



GENES CANDIDATOS DE RESPUESTA A ROYA DE LA HOJA DE TRIGO IDENTIFICADOS POR PERFILES DE EXPRESIÓN

CANDIDATE GENES FOR RESPONSE TO WHEAT LEAF RUST IDENTIFIED BY EXPRESSION PROFILES

José L. Zárate-Castrejón¹, César L. Aguirre-Mancilla¹, Ernesto Solís-Moya², A. Paulina Rodríguez-Vera², J. Carlos Raya-Pérez¹, J. Gabriel Ramírez-Pimentel¹ y Víctor Montero-Tavera^{2*}

¹Instituto Tecnológico de Roque, Celaya, Guanajuato, México, ²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Celaya, Guanajuato, México.

*Autor para correspondencia (montero.victor@inifap.gob.mx)

RESUMEN

La roya de la hoja, ocasionada por el hongo *Puccinia triticina*, es una enfermedad común en trigo (*Triticum aestivum*) que causa pérdidas económicas significativas. Actualmente se cuenta con variedades que presentan resistencia a razas específicas del hongo; sin embargo, el patógeno frecuentemente vence la resistencia en corto tiempo. Una estrategia alterna es la acumulación de genes de resistencia con efecto aditivo. Para lograrlo es necesario encontrar marcadores moleculares que faciliten la selección de nuevos genotipos con resistencia genética. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue aislar e identificar nuevos genes para la resistencia a *P. triticina* a través de la generación de una biblioteca sustractiva supresiva de ADNc de la variedad resistente Monarca F2007. La respuesta general de Monarca ante la presencia del hongo fue la activación de genes que codifican principalmente proteínas relacionadas con patogénesis y con sequía moderada. La inducción de estos genes es crucial para mantener en buen estado el tejido foliar ante la infección por *P. triticina*. Por otra parte, se demostró que líneas de trigo resistentes a roya inducen la expresión de un mayor número de genes que las líneas susceptibles, lo que indica que pueden tener efectos aditivos. La expresión de transcritos diferenciales es un indicador de la respuesta del trigo contra la infección de la roya de la hoja y los perfiles de expresión de estos genes se pueden emplear como marcadores moleculares para la selección de genotipos con mayor resistencia.

Palabras clave: *Triticum aestivum*, *Puccinia triticina*, genes de resistencia, roya de la hoja, expresión diferencial.

SUMMARY

Leaf rust, caused by the fungus *Puccinia triticina*, is a common disease in the wheat (*Triticum aestivum*) crop that generate significant economic losses. Currently, there are cultivars that show resistance to specific races of the fungus; however, the pathogen often breaks the resistance in a short time. An alternative strategy is the accumulation of resistance genes with additive effect. To achieve this it is necessary to find molecular markers that facilitate the selection of new genotypes with genetic resistance. Therefore, the objective of this research was to isolate and identify new genes for resistance to *P. triticina* through the generation of a subtractive suppressive cDNA library of the resistant cultivar Monarca F2007. The general response of Monarca to the presence of the fungus was mainly the activation of genes that encode proteins related to pathogenesis and to mild drought. The induction of these genes is crucial in order to keep the leaf tissue in healthy conditions upon infection by *P. triticina*. On the other hand, it was shown that wheat resistant lines to rust induce the expression of a greater number of genes than susceptible lines, indicating that they can have additive effects. The expression of differential transcripts is an indicator of wheat response against infection of leaf rust and the expression profiles of these genes can be used as molecular markers for selecting genotypes with greater resistance.

Index words: *Triticum aestivum*, *Puccinia triticina*, genes for resistance, leaf rust, differential transcription.