

## CARTA AL EDITOR

### Epidemiología de la roya amarilla del trigo (*Puccinia striiformis* f. sp. tritici)

#### Epidemiology of wheat yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. tritici)

Sebastian Iglesias-Osores\*; Miguel Alcántara-Mimbela

Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Calle Juan XXIII 391, Lambayeque, Perú.

\*Autor corresponsal: [sebasiglo@gmail.com](mailto:sebasiglo@gmail.com), [siglesias@unprg.edu.pe](mailto:siglesias@unprg.edu.pe) (S. Iglesias-Osores).

ID ORCID de los autores

S. Iglesias-Osores:  <https://orcid.org/0000-0002-4984-4656>

M. Alcántara-Mimbela:  <https://orcid.org/0000-0001-9189-9098>

#### Señor Editor

La roya amarilla del trigo (*Puccinia Striiformis* f. Sp. tritici) causa grandes pérdidas en los rendimientos del trigo blando, trigo harinero (*Triticum aestivum* o *T. vulgare*) en todo el mundo. El trigo blando se siembra en las zonas altoandinas del Perú y representa uno de los principales alimentos básicos de las familias peruanas; para producir harina para hacer pan, entre otros, y es el tercer cereal más producido después del maíz y el arroz. Nos agrupamos para formar árboles filogenéticos y observar su distribución geográfica entre región y grupo de fenotipos (Figura 1). Aunque aún no se ha detectado en el Perú, es de interés ver las interacciones alrededor del mundo, conocerlas y poder monitorearlas epidemiológicamente mediante secuenciación de ADN. Los brotes de enfermedades fúngicas causadas por patógenos vegetales se han asociado con su globalización en la distribución geográfica y el aumento de la virulencia de algunas cepas (Bueno-Sancho *et al.*, 2017). Las recientes epidemias mundiales de roya amarilla del trigo fueron alimentadas por poblaciones de razas divergentes (Ali *et al.*, 2017). Las aplicaciones de nuevas tecnologías como el fenotipado genético racial de los diversos aislados de *Puccinia Striiformis* muestreados en 30 países durante 1978-2015 revelaron que estas epidemias a menudo fueron impulsadas por pocas razas, pero de linajes genéticos muy divergentes (Figura 1-a). PstS1, PstS4 y Triticale fueron predominantes en África; PstS2, PstS7 y PstS9 en Asia. PstS4, PstS7, PstS8, PstS10, Triticale y Cluster 3 prevalecen en Europa; representaron tres linajes genéticos, PstS7, PstS8, PstS10 más prevalentes en Europa. Las razas de otros linajes fueron de baja frecuencia (Figura 2). En el trabajo de Ali *et al.* (2017), PstS1 fue predominante en América del Norte; PstS2 en Asia occidental y África del Norte; y tanto PstS1 como PstS2 en África Oriental. PstS4 prevaleció en el norte de Europa con Triticale; PstS5 y PstS9 prevalecieron en Asia Central, mientras que PstS6 prevaleció en epidemias en el norte de África Oriental (Ali *et al.*, 2017).

Los linajes genéticos de *P. Striiformis* se dividen por Nombre según la prevalencia en la región geográfica; por ejemplo, PstS0 es un antiguo grupo genético europeo, PstS1 más prevalente en África Oriental y América del Norte, PstS2 (África Oriental y Asia), PstS3 (África del Norte, Asia y Europa), PstS4 (Triticale 2006, Europa), PstS5 (Asia), PstS6 (África Oriental y Asia), PstS7 (Guerrero. Europa), PstS8 (Kranich. Europa), PstS9 (Asia Central y del Sur), PstS10 (Guerrero (-). Europa, África del Norte), PstS11 (Asia Central Y África Oriental), PstS12 (Hereford. Europa), PstS13 (Triticale 2015. Europa), PstS14 (Anteriormente Pst (Nuevo). África del Norte y Europa) (Figura 2) (Hovmøller *et al.*, 2017)

La raza se define por el patrón de interacciones compatibles e incompatibles entre el huésped y el patógeno. El fenotipo del patógeno es "virulento" en caso de una interacción compatible, mostrado por puntuaciones de tipo de infección "alta" en las líneas diferenciales del huésped, y es "avirulento" en caso de interacciones incompatibles con tipos de infección "bajos" (Ali y Hodson, 2017). En Zimbabwe se encontró virulencia para Yr2, 3a, 4a, 6, 7, 8, 9, 19, 25, 27 y A. (Boshoff *et al.*, 2020) La virulencia hacia Yr9 y Yr27 fue común en epidemias en África y Asia, mientras que esa virulencia hacia Yr17 y Yr32 prevaleció en Europa (Ali *et al.*, 2017).

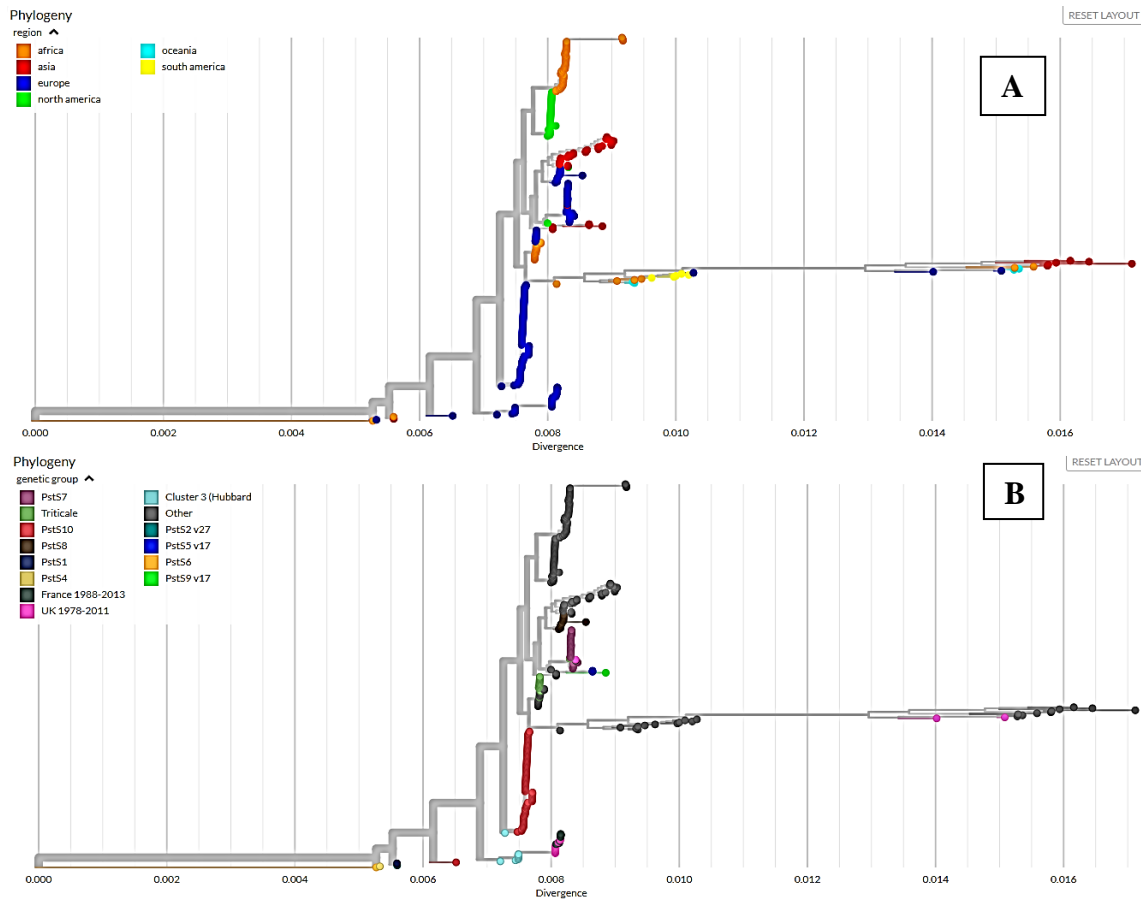
La falta de diagnóstico y previsibilidad de la aparición de nuevas razas con alto potencial epidémico, lo que subraya la necesidad de inversiones adicionales en biología de poblaciones y actividades de vigilancia de patógenos en cultivos alimentarios mundiales, y evaluaciones de la vulnerabilidad a las enfermedades de las variedades hospedantes antes del despliegue. Otra opción es utilizar un diagnóstico en el punto de atención para facilitar la intervención temprana en los brotes de enfermedades de las plantas y aumentar las decisiones de manejo de enfermedades; estas acciones pueden limitar la propagación de la enfermedad.

**Palabras clave:** *Puccinia striiformis*; despliegue de resistencia; fenotipado de virulencia; trigo.

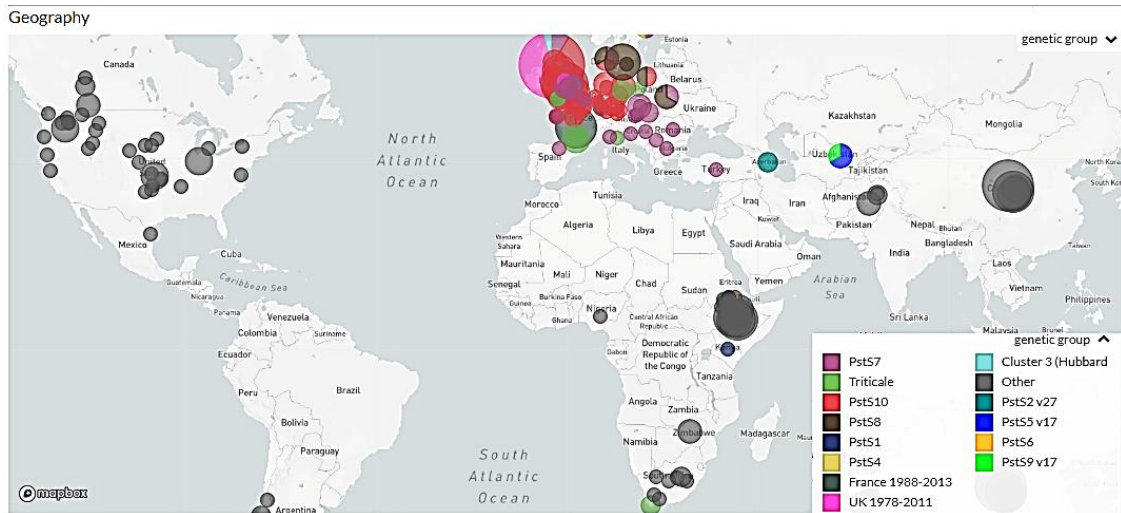
**Keywords:** *Puccinia striiformis*; resistance deployment; virulence phenotyping; wheat.

Recibido: 16-07-2020.

Aceptado: 24-08-2020.



**Figure 1.** Analysis of worldwide wheat yellow rust samples. Color by country (A), genetic group (B). Adapted from Nextstrain.com (free to use) (<https://nextstrain.org/community/saunderslab/PST>).



**Figure 2.** Geography of worldwide wheat yellow rust samples. Color by genetic group. Adapted from Nextstrain.com (free to use) (<https://nextstrain.org/community/saunderslab/PST>).

**REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

Ali, S.; Hodson, D. 2017. Wheat rust surveillance: Field disease scoring and sample collection for phenotyping and molecular genotyping. *En Methods in Molecular Biology* 1659: 3-11. Humana Press Inc.

Ali, S.; Rodríguez-Algaba, J.; Thach, T.; *et al.* 2017. Yellow rust epidemics worldwide were caused by pathogen races from divergent genetic lineages. *Frontiers in Plant Science* 8: 1057.

Boshoff, W.H.P.; Visser, B.; Lewis, C.M.; *et al.* 2020. First Report of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, Causing Stripe Rust of Wheat, in Zimbabwe. *Plant Disease* 104(1): 290-290.

Bueno-Sancho, V.; Persoons, A.; Hubbard, A.; *et al.* 2017. Pathogenomic Analysis of Wheat Yellow Rust Lineages Detects Seasonal Variation and Host Specificity. *Genome Biology and Evolution* 9(12): 3282-3296.

Hovmöller, M.S.; Rodríguez-Algaba, J.; Thach, T.; *et al.* 2017. Race typing of *Puccinia striiformis* on wheat. *En Methods in Molecular Biology* 1659: 29-40). Humana Press Inc.