

CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA A LA ROYA AMARILLA (*Puccinia striiformis*) DE VARIEDADES MEXICANAS

PEDRO FIGUEROA L.

INIFAP

PROGRAMA DE PRE-MEJORAMIENTO DE TRIGO
MASAGRO BIODIVERSIDAD - CIMMYT

31 de agosto de 2017

- La convocatoria de MasAgro Biodiversidad surgió cuando me encontraba en la Universidad Estatal de Washington desarrollando el proyecto: **Identificación y caracterización de patrones de virulencia de *Puccinia striiformis* y de genes de resistencia a la roya amarilla en variedades mexicanas**, con el apoyo de **COMEXUS**, a través de una beca **Fulbright-García Robles**.
- Mediante el proyecto colaborativo con MasAgro **Biodiversidad se podrá hacer un análisis genético detallado que complemente la información fenotípica recabada previamente**. Además de que se amplió la toma de datos fenotípicos, estableciendo un vivero de las variedades mexicanas en Toluca.
- La **roya amarilla es una enfermedad de trigo de importancia creciente en México** y en el mundo. Existe la posibilidad que variedades mexicanas generadas antes de la presencia de epidemias, contengan genes de resistencia a la enfermedad que aún no se están utilizando en los programas de mejoramiento.
- Las **variedades mexicanas**, por ser un grupo de material élite, son genotipos que poseen muchas características deseables, por lo que se consideran buenas para servir como progenitoras en programas de pre-mejoramiento, y aún en mejoramiento comercial.

Búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a roya amarilla (*Puccinia striiformis*), mediante un estudio de asociación de genoma amplio, en la serie histórica de variedades mexicanas de trigo harinero"

Objetivo: Identificar loci no reportados previamente, que confieren resistencia a las variedades mexicanas de trigo harinero, a razas de *Puccinia striiformis* de Norteamérica.

Evaluación de Roya Amarilla en 3 diferentes localidades:

- Pullman WA – Respuesta en plántula en **invernadero**

Evaluación en Campo

- Pullman WA
- Mt. Vernon WA
- Toluca, Mexico

**No. Total de Líneas =
270**



La roya amarilla, junto a la del tallo y la de la hoja son las principales enfermedades del trigo a nivel mundial. De ellas, la amarilla es la menos estudiada, ya que se encontraba mayormente circunscrita a regiones de clima frío ($\approx 15^\circ \text{C}$). Esto cambió a principios de este siglo.

Objetivo general: Postulación de genes de resistencia a la roya amarilla en trigo.

Objetivo específico: Identificar loci no reportados previamente, que confieren resistencia a las variedades mexicanas de trigo harinero, a razas de *Puccinia striiformis* de Norteamérica, que puedan ser utilizados en programas de mejoramiento.

- El genotipaje se realizó con la metodología DArTseq™, en el Laboratorio de Servicios de Análisis Genéticos para la Agricultura (SAGA) de MasAgro Biodiversidad.



- Los análisis de componentes principales, para determinar la estructura de la población, y el análisis de asociación fenotipo genotipo por medio del modelo lineal mixto, se realizaron con apoyo de la Unidad de Biometría Científica (BSU) del CIMMYT.

Los resultados preliminares indican la presencia de regiones genómicas asociadas a la resistencia a la roya amarilla, en los todos los cromosomas, excepto el 3D y el 5D. Las regiones más consistentemente asociadas se encuentran en los cromosomas 1A, 4B, 2D, 3B, 5B, 7A y 7B. Esta información está siendo contrastada con la ubicación de los genes ya caracterizados y documentados con anterioridad, para identificar las regiones aún no reportadas.

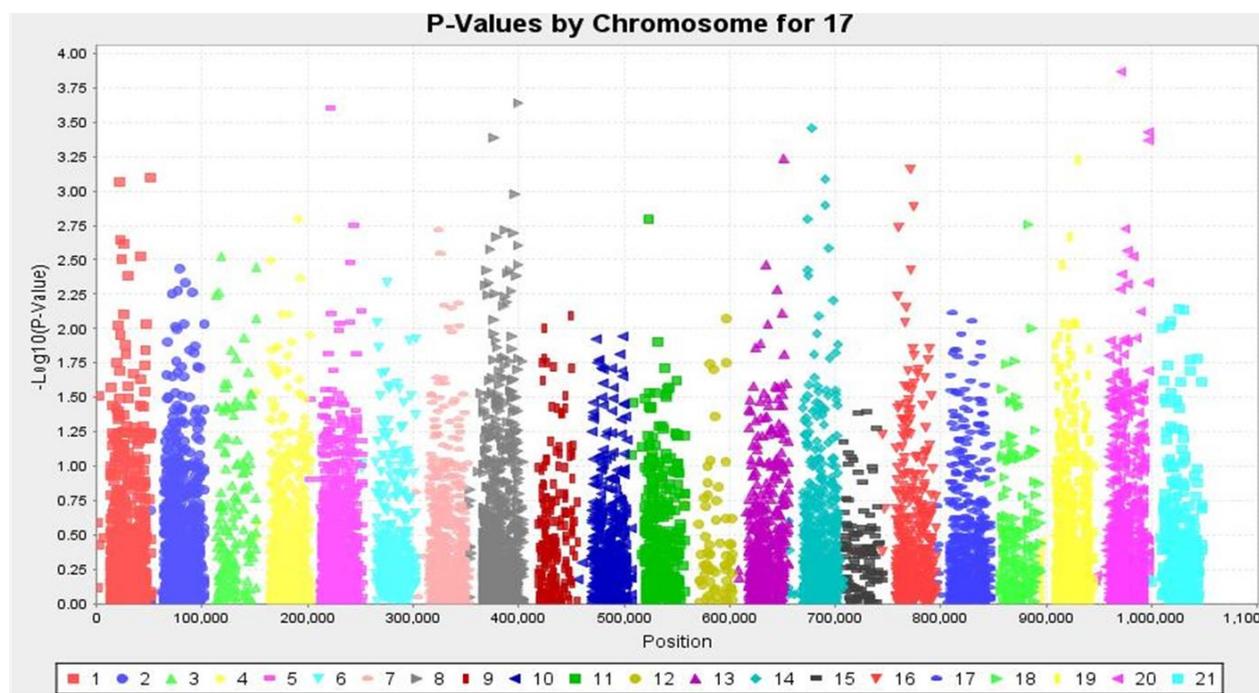
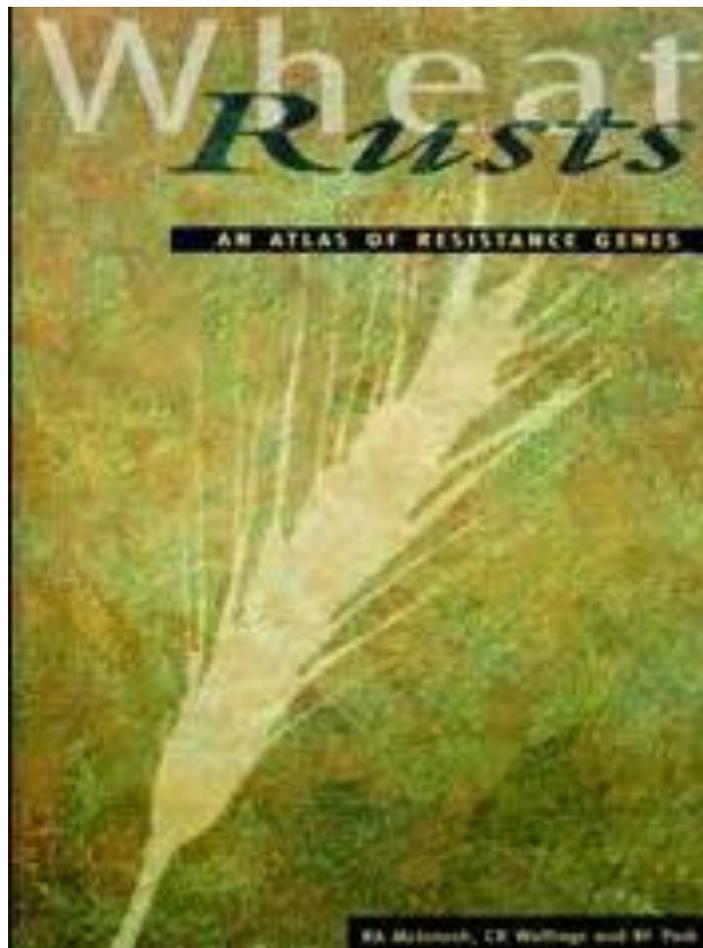


TABLE 1 | *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) races used for seedling tests under controlled greenhouse conditions.

<i>Pst</i> race (isolate)^a	Origin	Virulence/avirulence formula on <i>Yr</i> genes^b
PSTv-14 (11-116-NG)	US	1,6,7,8,9,17,27,43,44,Tr1,Exp2,Tye/5,10,15,24,32,SP
PSTv-37 (12-114-NG)	US	6,7,8,9,17,27,43,44,Tr1,Exp2/1,5,10,15,24,32,SP,Tye
PSTv-40 (09-78)	US	6,7,8,9,10,24,27,32,43,44,Tr1,Exp2/1,5,15,17,SP,Tye
PSTv-51 (11-366)	US	1,6,7,8,9,10,17,24,27,32,43,44,SP,Tr1,Exp2,Tye/5,15



CHAPTER 4

The Genes for Resistance to Stripe Rust in Wheat and Triticale

CATALOGUED STRIPE RUST RESISTANCE GENES

Yr1 (Lupton and Macer, 1962) (Plate 4-1)

Synonym

L (Zadoks, 1961).

Chromosome Location

2A (Macer, 1966; Xin *et al.*, 1984); 2AL (Bariana and McIntosh, 1993).

Low Infection Type

0;

Environmental Variability

Low.

Origin

Common wheat. *Yr1* probably originated from Chinese 166.

Pathogenic Variability

Variation has been identified in most geographical areas. Stubbs (1985) noted that virulence is especially high in east Asia where Chinese 166, and thus possibly *Yr1*, originated. Although no pathogenic variant has been found in Australia, pta 109 E141 A- and 111 E143 A- were isolated from New Zealand samples in 1986 and 1988, respectively (Wellings and McIntosh, 1990). Several races of the barley stripe rust pathogen (*P. striiformis* f. sp. *borderi*) give intermediate to high infection types on Chinese 166 (Stubbs and Fuchs, 1992).

Reference Stocks

I: Aroona*5/*Yr1*; Kite*6/*Yr1*; Warigal*6/*Yr1*; other backcross derivatives of Australian wheats produced at PBI, Cobbinity. Hobbit Sib (*Yr1 Yr2 Yr14*) and substitution line Hobbit Sib*4/*T. masoko* 2A (*yr1* presumably *Yr2 Yr14*) can be treated as near-isogenic (RA McIntosh, unpublished 1990).

- Como estudio de pre-mejoramiento, la asociación de características fenotípicas a la información genotípica se considera que es de mucha utilidad. Los estudios de postulación y genéticos que se realizan hasta hoy, son laboriosos y por lo tanto costosos y consumidores de tiempo. Este enfoque simplifica mucho las cosas y, en la medida en que se saturen más los mapas genéticos y se afinen las técnicas de fenotipaje, se podrá facilitar aún más el trabajo de fitomejoramiento.
- Aunque mis expectativas de origen incluían más el “know-how” del genotipaje, entendí que ese conocimiento no es tan importante para mí, dada la sofisticación y costo del equipo, por lo que se comprende la conveniencia de subrogar esa parte de la investigación.
- MasAgro Biodiversidad puede tener un impacto aun más significativo en la investigación agrícola, en la medida en que se apoye a los investigadores nacionales con más capacitación y con recursos para la obtención de datos fenotípicos de mayor calidad.

Agradecimientos

Dr. Ernesto Solís M.

inifap

Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y Pecuarias



Dr. Xianming Chen

WASHINGTON STATE
UNIVERSITY



Dr. Sukhwinder Singh, Dra. Carolina Sansaloni,
Dr. César D. Petroli, Dr. Juan Burgueño,
M.C. Cynthia Ortiz R.

