA
3	Roelfs F2007	TACUPETO F2001*2/KUKUNA
4	Norteña F2007	PRL*2/PASTOR
5	Nana F2007	GOV/AZ//MUS/3/KEA/4/ TRAP#1/BOW/5/MILVUS
6	Ónavas F2009	KAMBARA1*2/BRAMBLING
7	Villa Juárez F2009	WBLL1*2/BRAMBLING
8	Borlaug 100	ROLF07/4/BOW/NKT//CBRD/3/CBRD/5/FRET2/TUKURU//FRET2
9	Bacorehuis F2015	ROLF07*2/5/REH/HARE//2*BCN/3/CROC_1/AE.SQUARROSA (213)//PGO/4/HUITES
10	Línea avanzada A	BECARD/KACHU
11	Conatrigo F2015	THELIN/2*WBLL1
12	Línea avanzada B	KACHU/DANPHE
13	Fuertemayo F2016	ND643/2*WBLL1//VILLA JUAREZ F2009
14	Línea avanzada C	ND643/2*WBLL1/4/WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1
15	Noreste F2018	ND643/2*WBLL1//MUNAL/3/MUNAL #1
16	Temporalera M87	TIBA63E//INIA66*2/KR/3/TOB/CNO67//OLN/4/KLRE.E/3/INIA66/BB//NAI60E
17	Romoga F96	MONCHO/SISKIN//CANARIO
18	Náhuatl F2000	E7408/PAM//HORK/PF73226/3/URES/4/OPATA/5/OPATA/BOW
19	Tlaxcala F2000	ZACATECAS/ROMOGA
20	Rebeca F2000	PFAU/SERI//BOBWHITE
21	Altiplano F2007	GAVIA/ROM/4/PINO/IMU//ROM/3/ PVN/PC
22	Don Carlos M2015	BABAX/PRL//TLAX
23	Valles F2015	PAMDOLY.PABG(Tardía.C4)
24	Texcoco F2016	GAVIA/ROM/3/PIRUL/GUI//TEMP/AGR/4/JUCH
25	Lucía "S"	ZCT/SLM//CHAZ/..../3/KITE/BOW"S"//MEX/ROM
26	Canícula "S"	TEMP/NORM/4/CHLL/...../INQUILAB/KUKUNA
27	Línea avanzada E	PAMDOLY-PABG (C7).3
28	Línea avanzada F	PAMDOLY-PABG (C7).1
29	Línea avanzada G	PAMDOLY-PABG (C7).2
30	Alondra F2014	TJB368/BUC//CUPE/3/ ENE/ZITA
31	Cortazar S94	INIA/20350/4/MNG/8156//JAR/3...../3/BB/IN#2//20350/4/2F2
32	Bárcenas S2002	INIA/20350/4/MNG/8156//...../6/SLM/7/2F1/8/MTE
33	Luminaria F2012	CONDOR/LIZ
34	Maya S2007	845.63.6/SLM//CUBA/3/CALLOPA E B/4/LIMPIA
35	Elia M2016	COLIBRI/TRAGOPAN
36	Faisán S2016	PASA/CUBA//CIRA/2/LOTH/GRACIA
37	Ibis M2016	COLIBRI/TIMBA
38	Cisne F2016	DIAMANTE/MONARCA

Cuadro 2. Genotipos diferenciales y su tipo de infección a las razas evaluadas.

Dif.	Raza															
	BBB/ BB	CBJ/ QL	CBJ/ QQ	LCJ/ BN	TCB/ TD	TBD/ TM	MFB/ SP	MCJ/ QM	MBJ/ SP	MLJ/ SP	NCJ/ BN	TNM/ SP	TPB/ JP	TCT/ QB	BBG/ BP	BBG/ BP1
Lr1	0	0	0	4	4	4	3+	4	3+	4	4	4	4	4	0	0
Lr2a	;	;	0;	4	4	4	;	;	0	;	;	4	4	4	;	;
Lr2c	;1	;	;	4	4	4	;	;	;1	;	12	4	4	4	;1	;1
Lr3	;	4	4	4	4	4	4	4	4	4	;	4	4	4	;	;
Lr9	;	;	0	;	0;	0;	0	0	;	4	0;	4	4	0	;	;
Lr16	3C3	11+	;1-	1	1	1	1	1	3C3	3C3	11+	1	11+	;1	1	1
Lr24	;	;	;	3+	,	;	3+	;	1	;	;	4	4	0	;	;
Lr26	1	;	;	;	4	;	3+	4	x	11+	3+	4	4	4	1	1
Lr3ka	1	;	;	2	;1	22-	12	;1	12	12	;1	3+	;	4	1	1
Lr11	;1	4	4	1	;1	1	1	3+	4	4	4	1	1	4	;1	;1
Lr17	1	4	4	4	;1-	4	;1	4	4	4	4	12	;1	4	1	1
Lr30	2	;1	2	2	2	2	12	2	2	12	2	4	12	4	2	2
Lr3bg	;	4	4	4	4	4	3+	3+	3+	4	;	4	;	4	;	;
Lr13	X	4	4	3+	4	4	3+	4	4	4	X	4	4	4	1	;1
Lr15	;	;	0;	4	4	4	3+	;	4	4	;	4	4	4	;	;
Lr18	;	;1	;1	4	4	4	1	1	1	1	1	1	2	2	;	;
Lr10	12	4	4	1	;	4	4	3+	4	4	4	4	4	;1	4	4
Lr19	0;	:	4	;	;	0;	0;	;	;	;	0	;	;	0	0;	0;
Lr23	11-	1+ c	1	3+	4	4	4	;1	4	4	4	4	4	11+	4	4
Lr27+31	,	X=	X=	3+	;	4	4	4	4	4	X	4	4	X=	,	,
Lr14b	X	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	X	4	4

genes postulados para cada variedad y línea avanzada se muestran en el Cuadro 3.

En las variedades Kronstand F2004, Cortázar S94 y Conatrigo F2015 se postuló la presencia de un solo gene, *Lr16*, *17* y *24*, respectivamente. De éstos, sólo *Lr24* mantiene su resistencia en planta adulta en campo, confiriendo casi inmunidad a las razas del patógeno existentes, ya que MFB/SP, virulenta para *Lr24*, no se ha detectado en los últimos años (Huerta-Espino *et al*., 2008). El mayor número de genes postulados fueron: *Lr1*, *2a*, *2c*, *9*, *10*, *16*, *17* y *23* en la variedad Noreste F2018.

Entre los genes de plántula identificados en el presente estudio, *Lr17* se postuló en 31 de los 38 genotipos. *Lr17* está presente en variedades como Lerma Rojo 64, INIA 66, Anáhuac 75 y Cocoraque 75 (Singh y Rajaram, 1991). *Lr17* confirió, por corto tiempo, resistencia a roya de la hoja a la variedad Jupateco 73 (Huerta *et al*., 2002), y aún es efectivo para la raza TCB/TD, presente en México de 1989 a 1994 (Huerta-Espino y Singh, 1996; Singh, 1991), pero inefectivo a las razas actuales, tanto en condiciones de riego como en condiciones de temporal.

Lr1 se postuló en 30 de los 38 genotipos y fue el segundo gen más común en el estudio. Cuando *Lr1* es efectivo, confiere inmunidad a la enfermedad en plántula y planta adulta (Huerta *et al*., 2002); sin embargo, la mayoría de las razas presentes en México son virulentas a este gen (Villaseñor-Espín *et al*., 2003). *Lr1* ha estado presente en las variedades mexicanas Sonora F64, Yécora F70, Pavón F76 y Tonichi S81 (Singh y Rajaram, 1991); recientemente se postuló en Urbina S2007 (Solís *et al*., 2008), Maya S2007 (Solís *et al*., 2009) y Alondra F2014; además, *Lr1*, fue uno de los genes de resistencia más comunes encontrados en un estudio para resistencia a la roya de la hoja en trigos de temporal (Huerta *et al*., 2002).

Otro de los genes, *Lr10*, estuvo presente en 29 de los 38 genotipos; este gen fue postulado en Temporalera M87, Romoga F96 y Rebeca F2000 (Huerta *et al*., 2002), Bárcenas S2002 y Maya S2007 (Solís-Moya *et al*., 2013).

Cuadro 3. Genotipos, tipo de infección a cada raza en plántula, severidad en planta adulta y genes que poseen.

Genotipo	Plántula																Planta adulta		Genes *Lr*
	BBB/ BB	CBJ/ QL	CBJ/ QQ	LCJ/ BN	TCB/ TD	TBD/ TM	MFB/ SP	MCJ/ QM	MBJ/ SP	MLJ/ SP	NCJ/ BN	TNM/ SP	TPB/ JP	TCT/ QB	BBG/ BP	BBG/ BP1	MBJ/ SP†	MBJ/ SP††	
Kronstad F2004	1	1	;1	1	1	1	1 1-	;1	1	1+	1	1	1	1 1+	1	1	40	40	*16*
Urbina S2007	0 ;	0	0	X	3+	X	3+	;1	X	4	3+	3+	;	X	0	0	30	10	*1, 23*
Roelfs F2007	1	;	;1	X-	;	X=	X	3+	X-	4	;1	3+	3+	X-	3+	3+	30	10	*1, 10, 17, 27+31*
Norteña F2007	;	3+	;1	;	3+	X=	X	3+	X	4	;	3+	3+	X	;	;1	10	5	*1, 13, 17*
Nana F2007	;	;	0	X	;1	X=	;1	;	;1-	11+	1	X=	X=	X=	;1	1	20	10	*1, 16, 23*
Ónavas F2009	;	;	;	X-	;1	X=	X	;1	X	4	1 1+	X	3+	X-	3+	4	20	10	*1, 10, 16, 17, 23*
Villa Juárez F2009	;	;	;	X-	;	3+	3+	;1	3+	4	X=	3+	3+	X	3	3+	20	10	*1, 10, 17, 23, 27+31*
Borlaug 100	;	;	;	;1-	;	X=	X	;1	X-	X	;	X=	X=	X=	;1-	1	10	1	*1, 10, 13, 14b, 17, 23*
Bacorehuis F2015	0 ;	;	0;	1	;	X	X	3+	X	4	;1	X	3C3	X-	X=	11+	0	1	*1, 10, 13, 17*
Línea avanzada A	X	3+	0;	X-	; 1-	X=	;	;1	X	X+	X=	X	X=	X=	1	3+	10	20	*10, 17, 23, 27+31*
Conatrigo F2015	;1	;	0;	X=	;	;	3+	;	;	,	;	3+	;	;	;	;1	0	1	*24*
Línea avanzada B	;	;+	;1=	X=	;	;	X	;	X-	3+	;1	X=	;	X=	1	X=	10	5	*10, 13, 17, 23*
Fuertemayo F2016	0;	;	0	0;	3+	3+	0;	0;	;	;	;	3+	3+	;	0;	0;	0	0	*1, 2a, 2c, 17, 23*
Línea avanzada C	;1	;	;	X=	;	3+	X	1	;	4	;1	3+	4	X=	3+	3+	20	5	*1, 2a, 2c, 10, 16, 17, 23,*
Noreste F2018	;1	;1	0;	;	0;	;1-	;1	;	0;	11+	;	;	1 1+	X	0	;1	15	30	*1, 2a, 2c, 9, 10, 16, 17, 23*
Temporalera M87	;	0;	0;	;1	;	1	;1	;1	3+	4	3+	4	;1	;	;	;	30	70	*1, 10, 17, 23*
Romoga F96	0;	0;	0	3+	;	3+	;1	1	3+	4	;1	4	1	;	0;	0;	5	20	*1, 10, 17*
Náhuatl F2000	;	3+	1	3+	;1	3+	3	X=	3+	4	3+	4	X=	;1	;	;	40	30	*10, 17, +*
Tlaxcala F2000	0;	;	0	3+	3+	X+	1	4	3+	4	;1	4	4	3+	0;	0;	10	10	*1, 17*
Rebeca F2000	;	1	1	3+	;	3+	3+	1	3+	1 1+	;	1 1+	1	;	;	;	40	30	*1, 10, 23*
Altiplano F2007	;	0;	0	X-	;	X=	;	;1	3	3+	;1	;	1 1+	X	0	0	5	5	*1, 10, 17, 23*

Cuadro 3. Continúa.

Genotipo	Plántula																Planta adulta		Genes *Lr*
	BBB/ BB	CBJ/ QL	CBJ/ QQ	LCJ/ BN	TCB/ TD	TBD/ TM	MFB/ SP	MCJ/ QM	MBJ/ SP	MLJ/ SP	NCJ/ BN	TNM/ SP	TPB/ JP	TCT/ QB	BBG/ BP	BBG/ BP1	MBJ/ SP†	MBJ/ SP††	
Don Carlos M2015	;	;	0;	X=	;	;	;1	;	;	1	;	;	;1-	X=	X=	1	40	10	*1, 10, 16, 17, 23*
Valles F2015	3+	3+	;	1	;	;	0;	;	3+	4	X=	0;	;	X=	X=	;1	30	20	*10, 17, 23, 27+31, +*
Texcoco F2016	0;	;	0	;	;	3+	;	4	X	4	;	0	0;	3+	0;	0	15	20	*1, 10, 17, +*
Lucía "S"	1	0;	0	X=	; 1-	X=	;1	;	X=	1	;1	0;	1+	;	0	0	1	5	*1, 3, 10, 17, 23*
Canícula "S"	0;	0;	0	1	1	X=	;	1	3+	11=	1	;	1	X=	0	0	5	10	*1, 10, 13, 16, 17, 23, +*
Línea avanzada E	1	1	;1	X=	1-	X=	X=	;1	X	;1	1	X=	X=	X-	X=	1+2	5	5	*1, 10, 17, 23*
Línea avanzada F	1	X=	;1	X-	;1	X-	X-	;1	X=	X	;1	X-	;1-	X	1 1+	X	20	1	*1, 10, 17, 23, 27+31*
Línea avanzada G	;1	1	;	X	;1	;1-	X=	;1	X	X	X=	X-	;1-	X=	X=	X	0	0	*1, 9, 10, 17, 23, 27+31*
Alondra F2014	;	0;	0;	X-	;	;	X	;1	X-	1	;	0;	X=	X=	;1-	1	10	1	*1, 10, 17, 23, 27+31*
Cortázar S94	;	3+	3+	X=	X=	3+	;1	4	3+	4	4	0;	;	3+	0;	;1	20	50	*17*
Bárcenas S2002	;	X	;	X=	;	3+	3+	3+	3+	4	;1	3+	3+	3+	3+	X+	30	50	*1, 10, 27+31*
Luminaria F2012	;	;	;	X=	;	;	;1	1 1+	X=	11+	;1	;	3+	X	0;	1	1	0	*1, 9, 10, 17, 23, 27+31*
Maya S2007	0;	0;	0	3+	;	4	3+	4	X-	4	3+	3+	3+	X=	0;	0	30	20	*1, 10*
Elia M2016	;	0	0;	X=	;	;1=	;	;1	X	11+	;1	X=	X=	X=	0	0	0	0	*1, 9, 10, 16, 17, 23, 27+31*
Faisán S2016	;	3	;1-	X-	1	X=	;	;1	3+	1+	3+	X=	1 1+	3+	1-	1	10	30	*3, 13, 16, 17, 23*
Ibis M2016	0	0;	0	X=	0;	X=	;	;	X	1+	;	0;	;	X=	0	0	1	20	*1, 10, 16, 17, 23*
Cisne F2016	;	;	0;	;1-	;	;	X=	;	;1-	;	;	X=	;	;	0;	0;	0	0	*1, 10, 16, 17, 23, 24*

†Severidad ante la raza MBJ/SP en invernadero, ††severidad ante la raza MBJ/SP en campo. 0: inmune, " ; ": casi inmune, no hay uredinias pero hay pecas cloróticas o necróticas que indican hipersensibilidad, 1: muy resistente, pequeñas uredinias rodeados de necrosis, 2: moderadamente resistente, uredinias pueden ser de tamaño pequeño o mediano a menudo rodeadas por clorosis o necrosis y puede haber una isla verde rodeada por un borde clorótico o necrótico, X: reacción heterogénea, uredinias de tamaño variable distribuidos al azar un una sola hoja, 3: moderadamente susceptible, hay uredinias de tamaño mediano que pueden deberse a la clorosis, 4: uredinias grandes sin clorosis (Roelfs *et al.*, 1992).

Lr23 se postuló en 26 de los 38 genotipos; este gen ha conferido resistencia en algunas variedades liberadas en los años 70s y 80s, (Chapingo VF74, Glenson M81, México M82, Seri M82, Curinda F86, Temporalera M87 y Batán F96), inclusive en variedades más recientes como Rebeca 2000 (Huerta y Singh, 2000) y Alondra F2014 (Solís *et al*., 2016).

También se postuló la presencia del gen *Lr16*; el tipo de infección característico de *Lr16* es "1" o "1+", en la escala de 0 a 4 (Huerta-Espino *et al*., 2014); a bajas temperaturas es posible observar un tipo de reacción casi susceptible como un 3 pero con una necrosis intensa que se identifica como 3C3, en particular con las razas MBJ/SP y MCJ/SP. Este tipo de infección es típico, pero normalmente no se manifiesta por los efectos epistáticos de otros genes y sólo se pone de manifiesto cuando las plantas son expuestas a razas como TCT/QB, LCJ/BN y TBD/TM que son virulentas a *Lr1*, inclusive *Lr9* puede tener este mismo efecto epistático sobre *Lr16*. Este gen de resistencia ha sido postulado en variedades como Tepoca M89, Pápago M86 y Ciano 79 (Singh y Rajaram 1992, Huerta-Espino y Singh 1996), y recientemente en Alondra F2014 (Solís *et al*., 2016). *Lr16* confiere resistencia en estado de plántula a todas las razas, excepto a MGB/SM (Huerta-Espino *et al*., 2003).

El par de genes complementarios *Lr27+31* (que no tienen efecto cuando están separados) (Huerta-Espino *et al*., 2011) fueron identificados en Bárcenas S2002, Roelfs F2007, Alondra F2014, Valles F2015, entre otros, pero en combinación con dos a cuatro genes adicionales.

Otro gen postulado fue *Lr14b*, que se detectó en Borlaug 100 por su respuesta a la raza TCT/QB, cuya reacción de infección típica es X (Roelfs *et al*., 1992). El gen *Lr14b* es inefectivo contra la mayoría de las razas a nivel mundial; sin embargo, está relacionado con el gen *Lr68* que confiere resistencia en planta adulta (Herrera-Foessel *et al*., 2012). El gen de resistencia *Lr14b* no había sido postulado en las variedades mexicanas, dado que no existía una raza avirulenta. Por su posición en el cromosoma y su cercanía al gene de planta adulta *Lr68*, se puede postular la presencia de este último al detectar *Lr14b* (Herrera-Foessel *et al*., 2012).

Hasta la fecha, ninguna variedad con el gene de resistencia *Lr9* había sido liberada en México. En un estudio realizado por Villaseñor-Espín *et al*. (2003) se determinó que este gen fue efectivo para 13 razas de roya de la hoja, incluso a MCJ/SP y MBJ/SP. La virulencia para *Lr9* no era muy común en México hasta 2008, cuando se reportó por primera vez en norte de México (Huerta-Espino *et al*., 2008). En la presente investigación se identificó en las variedades Noreste F2018, Línea Avanzada G, Luminaria F2012 y Elia M2016.

La raza MFB/SP es la única virulenta al gen *Lr24* (Huerta-Espino *et al*., 2003); este gen se identificó en Conatrigo F2015 como único gen, y en Cisne F2016, junto con otros cinco genes. Conatrigo F2015 interviene en los progenitores de Cisne F2016, lo que apoya la postulación del gene *Lr24*, cuya presencia no había sido reportada en las variedades liberadas en México.

Lr3 se postuló sólo en Faisán S2016 y en Lucía "S"; este gen ya había sido postulado en Norteña F2007 y Alondra F2014 por Solís-Moya *et al*. (2013) y Solís *et al*. (2016) respectivamente; este gen es inefectivo contra las razas MBJ/SP y MCJ/SP, que son de las más comunes en los Valles Altos de México (Villaseñor-Espín *et al.,* 2003). *Lr3* se postuló en las variedades Ahome F70, Zacatecas 74 y Victoria M81 (Singh, 1993), en Gálvez (Singh y Rajaram, 1991) y en 16 genotipos de trigo de temporal (Huerta *et al.,* 2002).

El gen *Lr13* se postuló en Roelfs F2007, Norteña F2007, Borlaug 100, Bacorehuis F2015, Faisán S2016, Canícula "S" y en la Línea avanzada B. Cuando *Lr13* es efectivo, se expresa mejor a temperaturas sobre los 24 °C en invernadero, y es necesario inocular cuando la segunda hoja esta completamente extendida (Huerta-Espino *et al*., 2003).

En las variedades Náhuatl F2000, Tlaxcala F2000, Valles F2015, Texcoco F2016 y Canícula "S" hay otro gen presente que no fue identificado, el cual fue representado con el signo +.

Evaluación en planta adulta en invernadero y campo

La raza inoculada en campo fue MBJ/SP, y la respuesta de los 38 genotipos en planta adulta se presenta en el Cuadro 3. Al comparar las líneas avanzadas y variedades de reciente liberación con aquellas liberadas antes de 2014, se encontró de manera general que el primer grupo mostró mayor resistencia; sin embargo, el número de genes postulados en estado de plántula no necesariamente fue mayor en los genotipos más recientes. Un ejemplo de ello es la variedad Conatrigo F2015, que a pesar de que mostró resistencia a 14 razas en estado de plántula y su respuesta en planta adulta fue 1 %, en esta variedad únicamente se postuló el gen *Lr24*, debido a que en genes de raza específica los niveles de resistencia no están en función del número de genes de resistencia, sino de la efectividad de los mismos. En este caso, de las razas usadas en la evaluación, sólo MFB/SP es virulenta a *Lr24*, mientras que *Lr24* protege a la variedad contra las razas más comunes (MBJ/SP y MCJ/SP). Cuando hay genes efectivos en plántula para la raza MBJ/SP, éstos permanecen en todas

las etapas de crecimiento de la planta, con excepción de las líneas portadoras del gen *Lr16* que, si bien es efectivo en plántula, en planta adulta no lo es y se convierte en un gen con efectos intermedios (Huerta *et al*., 2002), como es el caso del comportamiento de la variedad Kronstad F2004.

Se observaron genotipos susceptibles en estado de plántula, pero con altos niveles de resistencia en planta adulta, como Alondra F2014, Borlaug 100, Bacorehuis F2015, Altiplano F2007, Lucía "S" y las Líneas avanzadas B, E y F. Lo anterior puede explicarse porque existen genes de resistencia de raza específica que se expresan de manera óptima en la etapa de planta adulta, pero lo hace de manera leve en plántula; sin embargo, la respuesta de resistencia en planta adulta de los genotipos evaluados no necesariamente es causada por genes de raza específica, ya que puede deberse a genes que confieren resistencia sin especificidad de raza demostrada (Kolmer, 2013) tales como *Lr34, 46* y *68*.

En algunos casos la respuesta de los genotipos a la infección en planta adulta en invernadero no coincidió con los resultados de la evaluación en campo. En genotipos susceptibles en plántula se espera un porcentaje de infección mayor debido a las reinfecciones sucesivas del patógeno, mientras que en otros casos la presencia de genes de resistencia que condicionan un desarrollo lento de la enfermedad tendrá niveles de infección más bajos. En invernadero se inocula toda el área de la hoja bandera y se proporcionan las condiciones óptimas para el establecimiento del patógeno, mientras que en campo llega a existir interacción con el ambiente. Lo anterior explica el comportamiento de las variedades Bárcenas S2002, Cortazar S94 y Temporalera M97 que mostraron niveles más altos de infección en campo en comparación con la respuesta en el invernadero, y lo opuesto en variedades como Náhuatl F2000, Rebeca F2000 y Don Carlos M2015 con niveles más bajos en el campo que en invernadero (Cuadro 3).

Los avances del mejoramiento genético para resistencia a roya de la hoja en planta adulta son evidentes al comparar el germoplasma de reciente formación con las variedades liberadas con anterioridad, observándose mayor resistencia en el primer grupo, debido a la recombinación entre progenitores que han mostrado buen comportamiento en planta adulta y porque dentro del proceso de selección hacia homocigosis y en la evaluación de las líneas experimentales, la expresión de resistencia en planta adulta es de suma importancia para el fitomejorador.

CONCLUSIONES

Se postuló la presencia de 14 genes en estado de plántula en los 38 genotipos evaluados. Los genes postulados se encontraron solos o en combinaciones de hasta ocho, con un total de 31 combinaciones diferentes. Se detectó variación en la respuesta de los genotipos en etapa de plántula con respecto a su reacción en planta adulta y fue posible identificar genotipos que combinan genes de resistencia en plántula y planta adulta. Existe mayor resistencia en planta adulta en los genotipos de reciente formación (líneas avanzadas) y liberación (variedades), lo que refleja los avances en el mejoramiento para el control genético de la roya de la hoja, usando genes de resistencia de planta adulta. Se identificó por primera vez en variedades mexicanas la presencia del gen *Lr24*. El programa de mejoramiento genético de trigo del INIFAP-CEVAMEX posee un grupo de progenitores con diversidad genética para conjuntar mayor número de genes y lograr el control genético de la roya de la hoja.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen el financiamiento de la presente investigación al Fondo SAGARPA-CONACYT, a través del proyecto No. 146788 "Sistema de mejoramiento genético para generar variedades resistentes a royas, de alto rendimiento y alta calidad para una producción sustentable de trigo en México", y al Programa Global de Trigo del CIMMYT 2016 "CRP-TRIGO" a través del proyecto: "Evaluación de ensayos nacionales para la liberación de nuevas variedades de trigo en México"

BIBLIOGRAFÍA

Dawit W., K. Flath, W. E. Weber, E. Schumann, M. S. Röder and X. Chen (2012) Postulation and mapping of seedling stripe rust resistance genes in Ethiopian bread wheat cultivars. *Journal of Plant Pathology* 94:403-409, https://doi.org/10.4454/JPP.FA.2012.040

Delgado-Sánchez L. M., J. Huerta-Espino, M. C. López-Peralta, I. Benítez-Riquelme y E. Hernández-Meneses (2016) Genética de la resistencia a *Puccinia triticina* Eriks en trigos cristalinos invernales. *Revista Fitotecnia Mexicana* 39:133-139, https://doi.org/10.35196/rfm.2016.2.133-139

Flor H. H. (1959) Genetic controls and host parasite interactions in rust diseases. *In*: Plant Pathology, Problems and Progress 1908-1958. C. S. Holton (ed.). University of Wisconsin Press. Madison, Wisconsin, USA. pp:137-144.

Hanzalová A., V. Dumalasová and O. Zelba (2020) Wheat leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks.) virulence frequency and detection of resistance genes in wheat cultivars registered in the Czech Republic in 2016-2018. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 56:87-92, https://doi.org/10.17221/86/2019-CJGPB

Herrera-Foessel S. A., R. P. Singh, J. Huerta-Espino, G. M. Rosewarne, S. K. Periyannan, L. Viccars and E. S. Lagudah (2012) *Lr68*: a new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 124:1475-1486, https://doi.org/10.1007/s00122-012-1802-1

Huerta E. J. y R. P. Singh (2000) Las royas del trigo. *In*: El trigo de Temporal en México. H. E. Villaseñor M. y E. Espitia R. (eds.). Libro Técnico Núm. 1. Campo Experimental Valle de México, INIFAP Chapingo, México. pp:231-251.

Huerta E. J., H. E. Villaseñor M., E. Espitia R., S. G. Leyva M. y R. P. Singh (2002) Análisis de la resistencia a la roya de la hoja en trigos harineros para temporal. *Revista Fitotecnia Mexicana* 25:161-169.

Huerta E. J., H. E. Villaseñor M., E. Moya, R. Sánchez C. y P. Pérez H. (2011)

Monarca F2007: nueva variedad de trigo harinero para El Bajío, Norte y Noroeste de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 6:1001-1007, https://doi.org/10.29312/remexca.v2i6.1602

Huerta-Espino J. and R. P. Singh (1996) Misconceptions on the durability of some adult leaf rust resistance genes in wheat. *In*: Proceedings of the 9th European and Mediterranean Cereal Rust and Powdery Mildews Conference. September 2-6, 1996. G. H. J. Kema, R. E. Niks and R. A. Daamen (eds.). Research Institute for Plant Protection. Lunteren, The Netherlands. pp:109-111.

Huerta-Espino J., R. P. Singh, S. G. Leyva-Mir, E. Espitia-Rangel y H. E. Villaseñor-Mir (2003) Postulación de genes de resistencia a la roya de la hoja (*Puccinia triticina* Ericks.) en plántula y planta adulta en genotipos élite de trigo harinero (*Triticum aestivum* L.). *Revista Mexicana de Fitopatología* 21:239-247.

Huerta-Espino J., R. P. Singh and J. Reyna-Martinez (2008) First detection of virulence to genes *Lr9* and *Lr25* conferring resistance to leaf rust of wheat caused by *Puccinia triticina* in Mexico. *Plant Disease* 92:311, https://doi.org/10.1094/PDIS-92-2-0311A

Huerta-Espino J., R. P. Singh, S. Germán, B. D. McCallum, R. F. Park, W. K. Chen, … and H. Goyeau (2011) Global status of wheat leaf rust caused by *Puccinia triticina*. *Euphytica* 179:143-160, https://doi.org/10.1007/s10681-011-0361-x

Huerta-Espino J., R. P. Singh and A. P. Roelfs (2014) Rusts fungi of wheat. *In*: Fungi from Different Substrates. J. K. Misra J. P. Tewar, S. K. Deshmukh and C. Vágvölgyi (eds.). CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. pp:217-259.

Kolmer J. (2013) Leaf rust of wheat: pathogen biology, variation and host resistance. *Forests* 4:70-84, https://doi.org/10.3390/f4010070

McCallum B., C. Hiebert, J. Huerta-Espino and S. Cloutier (2012) Wheat leaf rust. *In*: Disease Resistance in Wheat, I. Sharma (ed.). CAB International. Wallingford, UK. pp:33-62, https://doi.org/10.1079/9781845938185.0000

Ponce L. J., J. Huerta-Espino, R. Singh, M. Rouse y J. Kolmer (2018) Análisis genético de la resistencia a royas en trigo de origen mexicano (*Trititicum aestivum* L.). *In*: Primer Congreso Internacional de Ciencia y Tecnología Agropecuaria. 13-15 de junio 2018. C. Yánez, M. Racines, C. Sangoquiza y X. Cuesta (eds.). INIAP-Estación Experimental Santa Catalina. Quito, Ecuador. pp:6-8.

Randhawa M., U. Bansal, M. Lillemo, H. Miah and H. Bariana (2016) Postulation of rust resistance genes in Nordic spring wheat genotypes and identification of widely effective sources of resistance against the Australian rust flora. *Journal of Applied Genetics* 57:453-465, https://doi.org/10.1007/s13353-016-0345-6

Randhawa M. S., C. Lan, B. R. Basnet, S. Bhavani, J. Huerta-Espino, K. L. Forrest, … and R. P. Singh (2018) Interactions among genes *Sr2/Yr30, Lr34/Yr18/Sr57* and *Lr68* confer enhanced adult plant resistance to rust diseases in common wheat (*Triticum aestivum* L.) line 'Arula'. *Australian Journal of Crop Science* 12:1023-1033, https://doi.org/10.21475/ajcs.18.12.06.PNE1305

Roelfs A. P., R. P. Singh y E. E. Saari (1992) Las Royas del Trigo. Conceptos y Métodos para el Manejo de Esas Enfermedades. CIMMYT. México, D. F. 81 p.

Singh R. P. (1991) Pathogenicity variations on *Puccinia recondita* f. sp *tritici* and *P. graminis* f. sp. *tritici* in wheat-growing areas of Mexico during 1988 and 1989. *Plant Disease* 75:790-794, https://doi.org/10.1094/PD-75-0790

Singh R. P. (1993) Resistance to leaf rust in 26 Mexican wheat cultivars. *Crop Science* 33:633-637, https//doi.org/10.2135/cropsci1993.0011183X003300030041x

Singh R. P. and S. Rajaram (1991) Resistance to *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in 50 Mexican bread wheat cultivars. *Crop Science* 31:1472-1479, https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100060016x

Singh R. P. and S. Rajaram (1992) Genes for resistance to *Puccina recondita* f. sp. *tritici* in 73 Mexican bread wheat (*Triticum aestivum*) cultivars. *Vorträge für Pflanzenzüchtung Heft* 24:211-213.

Solís M. E., J. Huerta E., P. Pérez H., A. Ramírez R., H. E. Villaseñor M., E. Espitia R. y A. Borodanenko (2008) Urbina S2007: nueva variedad de trigo harinero para la región 'El Bajío'. *Agricultura T*écnica en México 34:113-118.

Solís M. E., J. Huerta E., H. E. Villaseñor M., A. Ramírez R. y P. Pérez H. (2009) Maya S2007: Nueva variedad de trigo harinero para la región el Bajío, México. *Agricultura Técnica en México* 34:365-370.

Solís M. E., J. Huerta E., P. Pérez H., H. E. Villaseñor M., A. Ramírez R. y M. L. de la Cruz G. (2016) Alondra F2014, Nueva variedad de trigo harinero para el Bajío. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 7:1225-1229. https://doi.org/10.29312/remexca.v7i5.248

Solís-Moya E., J. Huerta-Espino, M. F. Rodríguez-García, H. E. Villaseñor-Mir, E. Espitia-Rangel, L. Ledesma-Ramírez. y M. P. Suaste-Franco (2013) Resistencia a roya de la hoja en variedades de trigo (*Triticum* spp. L.) adaptadas a El Bajío, México. *Agrociencia* 47:457-469.

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

Vanzetti L. S., P. Campos, M. Demichelis, L. A. Lombardo, P. R. Aurelia, L. M. Vaschetto, … and M. Helguera (2013) Identification of leaf rust resistance genes in selected Argentinean bread wheat cultivars by gene postulation and molecular markers. *Electronic Journal of Biotechnology* 14:3, https://doi.org/10.2225/vol14-issue3-fulltext-14

Villaseñor-Espín O. M., J. Huerta-Espino, S. G. Leyva M., H. E. Villaseñor-Mir y E. Espitia-Rangel (2003) Análisis de virulencia de la roya de la hoja (*Puccinia triticina* Eriks.) del trigo (*Triticum aestivum* L.) en los Valles altos de México. *Revista Mexicana de Fitopatología* 21:56-62.

Volkova G., O. Kudinova and O. Vaganova (2020) Postulation of leaf rust resistance genes of 20 wheat cultivars in southern Russia. *Journal of Plant Protection Research* 60:225-232, https://doi.org/10.24425/jppr.2020.133951