



IDENTIFICACIÓN DE RAZAS FISIOLÓGICAS DE *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* ERIKSS. & HENNING CAUSANTE DE LA ROYA DEL TALLO DE AVENA (*Avena sativa* L.) EN LOS VALLES ALTOS DE MÉXICO

IDENTIFICATION OF PHYSIOLOGICAL RACES OF *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* ERIKSS. & HENNING CAUSING OAT (*Avena sativa* L.) STEM RUST IN THE HIGH VALLEYS OF MEXICO

Adriana Zamudio-Colunga¹, Julio Huerta-Espino², Eduardo Espitia-Rangel², René Hortelano-Santa Rosa^{2*}, José Sergio Sandoval-Islas¹ y Héctor Eduardo Villaseñor-Mir²

¹Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Posgrado en Fitosanidad, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. ²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales y Agropecuarias, Campo Experimental Valle de México, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, México.

*Autor de correspondencia (hortelano.rene@inifap.gob.mx)

RESUMEN

En México la superficie sembrada con avena (*Avena sativa* L.) se ha incrementado considerablemente, de 450 mil a 700 mil ha en los últimos 15 años, porque es una alternativa cuando los cultivos tradicionales como maíz y frijol se siniestran o no se siembran. La enfermedad más importante en este cultivo es la roya del tallo, causada por el hongo *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*. El objetivo de este estudio fue identificar las razas fisiológicas del hongo presentes en la región de los Valles Altos del centro de México. En el año 2014 se colectaron en la región 170 muestras de tallos con signos de la enfermedad, de las cuales se obtuvieron 138 aislamientos monopustulares. Los aislamientos se caracterizaron usando líneas diferenciales monogénicas portadoras de los genes de resistencia *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg5*, *Pg6*, *Pg7*, *Pg9*, *Pg10*, *Pg11*, *Pg12* y *Pg13*. A partir de las diferenciales se identificaron 62 razas, lo que evidencia la gran diversidad de razas en la población del patógeno, las cuales podrían seguir evolucionando y vencer la resistencia de variedades en un tiempo corto. Las razas identificadas más comunes fueron TNQ (15 %), TNB (9 %), TLQ (7 %), TNG (6 %) y TPS (5 %). La raza TNQ fue la más ampliamente distribuida en las zonas productoras de avena en los Valles Altos de México. Los porcentajes de virulencia de los aislamientos para los genes *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg5*, *Pg6a*, *Pg7* y *Pg9* fueron mayores de 75 % y para *Pg11*, *Pg12* y *Pg13* fueron de 57, 62 y 67 %, respectivamente. Los porcentajes menores de virulencia de los aislamientos se observaron en *Pg8*, *Pg10*, *Pg15* y *Pg16*. Este es el primer estudio detallado de la identificación de razas de *P. graminis* f. sp. *avenae* presentes en México durante 2014, mismo que servirá de base para analizar la evolución del patógeno en estudios posteriores.

Palabras clave: Aislamientos, diferenciales, genes de resistencia, nomenclatura, virulencia.

SUMMARY

In Mexico, the area planted to oats (*Avena sativa* L.) has increased considerably from 450 thousands to 700 thousands ha in the last 15 years, because it is an alternative when traditional crops such as maize and beans are damaged or not planted. The most important disease in this crop is stem rust caused by the fungus *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*. The aim of this study was to identify the fungal physiological races present in the High Valleys region of central Mexico. In 2014, 170 samples of stems with signs of the disease were collected in the region, of which 138 monopustular isolates were obtained. The isolates were characterized using monogenic differentials

carrying the resistance genes *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg5*, *Pg6*, *Pg7*, *Pg9*, *Pg10*, *Pg11*, *Pg12* and *Pg13*. From the differentials, 62 races were identified, which shows the great diversity of races in the pathogen population, which could continue to evolve and overcome the resistance of varieties in the short term. The most common races identified were TNQ (15%), TNB (9%), TLQ (7%), TNG (6%) and TPS (5%). The TNQ race was the most widely distributed in the oat-producing areas of the High Valleys of Mexico. The percentages of virulence of isolates for genes *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg5*, *Pg6a*, *Pg7* and *Pg9* were larger than 75 % and for *Pg11*, *Pg12* and *Pg13* were 57, 62 and 67 %, respectively. The lowest percentages of virulence of the isolates were observed in *Pg8*, *Pg10*, *Pg15* and *Pg16*. This is the first detailed study on the identification of *P. graminis* f. sp. *avenae* races present in Mexico during 2014 which will serve as a basis for analyzing the evolution of the pathogen in subsequent studies.

Index words: Differentials, isolates, nomenclature, resistance genes, virulence.

INTRODUCCIÓN

Dentro los cereales cultivados, la avena (*Avena sativa* L.) es un cultivo importante con 22.6 millones de toneladas de grano cosechadas a nivel mundial en 2021 (FAOSTAT 2023). En México, la superficie sembrada con avena se ha incrementado de 450 mil a 700 mil hectáreas para grano y forraje (SIAP, 2023), lo que se atribuye, a la demanda de forraje y su repercusión en la economía del agricultor y a la gran adaptabilidad del cultivo a zonas altas, frías y lluviosas y a ambientes semiáridos.

En altitudes mayores a 1800 msnm la avena es una alternativa debido a la resistencia y adaptabilidad a condiciones adversas, a diferencia de los cultivos de maíz, frijol, trigo y cebada, los cuales son afectados por sequía o heladas tempranas (Villaseñor-Mir *et al.*, 2021); sin embargo, la principal limitante en la producción de avena es la roya del tallo, causada por el hongo *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* (*Pga*). Es una de las enfermedades más agresivas y virulentas que afecta al cultivo, debido a que

daña cualquier estructura de la parte aérea de la planta, desde la etapa de plántula hasta la de llenado de grano (Villaseñor-Mir *et al.*, 2021), puede reducir el rendimiento de grano hasta en 70 % en variedades susceptibles. La medida más eficiente de control de esta enfermedad es el uso de variedades resistentes. En México la mayoría de las variedades recomendadas para siembra se ha vuelto susceptible debido a la evolución hacia virulencia de las razas del patógeno que causa esta enfermedad (Villaseñor-Mir *et al.*, 2021).

Las áreas cultivadas con avena en América del norte, que incluye el norte de México, las grandes planicies de los Estados Unidos de América y las praderas del este de Canadá, constituyen una sola zona epidemiológica para la roya del tallo, por lo que se esperaría la existencia de razas en común que seguirían el camino de *Puccinia* (Roelfs *et al.*, 1979). Las áreas muestreadas de los Valles Altos del centro de México es parte de otra zona epidemiológica, por lo que se espera una población de *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* completamente diferente a lo reportado en Canadá y los Estados Unidos.

Una de las características del hongo causante de la roya del tallo en avena es la existencia de un número indeterminado de razas fisiológicas, las cuales evolucionan hacia nuevas formas de virulencia, y de esta forma vencen los genes de resistencia presentes en las plantas. Con el fin de evitar el efecto del fondo genético en la expresión de los genes de resistencia, la identificación de razas se facilitó con el desarrollo de líneas monogénicas en el mismo fondo genético (Rodney) y en 1979 se propuso un sistema de nomenclatura para América del Norte (NA) (Martens *et al.*, 1979). Este sistema se utilizó para caracterizar virulencia en *P. graminis* f. sp. *avenae* en Canadá, Estados Unidos y México, hasta que en 2007 se propuso un sistema de código de letras (Fetch y Jin, 2007), similar al propuesto para *P. graminis* f. sp. *tritici* por Roelfs y Martens (1988). La nomenclatura para designar una raza utiliza líneas diferenciales portadoras de un solo gen de resistencia: *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg6*, *Pg8*, *Pg9*, *Pg10*, *Pg12*, *Pg13*, *Pg15* y *Pg16*, agrupadas en tres subconjuntos de cuatro diferenciales. El sistema sustituyó a la designación de razas en número progresivo NA definido por Stewart y Roberts (1970) y es aplicable para Canadá, Estados Unidos, México (Fetch y Jin, 2007) y otros países (Boshoff *et al.*, 2019; Li *et al.*, 2022; Sowa *et al.*, 2021). La identificación de razas del agente causal de la roya del tallo en avena ha sido una actividad constante desde el descubrimiento de la especialización fisiológica tanto en los Estados Unidos como en Canadá y en menor grado en México, principalmente por la falta de plantas diferenciales. La identificación de razas nuevas significa la presencia de nuevas combinaciones de genes de virulencia, lo que en

teoría permitiría dirigir los esquemas del mejoramiento para resistencia a roya del tallo.

Fetch y Jin (2007) han reportado mayor variabilidad en las poblaciones del patógeno en Canadá que en los Estados Unidos; por ejemplo, en Canadá en la provincia de Ontario, de 2002 a 2003 se detectó la raza TDJ, y en Manitoba y Saskatchewan las razas TGB, TGD y TJJ (Fetch, 2005). De 2005 a 2014, cuatro razas fueron las más comunes: TJJ, TJS, TGD y TGB (Fetch, 2009; Fetch *et al.*, 2011a; 2015); en años posteriores, se han reportado otras razas, siendo TJS y TJJ las más frecuentes (Fetch *et al.*, 2021).

En los Estados Unidos Jin (2005) indicó que las razas TGB, TGD y TJJ fueron las predominantes en la población de roya del tallo. Desde 2012 y durante 2021 y 2022, la raza TGN fue la predominante (ARS-USDA, 2017). La roya del tallo de la avena ha cobrado importancia en otros países poniendo en evidencia que no existe mucha variabilidad en dicha especie, en cuanto a los genes de resistencia; sin embargo, las poblaciones del patógeno son muy diferentes a las que existen en Norteamérica (Boshoff *et al.*, 2019; Salmerón *et al.*, 1996).

En China, Li *et al.* (2015) identificaron las razas TKR, TJM y TKM en muestras analizadas durante 2012-2013. Estudios posteriores mostraron cambios en las poblaciones del patógeno; así, durante 2018 y 2019, de 159 aislamientos identificaron a las razas TJJ, TBD, TJB, TJD, TJL, TJN, TGD y TKN por primera vez en China. La raza predominante fue TJD, y otras razas importantes fueron TJN y TKN (Li *et al.*, 2022). En otros países como Sudáfrica, durante los años 2017 y 2018, Boshoff *et al.* (2019) identificaron las razas RSJ, RJS y RJJ, siendo RSJ la más prevalente. Los resultados indicaron que la población del patógeno en Sudáfrica es muy diferente de la existente en Norteamérica, mientras que en Europa, y en particular en Polonia, durante 2021 Sowa *et al.* (2021) detectaron 57 razas, de las cuales la más predominante fue SSK. También se registró alta frecuencia de las razas TSK, TKK y TTK, no reportaron razas virulentas a *Pg12*, *Pg-a*, Alpha y Omega (Sowa *et al.*, 2021), lo que indica que la frecuencia de razas está en función de las variedades cultivadas y de los genes de resistencia que éstas poseen.

En México poco se ha trabajado en la interacción hospedante-patógeno (*Avena sativa*-*Puccinia graminis avenae*), sobre todo en aspectos de razas fisiológicas existentes. En los Valles Altos de México podrían coexistir más de 20 razas de roya del tallo en avena. El trabajo más reciente fue desarrollado por Mariscal *et al.* (2011), quienes estudiaron la variación patogénica de *Pg-a* de varios aislamientos y propusieron siete variedades de avena como diferenciales. Uno de los principales obstáculos en

la identificación de razas de *Puccinia graminis avenae* en México es la falta de las líneas diferenciales con los genes designados y, en segundo término, las diferenciales en el fondo genético de Rodney no se adaptan a las condiciones de producción de avena en México, siendo éstas sensibles al fotoperiodo o de hábito invernal; sin embargo, se ha postulado la presencia de ciertos genes en estudios hechos en Canadá con razas de ese mismo país; por ejemplo, de 103 líneas evaluadas procedentes del Programa Nacional de Avena de México, en la etapa de plántula y planta adulta, se postuló la presencia del complejo *Pg-a*, además de la combinación de los genes *Pg2 + Pg9*, *Pg-a + Pg9*, *Pg4* y *Pg13*.

En las pruebas de campo, los genotipos susceptibles en plántula y resistentes en planta adulta a la misma raza indicaron la existencia de genes de resistencia aun no catalogados efectivos sólo en planta adulta (Huerta-Espino *et al.*, 2022), así como la presencia del gen de resistencia de planta adulta *Pg11* en 22 de las líneas evaluadas (Salmerón *et al.*, 1996). Ante la aparición de nuevas razas, tanto en Canadá como en los Estados Unidos, Fetch *et al.* (2021) enfatizaron la necesidad de acumular genes de resistencia adicionales en las futuras variedades, lo cual también es aplicable en México; sin embargo, la variabilidad dentro del genoma de la avena es muy restringida a pesar de la existencia de diferentes especies y niveles de ploidía, por lo que el monitoreo de los cambios en virulencia es útil en el proceso de selección de genotipos con resistencia genética a dicha enfermedad y los genes de resistencia efectivos podrían ser utilizados en los programas de mejoramiento. Con base en lo anterior, el objetivo de esta investigación fue identificar las razas fisiológicas de *P. graminis* f. sp. *avenae* en la región de los Valles Altos del centro de México presentes durante 2014 y sentar las bases para dar seguimiento al proceso evolutivo con la aparición de nuevas razas, lo que permitirá explicar el comportamiento de las nuevas variedades y también permitirá evaluar los progenitores de avena usados en el programa de mejoramiento y las líneas avanzadas por su resistencia a las razas prevalentes.

MATERIALES Y MÉTODOS

Aislamiento de *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*

En 2014 se colectaron aleatoriamente sin seguir un método específico de muestreo 170 muestras de tallos, hojas y panículas con signos de roya del tallo (uredinias), éstas fueron principalmente de avena en campos de agricultores, aunque también se incluyeron muestras de viveros trampas de observación. El número de muestras se agruparon por estado: 65 del Estado de México, 46 de Tlaxcala, 33 de Puebla, 22 de Hidalgo y cuatro de Morelos.

De cada muestra se obtuvieron las urediniosporas del hongo, que se almacenaron en cápsulas de gelatina y se prosiguió a obtener los aislamientos monopustulares (Huerta-Espino *et al.*, 2022; Mariscal *et al.*, 2011).

Obtención de aislamientos monopustulares

En vasos de unisel de 238 mL con una relación 60:40 de suelo:peat moss se colocaron 12 semillas de la variedad susceptible Ópalo, y se mantuvieron en invernadero a 20 °C por la noche y 23 °C durante el día. Después de cuatro días de la emergencia (dde) se les agregó ácido maleico (3,6-dihidroxipiridazina 99 %, Sigma-Aldrich®) en dosis de 0.2 g L⁻¹. El ácido maleico (MH) inhibe el punto de crecimiento meristemático, la hoja primaria se extiende al máximo y se puede colectar mayor cantidad de inóculo (Samborski *et al.*, 1960). El inóculo se incrementó en plántulas de 12 días de edad, sobre las cuales se asperjaron urediniosporas suspendidas en aceite mineral Soltrol®; posteriormente, las plántulas se colocaron en una cámara con 100 % de humedad relativa durante 13 h de rocío y 3 h de luz; posteriormente, se trasladaron al invernadero, colocándose de forma separada en jaulas de plástico a 20 °C por la noche y 24 °C durante el día (Huerta-Espino *et al.*, 2022). Ocho días después de la inoculación (ddi) se observaron las primeras pústulas y para evitar contaminación se dejaron solamente cuatro hojas por vaso y cada hoja con una sola pústula. Cada pústula formó un aislamiento monopustular, las esporas se colectaron con boquillas conectadas a una bomba de vacío para luego ser almacenadas en cápsulas de gelatina. Las urediniosporas de cada pústula se incrementaron de manera separada en plántulas de la variedad Ópalo para tener hasta 5 mg de inóculo y así llevar a cabo la inoculación de las plantas diferenciales (Huerta-Espino *et al.*, 2022).

Inoculación de las diferenciales de avena

Para identificar las razas fisiológicas del hongo se utilizó el grupo de 12 diferenciales monogénicas disponibles con genes de resistencia identificados: *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg5*, *pg6*, *Pg7*, *Pg8*, *Pg9*, *Pg10*, *Pg11*, *Pg12* y *Pg13*, y otros testigos, incluyendo las variedades susceptibles Chihuahua, Cuauhtémoc y Ópalo. Todos los genotipos fueron sembrados en charolas de plástico de 20 × 30 × 6 cm con sustrato con una relación 60:40 de suelo:peat moss. En cada charola se realizaron 48 perforaciones con una plancha de acero, quedando seis perforaciones por hilera y ocho por columna, se colocaron seis semillas en cada perforación, sólo en las hileras 1, 3 y 5. En todos los casos, las diferenciales se sembraron siguiendo el mismo orden sin diseño experimental. A los 14 días después de la siembra (dds) se inoculó cada charola con cada uno de los aislamientos monopustulares y se colocaron en una

cámara húmeda con 13 h de rocío y 3 h de luz durante las últimas horas de rocío; después, las plántulas se mantuvieron en un invernadero a 23 °C durante el día y 20 °C por la noche (Huerta-Espino *et al.*, 2022). Cuando los testigos susceptibles no mostraron una buena infección en respuesta a algunos aislamientos se recurrió a la reserva de inóculo mantenido bajo refrigeración a -70 °C y estos aislamientos se volvieron a probar en las diferenciales. De cada una de las razas identificadas, se regresó a la reserva de inóculo para verificar los tipos de infección y confirmar la fórmula de avirulencia/virulencia en los diferentes genes de resistencia.

Lectura del tipo de infección en las diferenciales

El tipo de infección (TI) de los genotipos inoculados en estado de plántula se registró a los 14 ddi. Para determinar el TI se usó la escala propuesta por Roelfs *et al.* (1992). Detalles de la escala se presentan en el Cuadro 1.

Nomenclatura usada en la denominación de razas de *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*

Para la identificación de las razas fisiológicas, las diferenciales se acomodaron en subconjuntos de cuatro diferenciales, organizados en un sistema hexadecimal que tiene 16 posibles combinaciones de reacción, resistente (R) o susceptible (S) para cada consonante. La patogenicidad de una raza es codificada usando tres de las 16 consonantes del alfabeto inglés (Cuadro 2) (Fetch y Jin, 2007). Cada consonante indica la virulencia o avirulencia (susceptible: S o resistente: R) en un juego de

cuatro diferenciales. La consonante se puede repetir hasta tres veces si así es el caso.

Así, la raza BBB indicaría que ésta es avirulenta en las plantas de los 12 diferenciales usados (todas las plantas diferenciales resistentes) y TTT indica que las plantas de las 12 diferenciales son susceptibles o que el patógeno es virulento a todas las plantas diferenciales, y éstas se constituyen en dos razas diferentes. Una sola diferencia en uno de los diferenciales contenidos en cualquiera de los subconjuntos da origen a una combinación diferente; por lo tanto, se usa una consonante diferente y consecuentemente da origen a una raza diferente. (Fetch y Jin, 2007).

Análisis de datos

Se registro el número y porcentaje (frecuencia) de razas por el origen de la muestra, pero no se realizó ningún análisis de diversidad, o análisis de agrupamiento por el tamaño de muestra relativamente reducido.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De las 170 muestras colectadas se obtuvieron 138 aislamientos monopustulares. Usando las 12 diferenciales monogénicas (*Pga*) se identificaron 62 razas en la región de los Valles Altos del centro de México. Las razas más comunes fueron TNQ (15 %), TNB (9 %), TLQ (7 %), TNG (6 %) y TPS con 5 %, las cuales son virulentas a los genes *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg6*, *Pg9*, *Pg12* y *Pg13*, y avirulentas a *Pg8*, *Pg10*, *Pg15* y *Pg16* (Cuadro 3). La presencia de estos

Cuadro 1. Respuestas del hospedante y descripción de las reacciones de infección usadas para evaluar roya del tallo en avena en laboratorio en 2014.

Respuesta del hospedante (clase)	Tipo de infección Escala 0 a 4	Síntomas o signos de la enfermedad
Inmune	0	Ninguna uredinia presente.
Casi inmune	;	No uredinias, pecas cloróticas o necróticas presentes que indican hipersensibilidad.
Muy resistente	1	Uredinias pequeñas rodeadas por necrosis.
Moderadamente resistente	2	Uredinias pequeñas o de tamaño mediano, a menudo rodeadas por clorosis o necrosis; puede haber una isla verde rodeada por un borde clorótico o necrótico.
Heterogénea	X	Uredinias de tamaño variable distribuidas al azar en una sola hoja.
Moderadamente susceptible	3	Uredinias de tamaño mediano que están asociadas con cierta clorosis.
Susceptible	4	Uredinias grandes sin clorosis.

En la escala: 0, ;, 1, 2, y X son resistentes, 3 y 4 susceptibles (Roelfs *et al.*, 1992).

Cuadro 2. Código de letras para las razas de *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* con el uso de 12 líneas diferenciales *Pg* en tres subconjuntos ordenados de cuatro líneas cada uno (Fetch y Jin 2007).

Código ⁺	Clasificación de los tipos de infección (TI) ⁺⁺				Código ⁺	Clasificación de los tipos de infección (TI) ⁺⁺			
	1) <i>Pg1</i>	<i>Pg2</i>	<i>Pg3</i>	<i>Pg4</i>		1) <i>Pg1</i>	<i>Pg2</i>	<i>Pg3</i>	<i>Pg4</i>
	2) <i>Pg6</i>	<i>Pg8</i>	<i>Pg9</i>	<i>Pg10</i>		2) <i>Pg6</i>	<i>Pg8</i>	<i>Pg9</i>	<i>Pg10</i>
	3) <i>Pg12</i>	<i>Pg13</i>	<i>Pg15</i>	<i>Pg16</i>		3) <i>Pg12</i>	<i>Pg13</i>	<i>Pg15</i>	<i>Pg16</i>
<i>B</i>	R	R	R	R	<i>L</i>	S	R	R	R
<i>C</i>	R	R	R	S	<i>M</i>	S	R	R	S
<i>D</i>	R	R	S	R	<i>N</i>	S	R	S	R
<i>F</i>	R	R	S	S	<i>P</i>	S	R	S	S
<i>G</i>	R	S	R	R	<i>Q</i>	S	S	R	R
<i>H</i>	R	S	R	S	<i>R</i>	S	S	R	S
<i>J</i>	R	S	S	R	<i>S</i>	S	S	S	R
<i>K</i>	R	S	S	S	<i>T</i>	S	S	S	S

⁺Cada consonante describe el comportamiento de las cuatro diferenciales en el subconjunto correspondiente, 1), 2) y 3): subconjuntos, tipos de Infección (TI)⁺⁺ R: resistente, S: susceptible.

genes de virulencia en las poblaciones del patógeno indica que estos genes de resistencia están presentes en los genotipos de avena de donde se colectaron las muestras y que son inefectivos en contra de las razas indicadas en la relación planta-patógeno.

En el estado de México se identificó el mayor número de razas con un total de 41 (63.13 % del total encontrado), de las cuales TPS, TNQ, TNG, TNB, TLQ, TLG, TFQ y KNQ fueron las más frecuentes; en Tlaxcala se identificaron 19 razas (30.64 %) y sobresalieron TPS, TNQ, TLQ y KLG, en Hidalgo se presentaron 16 razas (25.8 %), donde TPQ, TNQ y TNB fueron las más abundantes, en Puebla hubo 14 (22.58 %) y las más comunes fueron TNQ, TNB y SNG y en Morelos se presentaron cuatro razas (6.45 %), TPQ, TNG, TNB y TBB durante 2014 (Cuadro 4).

Lo anterior indica que en las pruebas y selección para resistencia que se llevan a cabo principalmente en los estados de México y Tlaxcala bajo condiciones naturales de infección, los genotipos de avena son expuestos a las razas más prevalentes, y por consecuencia, se pueden obtener mayores niveles de resistencia efectiva en otras localidades; por ejemplo, en una evaluación de líneas avanzadas de avena en contra del aislamiento AMEX18.18.1.1, la mayoría fueron susceptibles en plántula, pero en campo todas fueron resistentes (Huerta-Espino *et al.*, 2022). Entre las razas mencionadas anteriormente, las

más sobresalientes fueron TPS y TTS por tener un mayor espectro de virulencia que las otras mencionadas en el Cuadro 3, esta última además virulenta a *Pg8*.

Las razas comunes identificadas en los cinco estados fueron TNG y TNB, seguidas de TNQ, TPS y TLQ, que se encontraron en los estados de México, Hidalgo, Puebla y Tlaxcala; TPQ se identificó en Hidalgo, Morelos y Tlaxcala; TNL en Hidalgo, Puebla y Tlaxcala; TLG en Estado de México, Hidalgo y Tlaxcala y TBB en Estado de México, Morelos y Tlaxcala (Cuadro 4), pero la más prevalente en cuatro de los cinco estados muestreados fue la raza TNQ (Cuadro 4.), siendo ésta la más frecuente en el Estado de México (Huerta-Espino *et al* 2022).

Las razas más virulentas fueron TTS, TPS, TPQ, TPD y TNQ, esta última (TNQ) se identificó como la más agresiva y mejor adaptada, dichas razas se encontraron en las localidades de los estados de México, Hidalgo, Puebla y Tlaxcala y es virulenta a los genes *Pg1*, *Pg2*, *Pg3*, *Pg4*, *Pg6*, *Pg9*, *Pg12* y *Pg13* y avirulenta a *Pg8*, *Pg10* y *Pg15* y *Pg16*. La raza JDB identificada en Huamantla, Tlaxcala corresponde a la raza NA41 (Norteamérica), y es la única raza similar a las razas identificadas en Estados Unidos y Canadá (Fetch y Jin, 2007).

Las razas más comunes en Norteamérica son TJJ, TJJ y TJS, y representan una amenaza directa para la

Cuadro 3. Frecuencia (%) y distribución de las razas fisiológicas de *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* en Valles Altos del centro de México en 2014.

Raza	Formula de virulencia [†]	%	Raza	Formula de virulencia [†]	%
T N Q	1, 2, 3, 4, 6, 9, 12, 13	15	P K Q	1, 3, 4, 8, 9, 10, 12, 13	1
T N B	1, 2, 3, 4, 6, 9	9	P C J	1, 3, 4, 10, 13, 15	1
T L Q	1, 2, 3, 4, 6, 12, 13	7	M L L	1, 4, 6, 12	1
T N G	1, 2, 3, 4, 6, 9, 13	6	M D B	1, 4, 9	1
T P S	1, 2, 3, 4, 6, 9, 10, 12, 13, 15	5	L F L	1, 9, 10, 12	1
K N Q	2, 3, 4, 6, 9, 12, 13	4	K P D	2, 3, 4, 6, 9, 10, 15	1
T P Q	1, 2, 3, 4, 6, 9, 10, 12, 13	3	K N L	2, 3, 4, 6, 9, 12	1
T L G	1, 2, 3, 4, 6, 13	3	K N B	2, 3, 4, 6, 9	1
T N L	1, 2, 3, 4, 6, 9, 12	2	K M N	2, 3, 4, 6, 10, 12, 15	1
T B B	1, 2, 3, 4	2	K M L	2, 3, 4, 6, 10, 12	1
K L Q	2, 3, 4, 6, 12, 13	2	K L B	2, 3, 4, 6	1
T T S	1, 2, 3, 4, 6, 8, 9, 10, 12, 13, 15	1	J D B	2, 3, 9	1
T P D	1, 2, 3, 4, 6, 9, 10, 15	1	J N B	2, 3, 6, 9	1
T M J	1, 2, 3, 4, 6, 10, 13, 15	1	H N Q	2, 4, 6, 9, 12, 13	1
T L L	1, 2, 3, 4, 6, 12	1	H N G	2, 4, 6, 9, 13	1
T F Q	1, 2, 3, 4, 9, 10, 12, 13	1	H L B	2, 4, 6	1
T D Q	1, 2, 3, 4, 6, 9, 13	1	F P S	3, 6, 9, 10, 12, 13, 15	1
T D L	1, 2, 3, 4, 9, 12	1	F P Q	3, 4, 6, 9, 10, 12, 13	1
T C N	1, 2, 3, 4, 10, 12, 15	1	F N Q	3, 4, 6, 9, 12, 13	1
T B Q	1, 2, 3, 4, 12, 13	1	F D L	3, 4, 9, 12	1
S N G	1, 2, 3, 6, 9, 13	1	D F B	3, 9, 10	1
S F B	1, 2, 3, 9, 10	1	C N Q	4, 6, 9, 12, 13	1
S D Q	1, 2, 3, 9, 12, 13	1	C N B	4, 6, 9	1
S D G	1, 2, 3, 9, 13	1	C L Q	4, 6, 12, 13	1
S D B	1, 2, 3, 9	1	B N B	6, 9	1
R N G	1, 2, 4, 6, 9, 13	1	B L B	6	1
R N B	1, 2, 4, 6, 9	1	B F Q	9, 10, 12, 13	1
R L Q	1, 2, 4, 6, 12, 13	1	B F D	9, 10, 15	1
Q D Q	1, 2, 9, 12, 13	1	B F B	9, 10	1
Q D B	1, 2, 9	1	B D Q	9, 12, 13	1
P N B	1, 3, 4, 6, 9	1	B B Q	12, 13	1

[†]Basado en 16 diferenciales dispuestas en tres subgrupos (subgrupo 1: Pg1, 2, 3, 4; subgrupo 2: Pg6, 8, 9, 10; subgrupo 3: Pg12, 13, 15, 16), cada consonante representa la respuesta de las diferenciales de acuerdo con el Cuadro 2. %: frecuencia de las razas identificadas.

Cuadro 4. Frecuencia (%) de razas identificadas en cada uno de los estados muestreados donde se realizaron las colectas en 2014.

Mexico	%	Mexico	%	Tlaxcala	%	Hidalgo	%	Puebla	%	Morelos	%
TNQ[†]	14.9	CNQ	1.49	TNQ	15.4	TNQ	10.5	TNQ	22.7	TNG	25
TLQ	7.4	JNB	1.49	TLQ	11.5	TLQ	5.2	TLQ	4.5	TNB	25
TNG	6.0	HNQ	1.49	TNG	3.84	TNG	5.2	TNG	4.5	TPQ	25
TNB	6.0	HNG	1.49	TNB	3.84	TNB	10.5	TNB	18.2	TBB	25
TPS	4.5	HLB	1.49	TPS	7.7	TPS	5.2	TPS	4.5		
TLG	3.0	FPQ	1.49	TPQ	3.84	TPQ	10.5	TNL	4.5		
KNQ	6.0	FDL	1.49	TNL	3.84	TNL	5.2	MLL	4.5		
TBB	1.49	DFB	1.49	TLG	3.84	TLG	5.2	QDQ	4.5		
QDQ	1.49	CLQ	1.49	TBB	3.84	KNQ	5.2	CNQ	4.5		
TFQ	3.0	BNB	1.49	KLQ	7.7	MLL	5.2	SNG	9.1		
TTS	1.49	BLB	1.49	TDL	3.84	TPD	5.2	TLL	4.5		
TMJ	1.49	BFQ	1.49	SFB	3.84	TMJ	5.2	TCN	4.5		
TDQ	1.49	BFD	1.49	SDG	3.84	TDQ	5.2	SDQ	4.5		
TBQ	1.49	BFB	1.49	PCJ	3.84	KLB	5.2	CNB	4.5		
SDB	1.49	BDQ	1.49	KPD	3.84	FPS	5.2				
RNG	1.49	BBQ	1.49	KNL	3.84	FNQ	5.2				
RNB	1.49	PNB	1.49	KNB	3.84						
RLQ	1.49	PKQ	1.49	KML	3.84						
QDB	1.49	MDB	1.49	JDB	3.84						
LFL	1.49	KLQ	1.49								
KMN	1.49										

[†]Razas en negritas fueron identificadas en común en más de un estado.

producción de avena. Estas razas no están presentes en México a pesar de la cercanía. Las variedades de Canadá y de algunos estados de Estados Unidos son susceptibles a las razas TJJ y TJS, las cuales presentan virulencia a *Pg2* y *Pg13* y avirulencia a *Pg10*, *11*, *16* y *Pg-a* (Fetch *et al.*, 2015).

En México se tienen antecedentes de la diversidad de razas del patógeno, pues de 50 aislamientos Mariscal *et al.* (2011) encontraron 24 combinaciones de virulencia usando 24 genotipos de avena, destacando Avemex, Obsidiana, Papigochi, Diamante R31, Rarámuri, Chihuahua y el Progenitor 7, y se concluyó que existe gran variabilidad del hongo en las regiones muestreadas. Estos resultados; sin embargo, proveen poca o nula información en relación con las razas reportadas en Canadá o en los Estados Unidos, donde se han usado las líneas diferenciales. En el presente estudio se incluyeron las variedades comerciales

Chihuahua, Avemex y Diamante R31 coincidiendo con las usadas por Mariscal *et al.* (2011), siendo Avemex la mejor diferencial al dividir los aislamientos en 50 % virulentos y 50 % avirulentos. Para el uso de las variedades mencionadas como diferenciales sería más adecuado si se determinaran los genes de resistencia que estas poseen; sin embargo, las razas identificadas en el presente estudio serán útiles no solo en la postulación de genes de resistencia en las variedades usadas por Mariscal *et al.* (2011), sino también en otros genotipos de avena existentes en el programa del INIFAP. Las razas más frecuentes y con mayor espectro de virulencia serán usadas en la determinación de la genética de la resistencia de líneas avanzadas y variedades de reciente liberación. Las razas seleccionadas se usarán en el proceso de selección en generaciones segregantes.

Los genes de las líneas diferenciales *Pg8*, *Pg10*, *Pg15* y *Pg16* fueron los más efectivos en contra de las razas

Cuadro 5. Porcentaje de virulencia en las diferenciales de avena (*Pga*), obtenidos a partir de los aislamientos de *P. graminis* f. sp. *avenae* en 2014 en cinco estados de México.

Diferencial	% Virulencia	Diferencial	% Virulencia
<i>Pg-1</i>	76	<i>Pg-9</i>	75
<i>Pg-2</i>	85	<i>Pg-10</i>	22
<i>Pg-3</i>	84	<i>Pg-12</i>	62
<i>Pg-4</i>	81	<i>Pg-13</i>	67
<i>Pg-6</i>	80	<i>Pg-15</i>	15
<i>Pg-8</i>	0	<i>Pg-16</i>	0

(Cuadro 5). Se detectó virulencia para *Pg10* en los cinco estados muestreados, principalmente en las razas TTS, TPS, TPQ y TPD, estos resultados son importantes debido a que en su estudio Harder (1999) sugirió que *Pg10* es una fuente útil de resistencia, pero sería inefectivo en México por la presencia de la raza TPS en las áreas muestreadas. Las diferenciales portadoras de los genes *Pg12* y *Pg13* registraron porcentajes altos de susceptibilidad, con el 62 y 67 %, respectivamente (Cuadro 5), Estos genes aún son considerados como fuentes de resistencia en el desarrollo de variedades en Canadá contra las razas de *P. graminis* f. sp. *avenae*, según los resultados obtenidos por Fetch *et al.* (2011a; b) pero no serían efectivos en México por los niveles altos de virulencia entre las razas identificadas.

En el presente estudio, la diferencial de *Pg6* fue susceptible a 111 aislamientos (80 %), que es un porcentaje alto en comparación con lo encontrado en Canadá, donde ningún aislamiento fue virulento a *Pg6*, *Pg10* y *Pg16* (Fetch *et al.*, 2015a). En China, Li *et al.* (2015) encontraron que *Pg6* y *Pg15* fueron efectivos contra todos los aislamientos probados, lo que indica que la evolución de roya del tallo en los Valles Altos del centro de México es diferente a la de estos países, pues la frecuencia de virulencia está en función de las variedades cultivadas y de los genes de resistencia que éstas poseen. En el presente estudio se observó que *Pg12* presentó 62 % de virulencia y fue susceptible a 86 aislamientos (Cuadro 5). En 1997 en Canadá se detectó por primera y única vez que la raza TGL presentó virulencia al gen *Pg12*, la cual apareció nuevamente hasta 2003 cuando se cultivaron variedades que poseen este gen de resistencia (Fetch, 2005).

Los genes *Pg2* y *Pg13* proporcionan resistencia a la mayoría de los cultivares comerciales canadienses, pero

las razas TJJ y TJG presentaron virulencia para estos genes durante 2003, con 76 % de frecuencia combinada para estas razas, lo cual puso en peligro a la resistencia de las variedades canadienses (Fetch, 2008) pero no así a las variedades mexicanas cultivadas en ese tiempo, incluyendo Avemex, Turquesa, Papigochiy y Raramuri; sin embargo, en el presente estudio se observó un porcentaje de virulencia de 85 y 67 %, respectivamente para estos genes (Cuadro 5), lo que reduce su uso potencial en el mejoramiento para resistencia a la roya del tallo. Por otro lado, los genes *Pg8* y *Pg16* fueron efectivos en contra de todas las razas identificadas, lo que los hace potencialmente útiles en el mejoramiento para desarrollar variedades resistentes. Existen otros genes de resistencia que no se usan en la identificación de razas, como el gen *Pg11*, que se expresa únicamente en planta adulta (Harder *et al.*, 1971; Salmerón *et al.*, 1996) y se asocia con paja quebradiza, bajo rendimiento y clorosis progresiva con la madurez de la planta, mientras que *Pg-a* es altamente efectivo en Canadá. No se tienen datos de la incorporación de genes *Pg-a* en las variedades mexicanas de reciente liberación (Villaseñor-Mir *et al.*, 2021), lo que indica que las líneas avanzadas resistentes pueden poseer otros genes aun no identificados. De las razas identificadas, TNQ y TFQ han sido usadas para determinar la resistencia de variedades y líneas avanzadas de avena del INIFAP.

Entre las variedades de avena evaluadas en estado de plántula, Diamante R31, Menonita, Karma y Turquesa fueron resistentes a la raza TFQ, pero susceptibles a TNQ (Huerta-Espino *et al.*, 2022), mientras que las líneas tuvieron un comportamiento diferencial, siendo resistentes o susceptibles a ambas razas; también ocurrió algo similar al comportamiento de las variedades; es decir, fueron resistentes a TFQ, pero susceptibles a TNQ, y viceversa, resistentes a TNQ pero susceptibles a TFQ (Huerta-Espino *et al.*, 2022). La identificación de razas fisiológicas de *Pga* en México sólo permitirá evaluar la diversidad en las poblaciones del patógeno; sin embargo, es necesario determinar la presencia de los genes conocidos en las variedades cultivadas y así poder seguir el proceso evolutivo de las razas en términos de virulencia.

Aun con la importancia que tiene la roya del tallo en avena en México, los estudios de la evolución del hongo causante de la enfermedad son limitados; en principio, por la falta de laboratorios de análisis, luego por la falta de líneas diferenciales y también por el desconocimiento de los genes de resistencia que las variedades mexicanas poseen. Es importante también mencionar la escasa variación de genes de resistencia en el germoplasma del género *Avena*; sin embargo, ha sido posible determinar que las líneas avanzadas del programa de Avena del

INIFAP fueron susceptibles en plántula a la raza TNQ, pero resistentes en planta adulta, de ahí la importancia del presente estudio.

CONCLUSIONES

Con el uso de las diferenciales monogénicas se identificaron 62 razas fisiológicas de *P. graminis* f. sp. *avenae* en los Valles Altos del centro de México en 2014. Las razas más comunes fueron KNQ, TPS, TNG, TLQ, TNB Y TNQ y la más distribuida fue TNQ. La identificación de un gran número de razas fisiológicas de roya del tallo en avena y los porcentajes de virulencia en las líneas diferenciales indican que en México la roya del tallo continúa siendo un problema. Este es el primer estudio detallado de las razas de *P. graminis* f.sp. *avenae* presentes en México usando líneas diferenciales portadoras de genes *Pg* identificados que servirá de base para analizar la evolución de las razas del patógeno en estudios posteriores.

BIBLIOGRAFÍA

- ARS-USDA, Agricultural Research Service-United States Department of Agriculture (2017) Cereal Rust Bulletin. Report No. 7. Cereal Disease Laboratory, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture. St. Paul, Minnesota, USA. https://www.ars.usda.gov/arsuserfiles/50620500/CRBs/2017_September_FinalCRB-final.pdf (January 2023).
- Boshoff W. H. P., B. Visser, T. Terefe and Z. A. Pretorius (2019) Diversity in *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* and its impact on oat cultivar response in South Africa. *European Journal of Plant Pathology* 155:1165-1177, <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01845-5>
- FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations (2023) Statistical database. Production and yield quantities of cereal grains. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome, Italy. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL> (November 2023).
- Fetch Jr. T. G. (2005) Races of *Puccinia graminis* on wheat, barley, and oat in Canada in 2002 and 2003. *Canadian Journal of Plant Pathology* 27:572-580, <https://doi.org/10.1080/07060660509507258>
- Fetch Jr. T. G. (2008) Races of *Puccinia graminis* on wheat, barley, and oat in Canada in 2004. *Canadian Journal of Plant Pathology* 30:260-266, <https://doi.org/10.1080/07060661.2008.10540541>
- Fetch Jr. T. G. (2009) Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2005. *Canadian Journal of Plant Pathology* 31:74-79, <https://doi.org/10.1080/07060660909507574>
- Fetch Jr. T. G. and Y. Jin (2007) Letter code system of nomenclature for *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*. *Plant Disease* 91:763-766, <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-6-0763>
- Fetch Jr. T. G., J. M. Fetch and A. Xue (2011a) Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2006. *Canadian Journal of Plant Pathology* 33:54-60, <https://doi.org/10.1080/07060661.2011.536650>
- Fetch J. W. M., P. D. Brown, N. Ames, J. Chong, T. G. Fetch, S. M. Haber, ... and K. D. Stadnyk (2011b) Stainless oat. *Canadian Journal of Plant Science* 91:357-361, <https://doi.org/10.4141/CJPS10159>
- Fetch T. G., J. M. Fetch and A. Xue (2015) Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2007 and 2008. *Canadian Journal of Plant Pathology* 37:331-341, <https://doi.org/10.1080/07060661.2015.1066865>
- Fetch T., J. M. Fetch, T. Zegeye and A. Xue (2021) Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2013 and 2014. *Canadian Journal of Plant Pathology* 43:101-107, <https://doi.org/10.1080/07060661.2020.1745892>
- Harder D. E. (1999) Usefulness of gene *Pg10* as a source of stem rust resistance in oat breeding. *Phytopathology* 89:1214-1217, <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1999.89.12.1214>
- Harder, D. E., J. W. Martens and R. I. H. McKenzie (1971) Changes in chlorophyll and carotenoid content in oats associated with the expression of adult plant resistance to stem rust conferred by gene *pg-11*. *Canadian Journal of Botany* 49:1783-1785, <https://doi.org/10.1139/b71-251>
- Huerta-Espino J., E. E. Ramírez-Ramírez, S. G. Leyva-Mir, H. E. Villaseñor-Mir, R. Hortelano-Santa-Rosa, E. Martínez-Cruz and M. F. Rodríguez-García (2022) Resistance evaluation of oat genotypes to stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *avenae*). *Mexican Journal of Phytopathology* 40:221-229, <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2202-1>
- Jin Y. (2005) Races of *Puccinia graminis* identified in the United States during 2003. *Plant Disease* 89:1125-1127, <https://doi.org/10.1094/PD-89-1125>
- Li T., Y. Cao, X. Wu, S. Chen, H. Wang, K. Li and L. Shen (2015) First report on race and virulence characterization of *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* and resistance of oat cultivars in China. *European Journal of Plant Pathology* 142:85-91, <https://doi.org/10.1007/s10658-014-0591-6>
- Li T., Y. Xu, X. Zhang, X. Wu, Y. Zhang, Y. Xuan and S. Wang (2022) Virulence characterization of *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* and resistance of oat cultivars in China. *Plant Disease* 106:901-905, <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-21-1239-RE>
- Mariscal A. L. A., J. Huerta E., H. E. Villaseñor M., S. G. Leyva M., J. S. Sandoval I. e I. Benitez R. (2011) Selección de genotipos de avena para la identificación de razas de roya del tallo. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2:593-600, <https://doi.org/10.29312/remexca.v2i4.1646>
- Martens J. W., A. P. Roelfs, R. I. H. McKenzie, P. G. Rothman, D. D. Stuthman and P. D. Brown (1979) System of nomenclature for pathotypes of *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*. *Phytopathology* 69:293-294, <https://doi.org/10.1094/Phyto-69-293>
- Roelfs A. P., D. H. Casper and D. L. Long (1979) Races of *Puccinia graminis* in the United States during 1978. *Plant Disease Reporter* 63:701-704.
- Roelfs A. P. and J. W. Martens (1988) An international system of nomenclature for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Phytopathology* 78:526-533.
- Roelfs A. P., P. R. 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.
- Salmeron J. J., D. E. Harder, J. Chong and D. D. Stuthman (1996) Mexican oat germ plasm as a source of resistance to stem rust and crown rust. *Plant Disease* 80:404-407, <https://doi.org/10.1094/PD-80-0404>
- Samborski D. J., C. Person and F. R. Forsyth (1960) Differential effects of maleic hydrazide on the growth of leaf and stem rusts of wheat. *Canadian Journal of Botany* 38:1-7, <https://doi.org/10.1139/b60-001>
- SIAP, Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (2023) Anuario estadístico de la producción agrícola. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. Ciudad de México. <http://www.nube.siap.gob.mx/cierreagricola/> (Noviembre 2023).
- Sowa S., J. Toporowska, A. Koroluk and E. Paczos-Grzęda (2021) First detailed report on *Puccinia graminis* f. sp. *avenae* virulence structure and *Pg* resistance genes effective in Poland. *European Journal of Plant Pathology* 161:371-381, <https://doi.org/10.1007/s10658-021-02329-1>
- Stewart D. M. and J. B. Roberts (1970) Identifying races of *Puccinia graminis* f. sp. *avenae*. A modified international system. Technical Bulletin No. 1416. Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture. Washington, D. C., USA. 23 p.
- Villaseñor-Mir H. E., J. Huerta-Espino, M. F. Rodríguez-García, R. Hortelano-Santa Rosa, E. Espitia-Rangel y E. Martínez-Cruz (2021) Mejoramiento genético de avena en México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* Publicación Especial 25:21-25, <https://doi.org/10.29312/remexca.v12i25.2808>