



FRECUENCIA DEL MARCADOR IWA7257-YR78 ASOCIADO CON LA RESISTENCIA A ROYA AMARILLA EN TRIGO HARINERO MEXICANO

FREQUENCY OF THE IWA7257-YR78 MARKER ASSOCIATED WITH YELLOW RUST RESISTANCE IN MEXICAN BREAD WHEAT

Julio Huerta-Espino^{1*}, Héctor Eduardo Villaseñor-Mir¹, María F. Rodríguez-García¹, Leonardo Abdiel Crespo-Herrera², Susanne Dreisigacker² y Ravi P. Singh²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México, Coatlinchán, Estado de México, México. ²Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, El Batán, Texcoco Estado de México, México.

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

RESUMEN

Yr78 es un gen de planta adulta que confiere resistencia a la roya amarilla del trigo y que fue recientemente identificado en la línea de trigo harinero PI520108 (HORK/KALYANSONA). El gen se encuentra localizado en el cromosoma 6BS y hasta antes de este estudio se desconocía su frecuencia. Dentro de la colección de trigo del banco de germoplasma del CIMMYT se identificaron 917 líneas que llevan a HORK como progenitor en el pedigrí. Aproximadamente el 12 % de las muestras (117 líneas) se probaron con el marcador molecular IWA7257-Yr78, ligado al gen de resistencia Yr78, y con las razas fisiológicas de roya amarilla MEX14.191 y MEX17.83. Se determinó que 76 % de las líneas fueron positivas para el marcador IWA7257-Yr78. Las líneas susceptibles en etapa de plántula mostraron una severidad final a la enfermedad que osciló entre 0 y 80 % en el campo, y una respuesta similar en las líneas resistentes en plántula de 1MR a 60M. El 24 % restante de líneas negativas para el marcador Yr78, susceptibles y resistentes en etapa de plántula, mostraron respuestas que oscilaban entre 5M y 50MR, indicando la presencia de otros genes de resistencia; además, el 64 % de 621 líneas de tres viveros de selección de trigo de primavera del CIMMYT analizadas molecularmente fueron positivas al marcador Yr78, lo que indica que este gen es más común de lo esperado en el germoplasma mexicano. Las evaluaciones de invernadero y de campo en planta adulta indicaron que Yr78 induce una fuerte clorosis y necrosis, pero no reduce el porcentaje de infección; por lo tanto, Yr78 debe utilizarse en combinación con otros genes de resistencia.

Palabras clave: *Triticum aestivum*, líneas, marcadores, planta adulta.

SUMMARY

Yr78 is an adult-plant gene that confers resistance to yellow wheat rust that was recently identified in the bread wheat line PI520108 (HORK/KALYANSONA). The gene is located on chromosome 6BS and until before this study its frequency was unknown. Within the CIMMYT gene bank wheat collection, 917 lines carrying HORK as a parent in the pedigree were identified. Approximately 12 % of the samples (117 lines) were tested with the molecular marker IWA7257-Yr78, linked to the resistance gene Yr78, and with the physiological yellow rust races MEX14.191 and MEX17.83. It was determined that 76 % of the lines tested positive for the IWA7257-Yr78 marker. Lines susceptible at seedling stage showed final disease severity ranging from 0 to 80 % in the field, and a similar response in resistant lines at seedlings of 1MR

to 60M. The remaining 24 % of negative lines for the Yr78 marker, susceptible and resistant at seedling stage showed responses that ranged between 5M and 50MR, indicating the presence of other resistance genes; in addition, 64 % of 621 lines from three CIMMYT spring wheat selection nurseries, analyzed molecularly, tested positive for the Yr78 marker, indicating that this gene is more common than expected in Mexican germplasm. Greenhouse and field evaluations in adult plants indicated that Yr78 induces strong chlorosis and necrosis, but does not reduce the percentage of infection; therefore, Yr78 should be used in combination with other resistance genes.

Index words: *Triticum aestivum*, adult plant, lines, marker.

INTRODUCCIÓN

La roya amarilla, causada por el hongo *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* W. (Pst), es actualmente una de las enfermedades más importantes del trigo en México y en el mundo (Beddow *et al.*, 2015). La resistencia genética a la enfermedad sigue siendo el enfoque más sostenible y ecológico; sin embargo, debido a la constante evolución del hongo hacia nuevas combinaciones de virulencia, el reto de encontrar las mejores combinaciones de genes que confieran resistencia a la roya amarilla existentes o la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia sigue siendo una de las actividades más importantes tanto para los fitopatólogos como para los mejoradores (Juliana *et al.*, 2020).

A la fecha, se han catalogado más de 78 genes que confieren resistencia a la roya amarilla (Wang *et al.*, 2017). La mayoría de estos genes son de raza específica que pueden conferir casi inmunidad, una respuesta de hipersensibilidad alta, o bien, niveles intermedios en su tipo de infección (Wang *et al.*, 2017), tanto en el estado de plántula o en la hoja bandera en la etapa de planta adulta. Los genes del grupo que confiere resistencia de raza específica, por su modo de actuar, se clasifican en dos tipos

principalmente: 1) aquellos que, en ausencia de virulencia del patógeno, actúan en todas las etapas de crecimiento de las plantas, y 2) los que no son funcionales en estado de plántula, pero efectivos en el estado adulto de la planta, también conocidos como genes que confieren resistencia de planta adulta (RPA) (Singh *et al.*, 2003). Existen también otros genes de raza no específica y más efectivos en la hoja bandera; es decir, en planta adulta como *Yr18*, *Yr29*, *Yr30* y *Yr46*, que confieren resistencia de desarrollo lento de la enfermedad (Huerta-Espino *et al.*, 2020).

Yr78 es un gen de resistencia típico de planta adulta (RPA) que confiere resistencia específica a distintas razas del hongo causante de la roya amarilla y recientemente identificado por Dong *et al.* (2017) en la línea de trigo harinero del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) PI52108 (HORK/KALYANSONA), entre otras. Las plantas que sólo poseen el gen *Yr78* son susceptibles en etapa de plántula, pero en el estado de desarrollo de planta adulta la hoja bandera muestra una clorosis y necrosis muy pronunciada, típica respuesta de alta hipersensibilidad (Sanzón y Zavaleta, 2011). El gen asociado a esta respuesta se encuentra localizado en el cromosoma 6BL ligado al marcador molecular IWA7257-*Yr78* (Dong *et al.*, 2017).

HORK, unos los progenitores de PI520108, es una línea derivada de la cruce HOPPS/ROBIN-México//KALYANSONA, identificada con el número de cruce CM8874, realizada en México y enviada a otras partes del mundo para su evaluación desde 1973 (Skovmand *et al.*, 1997). La línea HORK se liberó como variedad con el nombre de Huasteco M81 en 1981 para su cultivo en el Noreste de México (Cervantes, 1981). Dado que no se ha notificado ningún gen específico de resistencia en las plantas adultas de Kalyansona (Siete Cerros T66), aparte de *Yr29* que es de raza no específica, y dada la importancia de la roya amarilla y la necesidad de identificar nuevas fuentes de resistencia, se plantea el siguiente estudio cuyo objetivo fue probar la respuesta a la roya amarilla de HORK (Huasteco M81) y determinar la presencia de *Yr78* en líneas que presenten HORK en su pedigrí, así como en líneas derivadas; además, determinar la frecuencia de *Yr78* en líneas avanzadas de reciente creación por el programa de trigos harineros del CIMMYT.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal

Se identificaron 1023 accesiones en el banco de germoplasma del CIMMYT que llevan a HORK como progenitor en su pedigrí; de éstas, 106 son de triticale (*x Triticosecale* spp.) y 917 líneas de trigo harinero

(*Triticum aestivum* L.) desarrolladas durante las décadas de los 1970s y 1980s, mismas que fueron incluidas en los diferentes viveros internacionales distribuidos por el CIMMYT, como el IBWSN, SAWSN y HRWSN. De las accesiones identificadas, se tomó un subconjunto representativo de las diferentes cruces, tomando el menor número de líneas hermanas. Los genotipos seleccionados para su evaluación representan el 12 % de la muestra (117 líneas) aproximadamente. Se utilizaron como testigos de referencia de los genotipos el diferencial que posee *Yr78*, GID 8249784 y Huasteco M81 (GID 422381).

Análisis molecular

El análisis molecular se llevó a cabo en el laboratorio de Biotecnología del Programa de Mejoramiento Molecular de Trigo en el CIMMYT. Las 117 líneas y los testigos *Yr78* [GID 8249784 y Huasteco M81 (GID 422381)] fueron sembradas en charolas de plástico que contenían suelo estéril. Se marcaron pequeños orificios y se colocaron de ocho a 10 semillas por línea, para acomodar 24 líneas por charola.

Para la extracción de ADN se colectaron porciones del tejido foliar en plántulas de 16 días de edad y se colocaron en tubos de 1.1 mL en placas de 96 tubos; posteriormente, se almacenaron en un ultracongelador a -80 °C por 3 h y se transfirieron a un liofilizador manteniendo la temperatura a -50 °C y un nivel de vacío de 0.0 a 0.120 mbar por 48 h; posteriormente, usando un molino (GenoGrinder 2010, Metuchen, New Jersey, EUA) se molió el tejido colocando balines de acero de 4 mm por 2 o 3 min hasta obtener el tejido. La extracción, cuantificación y valoración de la calidad del ADN se realizó de acuerdo con los protocolos de laboratorio y aplicaciones para trigo descritos por Dreisigacker *et al.* (2016).

Se utilizó el marcador co-dominante IWA7257-*Yr78* con la tecnología de genotipificación Kompetitive Allele Specific PCR Genotyping System. La mezcla de reacción fue de 12 µL de 100 µM iniciador FAM, 12 µL de 100 µM iniciador VIC, 30 µL de 100 µM iniciador común (reversa), éstos a una concentración de 100 µM cada uno agregando 46 µL de H₂O dd, 30 µL de 100 µM iniciador común (reversa). El volumen total de la reacción de PCR fue de 4 µL: 2 µL de mix de reacción PACE™ genotyping master mix 1X (3CR Bioscience, Harlow, UK), 0.07 µL de la mezcla de los iniciadores de ensayo y 2 µL de H₂O dd; previamente, se adicionaron en la placa de PCR 3 µL de ADN (~50 ng µL⁻¹), que fueron secados a 65 °C durante 50 min. Las condiciones de amplificación consistieron de una desnaturalización inicial a 94 °C por 15 min, seguido por 11 ciclos de 'touch down' [94 °C por 30 s, 65 °C por 1 min (disminuyendo 0.8 °C por ciclo), 72 °C por 30 s], 26 ciclos de 94 °C por 30 s, 57 °C por 1 min, 30 °C por 30 s), 1 ciclo de

72 °C por 2 min, y finalmente, incubación a 20 °C por 5 min.

Se incluyeron muestras control VIC y FAM, correspondientes a los alelos positivo y negativo, HET (heterocigotos) y muestra en blanco (agua), además de los testigos positivos para *Yr78* Blanca Grande Summit 515 y Tepoca M86; los negativos Jagger y Chinese Spring. La lectura de las placas del producto de PCR se realizó en un lector de placas fluorescentes (BMG Pherastar Plus, BMG Labtech, Ortenberg, Alemania) y para la visualización gráfica de datos genotípicos se utilizó el software KlusterCaller™ (Biosearch Technologies, Hoddesdon, UK). Se consideraron como positivos los datos genotípicos que presentaron el alelo favorable para resistencia a roya y como negativos a los datos genotípicos que no portaban el alelo.

Evaluación en invernadero, etapa de plántula

Las líneas se sembraron en charolas de plástico de 20 × 30 × 6 cm, mismas que se llenaron con suelo estéril, se marcaron pequeños orificios y se colocaron ocho semillas por línea, cada charola con 24 líneas; posteriormente, 14 días después de la siembra, las plántulas se inocularon con una suspensión de urediniosporas de las razas de roya amarilla MEX14.191, cuya fórmula de avirulencia/virulencia es *Yr1, 5a, 5b (Sp) 10, 15, 24, 26, Poll/Yr2, 3, 6, 7, 8, 9, 17, 27, 31, 32*, y MEX17.83, con fórmula de avirulencia/virulencia *Yr1, 5a, 5b (Sp) 10, 15, 24, 26, 27, 31, Poll/Yr2, 3, 6, 7, 8, 9, 17, 32* (Huerta-Espino *et al.*, 2015). Las urediniosporas fueron suspendidas en aceite mineral (Soltrol®, Chevron Phillips Chemical Company, The Woodlands, Texas, EUA) a una concentración de 5 mg de urediniosporas por mL de aceite (Huerta-Espino *et al.*, 2020; Randhawa *et al.*, 2018) y asperjadas con un atomizador conectado a un compresor eléctrico (Valdez-Rodríguez *et al.*, 2020). Las plántulas inoculadas se colocaron en una cámara de incubación a temperatura de 7 °C por 24 h y rocío (humedad relativa) al 100 %; posteriormente, se trasladaron al invernadero con una temperatura máxima de 18 °C y después de 15 d de inoculación se registró su reacción a la roya amarilla mediante la escala de 1-9 propuesta por McNeal *et al.* (1971), donde las lecturas del 1 al 6 se consideran resistentes y del 7 al 9 susceptibles.

Evaluación en el invernadero, etapa de planta adulta

Cada uno de los 117 genotipos derivados de HORK y los testigos correspondientes fueron sembrados en macetas de plástico que contenían suelo esterilizado para realizar la evaluación en planta adulta. A los 65 días después de la siembra los genotipos fueron inoculados con la raza de roya MEX 14.191, asperjando las urediniosporas suspendidas en aceite mineral con un atomizador

conectado a un compresor de aire eléctrico, únicamente en la hoja bandera; posteriormente, las plantas se mantuvieron en una cámara de incubación en las mismas condiciones descritas para las plántulas. La evaluación de la severidad de la enfermedad se realizó 15 días después de la inoculación, adaptando las escalas propuestas por McNeal *et al.* (1971) y Kishii *et al.* (2019).

Evaluación de campo

Los 117 genotipos y los respectivos testigos se sembraron en un ensayo de campo siguiendo un diseño completamente al azar con dos repeticiones en surcos dobles de 1.0 m de longitud y espaciados a 0.3 m. Se sembraron aproximadamente 100 semillas por parcela. Los surcos del esparcidor de inóculo constituido en partes iguales por las variedades susceptibles Morocco, Nana F2007 y PBW343, genotipos con genes de resistencia específicos como Borlaug 100 (*Yr17*), Murga (*YrMga*) y las diferenciales de Avocet YR17/6*AOC (*Yr17*), AOC-YrA*3/PASTOR (*Yr31*) y seis líneas de la cruce AOC-YrA/ATTILA (*Yr9 + Yr27*) se inocularon con urediniosporas frescas de la raza MEX14.191. Las esporas del hongo activadas se utilizaron para hacer una suspensión de 5mg mL⁻¹ de aceite mineral Soltrol 170 y se inocularon alrededor de la etapa de encañe. La enfermedad se evaluó 2-3 veces; la severidad se midió 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 por el método de Roelfs *et al.* (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).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Relación entre el marcador y la resistencia a roya

Del grupo de las 117 líneas derivadas de HORK, el 76 % fueron positivas para el marcador molecular IWA7257-*Yr78* (Figura 1). De los genotipos positivos, el 73 % fueron susceptibles en etapa de plántula a la raza de roya amarilla MEX14.191, con un comportamiento similar al de los testigos *Yr78* y Huasteco M81, mientras que el 27 %

restante fueron resistentes a la misma raza en estado de plántula (Figura 2A). De las líneas que resultaron negativas para el marcador *Yr78*, 68 % fueron susceptibles y 32 % resistentes en estado de plántula (Figura 2B). Los genotipos susceptibles en estado de plántula indicaron la ausencia de otros genes no identificados de raza específica efectivos contra la raza MEX14.191, mientras que en los genotipos resistentes existe por lo menos un gen de resistencia efectivo contra la misma raza, independientemente de si fueron positivos o negativos para el marcador *Yr78*.

Cuando estos mismos genotipos fueron evaluados con la raza MEX17.83 en estado de plántula también se observó la presencia de genotipos susceptibles y resistentes; en este caso, los testigos *Yr78* y Huasteco M81 (HORK) permanecieron susceptibles en plántula; sin embargo, con esta raza, cuya fórmula de avirulencia/virulencia difiere de la de MEX14.191. Se observó que de

los 64 genotipos susceptibles a la raza MEX14.191 en plántula y positivos al marcador *Yr78*, 50 % permanecieron susceptibles y 50 % resistentes cuando se inocularon con la raza MEX17.83 (Figura 3A); el cambio puede explicarse en este caso por la presencia de *Yr27*, que es común en el germoplasma mexicano, presente en las variedades Opata M85 y Bacanora T88 incluidas en el juego de diferenciales como *Yr27*, o bien por el gen *Yr31*, que es muy común en variedades relacionadas con Rebeca F2000 y Pastor incluidos en el grupo de diferenciales, u otros genes de resistencia para los cuales MEX17.83 es avirulenta.

De los 24 genotipos que fueron resistentes en plántula y positivos al marcador *Yr78*, 21 permanecieron resistentes y sólo tres fueron susceptibles, lo que indica que MEX17.83 posee virulencia adicional para otros genes no identificados en estado de plántula y que no se reflejan en la fórmula de avirulencia/virulencia.

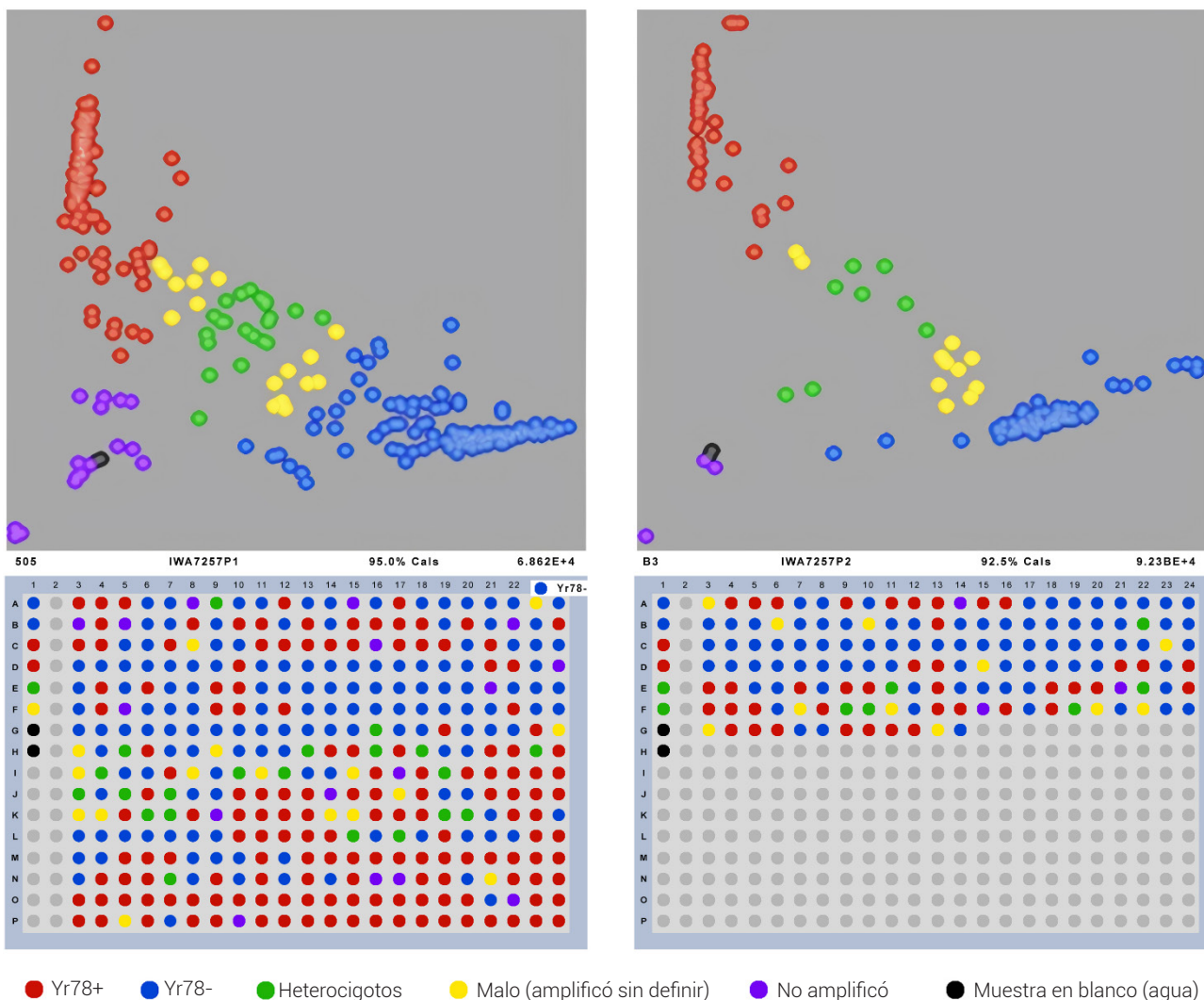


Figura 1. Visualización gráfica de datos genotípicos de líneas de trigo derivadas de HORK con el marcador *IWA7257-Yr78*.

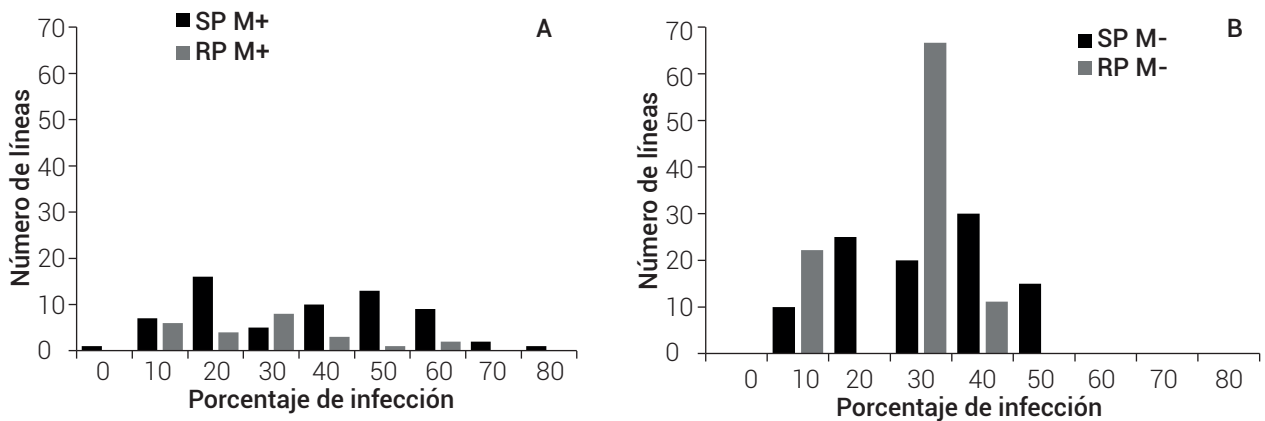


Figura 2. Porcentajes de infección de roya amarilla en planta adulta en el campo y número de líneas derivadas de HORK. A) positivas para el marcador *IWA7257-Yr78*, B) negativas para el marcador *IWA7257-Yr78*. SP M+: susceptible en plántula y positivas para el marcador, RP M+: resistente en plántula y positivas para el marcador, SP M-: susceptible en plántula y negativas para el marcador, RP M-: resistente en plántula y negativas para el marcador.

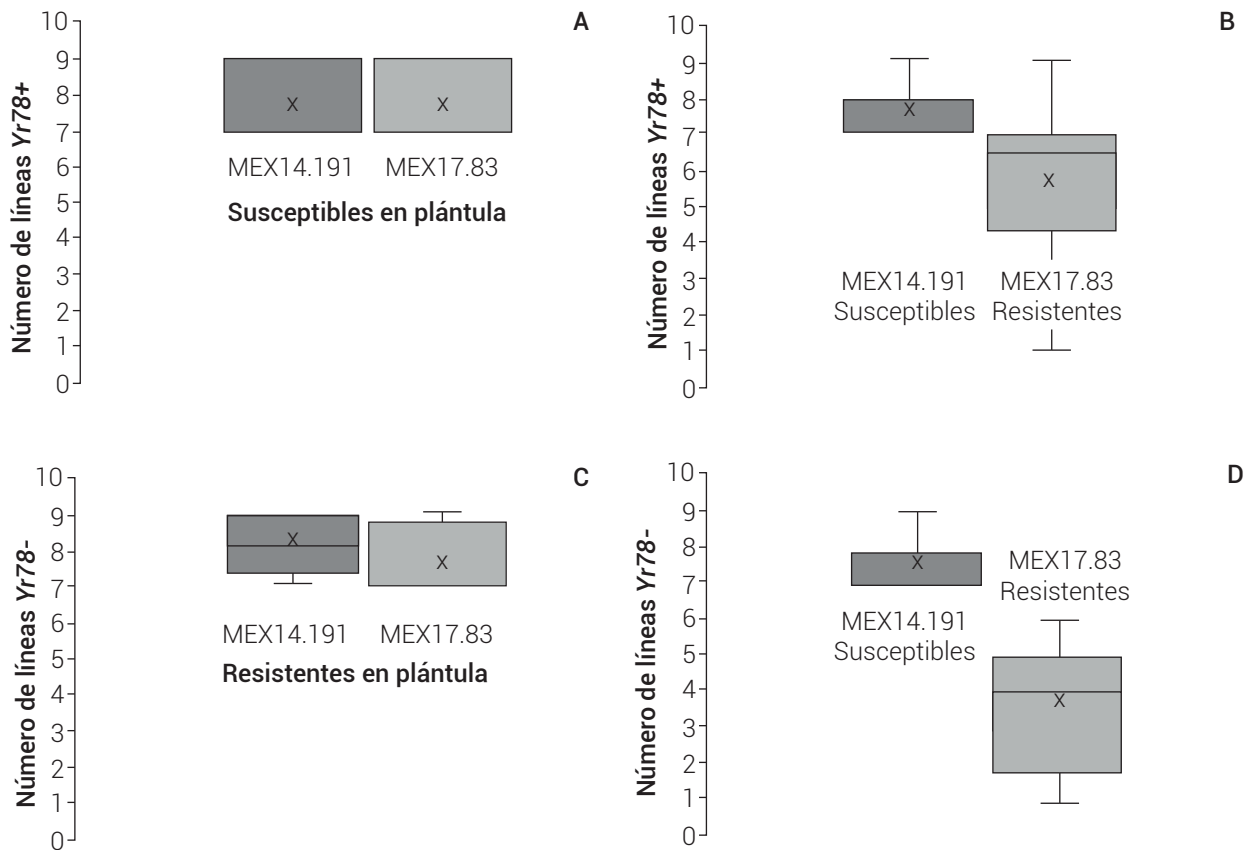


Figura 3. Respuesta de los genotipos evaluados en plántula a las razas MEX14.191 y MEX17.83 positivos y negativos al marcador *IWA7257-Yr78*. A) líneas susceptibles en plántula a MEX14.191 y MEX17.83 positivas a *Yr78*, B) líneas susceptibles en plántula a MEX14.191 pero resistentes a MEX17.83 positivas a *Yr78*, C) líneas resistentes a MEX14.191 y resistentes a MEX17.83 negativas a *Yr78*, pero con un tipo de infección más bajo, D) líneas susceptibles a MEX14.191 y resistentes a MEX17.83 negativas a *Yr78*.

De las 20 líneas negativas al marcador *Yr78*, también susceptibles en plántula a la raza MEX14.191, ocho permanecieron susceptibles y 12 presentaron resistencia a la raza MEX17.83 (Figura 3B), lo que se explicaría por la presencia de *Yr27* y *Yr31*, solos o combinados.

De las nueve líneas restantes resistentes a MEX14.191 y negativas para el marcador *Yr78*, ocho permanecieron resistentes y sólo una cambió de resistente a la raza MEX14.191 a susceptible a la raza MEX17.83.

Los datos de planta adulta en invernadero se usaron para confirmar la efectividad del gen *Yr78* y el tipo de infección para los casos de niveles altos de hipersensibilidad con clorosis y necrosis pronunciada, incluyendo el testigo *Yr78*, pero más atenuada en el caso de Huasteco M81 (no se muestran datos).

Evaluaciones de campo

En el campo, las líneas susceptibles en plántula y positivas para el marcador mostraron un nivel de infección que osciló entre 0 (cero) y 80M, mientras que en las líneas que fueron resistentes en etapa de plántula los porcentajes de infección en la hoja bandera fueron de 5 a 60M. Resultados similares se observaron entre las líneas negativas para el marcador, donde los genotipos susceptibles en plántula se clasificaron en campo entre 10 y 50M, en tanto que, los materiales resistentes oscilaron entre 5 y 40M, denotando la presencia de otros genes de resistencia efectivos en todas las etapas, así como también, la presencia de otros genes de resistencia de planta adulta.

De acuerdo con los resultados de Dong *et al.* (2017), *Yr78* no fue eficaz contra *Pst* en plántula, definiéndolo como un gen que confiere resistencia en planta adulta (RPA), lo que fue confirmado en el presente estudio; además, Huasteco M81 y Náhuatl F2000 han sido probadas y su resistencia permanece efectiva (*Yr78*) contra las razas *Pst* presentes en experimentos de campo realizados en el oeste de USA entre 2011 y 2016 (Chen, Com. Pers.)¹. Se prevé que este gen esté presente en baja frecuencia en el germoplasma de trigo sembrado en esa zona de los Estados Unidos, y que pueda proporcionar una herramienta útil para diversificar las fuentes de resistencia contra este patógeno, a diferencia de México, donde HORK ha sido expuesta a las poblaciones del patógeno desde 1974, y posteriormente con las variedades Harrier, Corrydon, Husteco M81, Náhuatl F2000 y Rebeca F2000, entre otras.

Yr78 se identificó como *QYr.ucw-6B* asociado con el marcador *IWA7257* (alelo de resistencia relacionado al

nucleótido T) con base en un estudio de asociación de genoma completo (GWAS) (Maccaferri *et al.*, 2015). *Yr78* fue validado en 10 cruces de poblaciones biparentales y se mapeó a 0.6 cM próximo a *IWA7257* y 3.9cM distal a *IWA4408* y *wmc737* (Dong *et al.*, 2017). *Yr78* está presente en el germoplasma PI 520108 proveniente de México y confirmado en el presente estudio, además de otros genotipos de trigo harinero, incluyendo a PI 192493 de Mozambique (Pusa Florence), PI 519805 de Uruguay, PI 494101 de USA, PI 532116 de Egipto, PI 191351 (Novinka) de Rusia, PI 286543 de Ecuador, PI 351878 de Burundi, PI 520265 de USA y PI 520378 de Siria (Dong *et al.*, 2017; Maccaferri *et al.*, 2015). El alelo T del marcador *IWA7257* es un buen marcador de diagnóstico para detectar la presencia de *Yr78* debido a su cercanía física con el gen. Es muy probable que el marcador *QYr.sun-6B* en la variedad Janz corresponda a *Yr78* (Bariana *et al.*, 2010), al igual que en Stephens (Santra *et al.*, 2008), ya que ambos fueron positivos al alelo T de *IWA7257*.

Una vez validado el marcador en las líneas derivadas de HORK, éste se usó para determinar la frecuencia del gen en viveros del CIMMYT de reciente creación, incluyendo el vivero de selección internacional de trigo harinero (IBWSN), el vivero de selección de trigo para zonas áridas (SAWSN) y el vivero de selección de trigo para precipitación alta (HRWSN). Los resultados indicaron que 396 de 621 genotipos probados (64 %) fueron positivos para el marcador (61 % en el vivero 52IBWSN, 65 % en el vivero 37SAWYT y 70 % en el vivero 30HRWSN (Figura 4). En todas las líneas que componen estos viveros los niveles de infección en planta adulta son muy bajos en las condiciones de prueba en México y con las razas antes mencionadas, debido a la presencia de otros genes de resistencia efectivos en plántula y planta adulta.

A pesar de que *Yr78* parece ser parcialmente eficaz en Norteamérica a la población *Pst* actual de roya amarilla, la eficacia global en otras áreas epidemiológicas sigue siendo desconocida. Aun cuando el gen de resistencia *Yr78* ha sido descubierto y catalogado recientemente, su frecuencia en el germoplasma mexicano y en los viveros internacionales de reciente creación indica que *Yr78* es más común de lo inicialmente esperado y por lo menos ha sido expuesto a las poblaciones del patógeno por más de 50 años.

Es necesario desarrollar un probador con *Yr78* para medir la efectividad de dicho gen en ausencia de otros genes de resistencia; entre tanto, *Yr78* debe formar parte del complejo genético en las variedades resistentes a roya amarilla; por ejemplo, el genotipo identificado como GID685306 alcanzó un nivel de 80 % de infección, lo que indica que *Yr78* protege en un 20 % cuando se encuentra

¹Chen X. Genetista de plantas para control de royas en cereales. ARS, USDA-Washington State University. Pullman, Washington, USA.

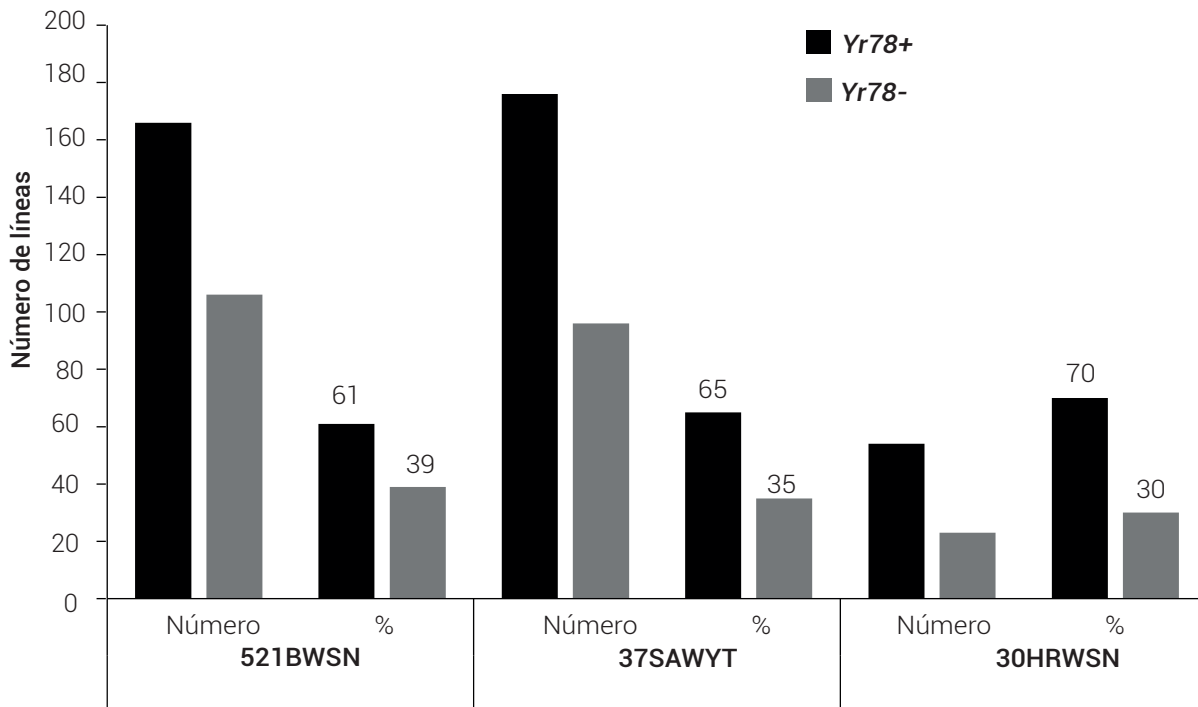


Figura 4. Número de líneas positivas y negativas al marcador *Yr78* en tres diferentes viveros internacionales de trigo harinero.

solo, pero contribuye significativamente en reducir la enfermedad en presencia de otros genes, como en el caso de Huasteco M81 que posee los genes *Yr18*, *Yr29* y *Yr30* (Huerta-Espino *et al.*, 2020), el cual presentó un 50 % de infección y un comportamiento similar a Pfau, Warbler y Tomas Catedral, todas positivas para el marcador *Yr78*. Otros genotipos susceptibles en etapa de plántula y positivos para el marcador *Yr78* fueron Anáhuac F2000, Yukón y Xequijel 88 con 20 % de infección y Dayma 96 con 15 %, denotando que, además de *Yr78*, existen otros genes de resistencia en estos genotipos.

CONCLUSIONES

Se confirma que el gen *Yr78* que confiere resistencia roya amarilla en trigo es efectivo sólo en planta adulta. El marcador molecular *IWA7257-Yr78* puede usarse para verificar su presencia en cualquier etapa de desarrollo de la planta en un programa de selección asistida por marcadores en trigo. El gen *Yr78* existe en más del 60 % del germoplasma de trigo harinero disponible en México. Las evaluaciones de invernadero y de campo en etapa adulta indicaron que *Yr78* induce una fuerte clorosis y necrosis, pero no reduce la severidad de la enfermedad suficientemente. *Yr78* debe utilizarse en combinación con otros genes de raza específica o genes de desarrollo lento de la roya amarilla, incluyendo *Yr18*, *Yr29*, *Yr30* y *Yr46*.

BIBLIOGRAFÍA

Bariana H. S., U. K. Bansal, A. Schmidt, A. Lehmensiek, J. Kaur, H. Miah, ... and C. L. McIntyre (2010) Molecular mapping of adult plant stripe rust resistance in wheat and identification of pyramided QTL genotypes. *Euphytica* 176:251-260, <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0240-x>

Beddow J. M., P. G. Pardey, Y. Chai, T. M. Hurley, D. J. Criticos, H. J. Braun, ... and T. Yonow (2015) Research investment implications of shifts in the global geography of wheat stripe rust. *Nature Plants* 1:15132, <http://doi.org/10.1038/nplants.2015.132>

Cervantes M. J. E. (1981) Huasteco M81 y Victoria M81, variedades de trigo para Las Huastecas. Folleto Técnico No. 4. Campo Agrícola Experimental de Las Huastecas, INIA-SARH. Tampico, Tamaulipas, México. 12 p.

Dong Z., J. M. Hegarty, J. Zhang, W. Zhang, S. Chao, X. Chen, ... and J. Dubcovsky (2017) Validation and characterization of a QTL for adult plant resistance to stripe rust on wheat chromosome arm 6BS (*Yr78*). *Theoretical and Applied Genetics* 130:2127-2137, <http://doi.org/10.1007/s00122-017-2946-9>

Dreisigacker S., D. Sehgal, A. E. Reyes J., B. Luna G., S. Muñoz Z., C. Núñez R., ... and S. Mall (2016) CIMMYT Wheat Molecular Genetics: Laboratory Protocols and Applications to Wheat Breeding. CIMMYT. Mexico, D. F. 142 p.

Huerta-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 Technical Workshop. September 17-20. Sydney, Australia. pp:16.

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, <http://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 provide insights into the genetics of resistance to

- wheat stripe rust in India, Kenya and Mexico. *Scientific Reports* 10:10908, <http://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, <http://doi.org/10.1007/s10722-019-00758-w>
- Maccaferri 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, <http://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. *USDA Agricultural Research Service Bulletin* 34:121-143.
- Randhawa M. S., R. P. Singh, S. Dreisigacker, S. Bhavani, J. Huerta-Espino, M. Rouse, ... and M. Sandoval-Sanchez (2018)** Identification and validation of a common stem rust resistance locus in two bi-parental populations. *Frontiers in Plant Science* 9:1788, <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01788>
- 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.
- Sanzón G. D. y E. Zavaleta M. (2011)** Respuesta de hipersensibilidad, una muerte celular programada para defenderse del ataque por fitopatógenos. *Revista Mexicana de Fitopatología* 29:154-164.
- Santra D. K., X. M. Chen, M. Santra, K. G. Campbell and K. K. Kidwell (2008)** Identification and mapping QTL for high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar 'Stephens'. *Theoretical and Applied Genetics* 117:793, <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0820-5>
- Singh R. P., J. Huerta-Espino y M. William (2003)** Resistencia durable a roya de la hoja y roya amarilla del trigo: genética y mejoramiento en el CIMMYT. *In: Estrategias y Metodologías Utilizadas en el Mejoramiento de Trigo. Seminario Internacional, INIA La Estanzuela, Colonia, Uruguay, 8-11 de octubre de 2001.* M. M. Kholi, M. Diaz de Ackerman y M. Castro (eds.). CIMMYT-INIA. La Estanzuela, Uruguay. pp:109-118.
- Skovmand B., R. Villareal, M. V. Ginkel, S. Rajaram and G. Ortiz-Ferrara (1997)** Semi Dwarf Bread Wheats: Names, Parentages, Pedigrees and Origins. CIMMYT. México, D. F. 80 p.
- 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>
- Wang M. and X. Chen (2017)** Stripe rust resistance. *In: Stripe Rust.* X. Chen and Z. Kang (eds.). Springer. Dordrecht, The Netherlands. pp:353-558, https://doi.org/10.1007/978-94-024-1111-9_5