



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE FITOSANIDAD

FITOPATOLOGÍA

**INTROGRESIÓN DE LOS GENES DE
RESISTENCIA A ROYA AMARILLA
Yr5 Y Yr15 EN LA VARIEDAD DE
TRIGO BORLAUG 100**

YERICA RENATA VALDEZ RODRÍGUEZ

T E S I S

**PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:**

MAESTRA EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, ESTADO DE MÉXICO

2020

La presente tesis titulada: **Introgresión de los genes de resistencia a roya amarilla Yr5 y Yr15 en la variedad de trigo Borlaug 100** realizada por la alumna: **Yerica Renata Valdez Rodríguez** bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRA EN CIENCIAS
FITOSANIDAD
FITOPATOLOGÍA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



Dr. José Sergio Sandoval Islas

DIRECTOR




Dr. Héctor Eduardo Villaseñor Mir

ASESOR



Dr. Julio Huerta Espino

ASESORA



Dra. Olga Gómez Rodríguez

Montecillo, Texcoco, Estado de México, enero 2020

INTROGRESIÓN DE LOS GENES DE RESISTENCIA A ROYA AMARILLA *Yr5* Y *Yr15* EN LA VARIEDAD DE TRIGO BORLAUG 100

Yerica Renata Valdez Rodríguez, M.C.
Colegio de Postgraduados, 2020

RESUMEN

La producción de trigo (*Triticum aestivum* L.) es afectada por la roya amarilla causada por *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, patógeno que tiene el potencial de ocasionar pérdidas en el rendimiento de hasta 100 % si los cultivares susceptibles son infectados en etapas tempranas de crecimiento. La mejor estrategia para el control de la enfermedad es el uso de variedades resistentes. El objetivo de este estudio fue transferir los genes *Yr5* y *Yr15* a la variedad Borlaug 100 y obtener líneas resistentes manteniendo sus características agronómicas. Se obtuvieron 389 líneas a partir de retrocruzas entre Borlaug 100 y Blanca Grande 515, y fueron evaluadas en plántula contra la raza CMEX14.25 y en planta adulta en campo. La presencia de los genes se corroboró con marcadores moleculares tipo SNP. En este estudio se encontró que *Yr5* se encuentra en forma heterocigota en el progenitor donador de acuerdo con los nuevos marcadores disponibles, por lo que el número de líneas positivas a este gen fue bajo en comparación con las positivas para *Yr15*. El número de combinaciones de genes encontradas fue menor a lo esperado y no se encontraron líneas positivas para los dos genes de interés cuando se realizó una tercer retrocruza. De las líneas generadas, tres poseen los genes *Yr5* y *Yr15* en condición homocigota. Una semejante a Blanca Grande 515 y otra con ambos genes en condición heterocigota. La metodología de retrocruzas, selección asistida con marcadores moleculares y selección fenotípica hacia homocigosis es una estrategia que permitió mejorar la resistencia y caracteres agronómicos.

Palabras clave: *Triticum aestivum*, MAS, resistencia genética, *P. striiformis*.

INTROGRESSION OF *Yr5* AND *Yr15* RESISTANCE GENES TO YELLOW RUST IN BORLAUG 100 BREAD WHEAT CULTIVAR

Yerica Renata Valdez Rodríguez, M.C.
Colegio de Postgraduados, 2020

ABSTRACT

Wheat production (*Triticum aestivum* L.) is affected by yellow rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. This pathogen has the potential to cause yield losses of up to 100 % if susceptible cultivars are infected early. The best strategy for disease management is the use of resistant varieties. The objective of this study was to transfer the *Yr5* and *Yr15* genes to the Borlaug 100 variety and obtain resistant families while maintaining its agronomic characteristics. Three hundred eighty-nine families were obtained from two and three backcrosses between Borlaug 100 and Blanca Grande 515, and were evaluated in seedling against the CMEX14.25 race and in the adult stage under field conditions. The presence of genes was confirmed with SNP type molecular markers. In this study it was found that *Yr5* is found in heterozygous form in the donor parent according to the new available markers, so the number of positive lines to this gene was low compared to those positive for *Yr15*. The number of gene combinations found was lower than expected and no positive lines were found for the two genes of interest when a third backcross was performed. Of the total lines generated, three have the *Yr5* and *Yr15* genes in homozygous condition. One similar to Blanca Grande 515 and a last one with both genes in heterozygous condition. The methodology used that considers backcrossing, assisted selection with molecular markers and phenotypic selection towards homozygosis is a strategy that improves resistance and agronomic characteristics.

Keywords: *Triticum aestivum*, MAS, genetic resistance, *P. striiformis*.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada para realizar mis estudios de Maestría.

Al Colegio de Postgraduados por la oportunidad de realizar mis estudios de Maestría en especial al posgrado de Fitopatología, por todo el apoyo durante mi estancia.

Al Laboratorio Nacional de Royas y otras Enfermedades de Cereales (LANAREC) y al Programa de Mejoramiento de Trigo del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) por facilitar las instalaciones para realizar esta investigación.

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), al Programa de laboratorio de Mejoramiento Genético Molecular (BMW) por todas las facilidades otorgadas.

Al Dr. Sergio Sandoval Islas por el apoyo y los consejos brindados durante mi estancia en el Colegio de postgraduados.

Al Dr. Julio Huerta Espino por todo el apoyo y paciencia que permitieron conducir este trabajo de la mejor forma.

Al Dr. Héctor Eduardo Villaseñor Mir por su amistad, apoyo, disponibilidad y confianza brindada para continuar mi crecimiento profesional.

A la Dra. Olga Gómez Rodríguez por el apoyo brindado.

A la Dra. Susanne Dreisigacker y el personal del laboratorio de Mejoramiento Genético Molecular las facilidades y atenciones brindadas

A la Dra. María Florencia Rodríguez García por el apoyo brindado.

DEDICATORIA

A mis padres: Elsa y René

A Mayra

A Huizar y Santiago

Gracias por todo

CONTENIDO

RESUMEN.....	iii
ABSTRACT.....	iv
AGRADECIMIENTOS.....	v
DEDICATORIA.....	vi
LISTA DE CUADROS.....	ix
LISTA DE FIGURAS.....	x
I. INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
II. OBJETIVO.....	2
III. REVISIÓN DE LITERATURA.....	2
La roya amarilla en trigo.....	3
Importancia y distribución de <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	3
Clasificación taxonómica.....	5
El patógeno.....	6
Morfología.....	6
Ciclo biológico.....	6
Epidemiología.....	8
Virulencia de la roya amarilla.....	9
Genes de resistencia.....	10
Gen <i>Yr5</i>	11
Gen <i>Yr15</i>	11
Progenitores.....	12
Borlaug 100.....	12
Blanca grande 515.....	13
IV. MATERIALES Y MÉTODOS.....	14
Generación de líneas.....	14
Evaluación en planta adulta.....	16
Evaluación en plántula.....	17
Análisis molecular.....	19

V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	20
Evaluación en planta adulta.....	21
Evaluación en plántula	21
Análisis molecular	22
VI. CONCLUSIONES.....	29
VII. LITERATURA CITADA	30
ANEXOS.....	37
Anexo 1.....	37
Anexo 2.....	46
Anexo 3.....	47
Anexo 4.....	52

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Número y porcentaje de líneas con/sin selección positivas a los genes solos o en combinación, de acuerdo número de retrocruzas.....	23
Cuadro 2. Progenitores y líneas positivas a <i>Yr5a</i> , <i>Yr15</i> y/o <i>Yr17</i> en combinaciones deseables de los genes y su respuesta a la enfermedad en plántula y planta adulta.....	25

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Distribución <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> en el mundo.....	4
Figura 2. Ciclo de vida de <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> (Zheng <i>et al.</i> , 2013).....	8
Figura 3. Esquema de retrocruzas realizadas entre Borlaug 100 y Blanca Grande 515 para incorporar los genes <i>Yr5</i> y <i>Yr15</i> . BC=Retrocruza; MM= marcadores moleculares.	15
Figura 4. Escala de severidad 0-100 para evaluación en planta adulta (Roelfs <i>et al.</i> , 1992).....	16
Figura 5. Proceso siembra e inoculación para evaluación en plántula en el LANAREC: a) siembra, b) inoculación y c) generación de rocío para propiciar la germinación de esporas.....	17
Figura 6. Escala del 0-9 para medir el tipo de infección en plántula (basada en McNeal <i>et al.</i> , 1971; Huerta-Espino <i>et al.</i> , 2014b).....	18
Figura 7. Colecta de tejido vegetal para extracción de ADN. a) Corte de tejido foliar y b) hebras de ADN de muestras.....	19
Figura 8. Porcentaje y frecuencia de líneas sin selección con diferentes combinaciones de genes a partir de dos retrocruzas.	26
Figura 9. Porcentaje y frecuencia de líneas sin selección con diferentes combinaciones de genes a partir de tres retrocruzas.	27

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

El trigo (*Triticum aestivum* L.) se cultiva en casi todas las regiones del mundo, desde el ecuador hasta las tierras templadas (entre latitudes de 60 ° N y 44 ° S) y en altitudes de hasta 3,000 msnm (Singh *et al.*, 2008). En 2017 la producción mundial de trigo fue de 771,718,579 ton de las cuales México aportó 3,503,521 ton (FAOSTAT, 2019).

Las principales regiones productoras de trigo en México son el Noroeste donde se produce 67% del total nacional y El Bajío que contribuye con 25%. En ambas regiones el trigo se produce en condiciones de riego. El resto se produce en áreas de temporal, principalmente en los Valles Altos de México (SIAP, 2019). La producción de trigo es limitada por factores bióticos y abióticos; dentro de los primeros se encuentran las enfermedades fungosas y principalmente las ocasionadas por *Puccinia* spp. En México existen las condiciones favorables para el desarrollo de las tres royas: la roya del tallo, causada por el hongo *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*; la roya de la hoja causada por *P. triticina* y la roya amarilla causada por *P. striiformis* f. sp. *tritici* W. (Huerta-Espino *et al.*, 2014a).

La roya amarilla tiene el potencial de ocasionar pérdidas en el rendimiento de hasta 100 % si los cultivares susceptibles son infectados en etapas tempranas de crecimiento. Dependiendo de las condiciones ambientales, el desarrollo de nuevas razas del patógeno y el nivel de susceptibilidad de las variedades, las pérdidas pueden variar de 10 al 70 % (Begum *et al.*, 2014). El uso de cultivares resistentes es la mejor estrategia en el manejo de la enfermedad, ya que no ocasiona costos adicionales para el agricultor por el uso de fungicidas y es segura para el ambiente (Singh *et al.*, 2002; Dong *et al.*, 2017).

Se han identificado 78 genes que confieren resistencia a roya amarilla (*Yr*) (McIntosh *et al.*, 2017); una forma de incorporar estos genes en variedades de trigo es mediante cruza simple

y posteriormente retrocruzas. Con este método se pueden incorporar uno o más genes en una variedad y cuando se combina con el uso de marcadores moleculares, se aumenta en gran medida la eficiencia de la selección (Collard y Mackill, 2007).

El retrocruzamiento asistido por marcadores (MAB, por sus siglas en inglés), que también se ha utilizado para la incorporación de genes, es el enfoque más común para el mejoramiento de trigo (Gupta *et al.*, 2010). Entre las ventajas que ofrecen los marcadores moleculares es que no son afectados por las condiciones ambientales y son detectables en todas las etapas del crecimiento de la planta (Vagndorf *et al.*, 2018). La posterior utilización de este germoplasma para la piramidación de genes en nuevas variedades permite que la resistencia al patógeno sea más duradera (Begum *et al.*, 2014).

II. OBJETIVO

- Transferir en forma conjunta los genes *Yr5* y *Yr15* a la variedad Borlaug 100 para obtener familias resistentes portadoras de los genes *Yr5* y *Yr15* con características agronómicas similares a Borlaug 100.

III. REVISIÓN DE LITERATURA

El trigo se produce principalmente en las zonas templadas de Rusia, las Grandes Llanuras y el Pacífico Oeste de los Estados Unidos de América, el sur de Canadá, el Mediterráneo, el centro-norte de China, India, Pakistán, Argentina y el sur de Australia (Chen y Kang, 2017). En 2017 el país con mayor superficie sembrada en el mundo fue India (30,600,000 ha) sin embargo, China obtuvo una mayor producción (134,334,000 ton). A pesar de que en los últimos años la superficie

sembrada de trigo disminuyó, la producción se incrementó debido a los aumentos en el rendimiento (FAOSTAT, 2019). Desafortunadamente los rendimientos se ven afectados por patógenos como *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) causante de la roya amarilla.

La roya amarilla en trigo

La roya amarilla en trigo, también conocida como roya lineal, es causada por el hongo *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Roelfs *et al.*, 1992). Este patógeno está ampliamente distribuido en las regiones productoras de trigo y es un factor limitante en su producción mundial (Wellings, 2011), reportándose epidemias devastadoras ocasionadas por Pst (Chen y Kang, 2017). Las pérdidas en rendimiento se deben generalmente a la falta de llenado del grano, pero cuando la enfermedad es severa antes del embuche, también puede disminuir el número de macollos (Roelfs *et al.*, 1992).

Importancia y distribución de *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*

En el mundo, Pst está presente en más de 60 países (Figura 1). De acuerdo a la incidencia y severidad con la que se presente la enfermedad, puede ocasionar pérdida en el rendimiento del 1-10 % y hasta del 100 % en variedades muy susceptibles (Wellings, 2011; Begum *et al.*, 2014).

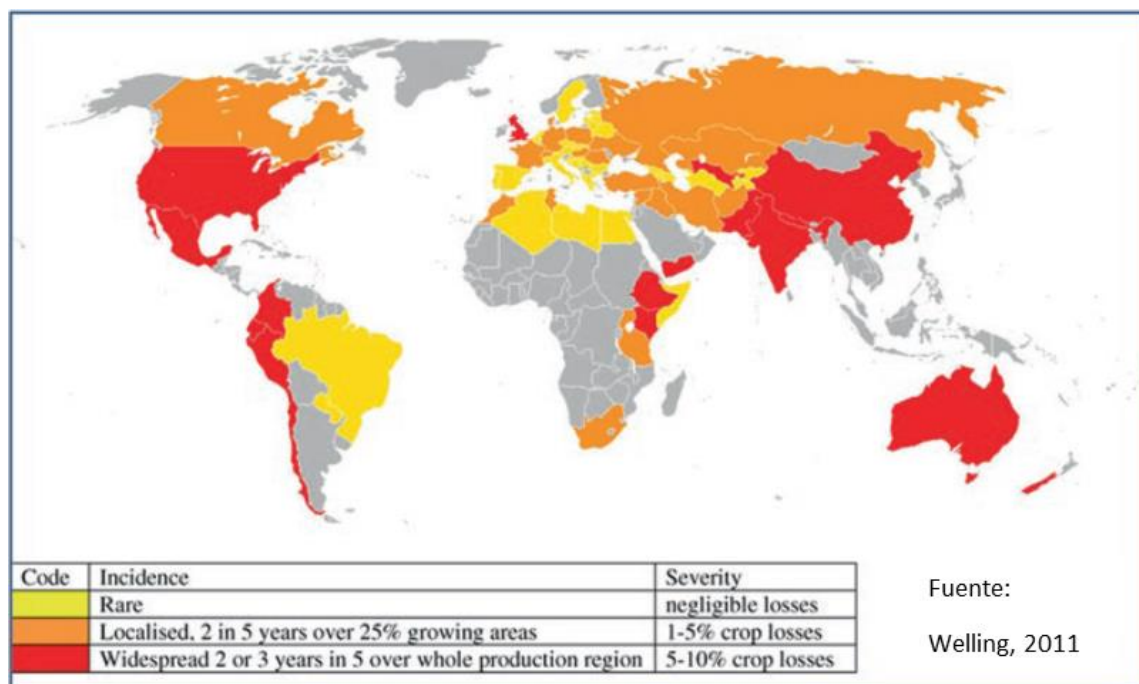


Figura 1. Distribución *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* en el mundo.

En México la roya amarilla está presente en todas las zonas productoras de trigo; en el estado de Sonora no se consideraba una enfermedad importante hasta el 2001, a partir de entonces, la diversidad de razas se incrementó año con año, con excepción del ciclo otoño-invierno 2008-2009 debido a que las condiciones fueron cálidas y secas en comparación con otros ciclos (Rodríguez-García *et al.*, 2009). En la región de El Bajío, se tienen datos de que la roya amarilla es importante desde que el trigo se cultiva bajo condiciones de riego durante el invierno, alcanzando 100 % de severidad en algunas variedades de trigo sembrado comercialmente (Solís *et al.*, 2007).

Durante los ciclos de otoño-invierno 2005-2006 y 2006-2007 Rodríguez-García *et al.* (2009) identificaron 26 razas en los estados de Baja California, Sonora, Jalisco y Guanajuato, siendo la 219MEX0 la más frecuente. Así mismo, en 2010, Rodríguez-García *et al.* en muestras

colectadas en los Valles Altos de México en los ciclos de cultivo P-V/2005, 2006 y 2007, identificaron 39 razas fisiológicas, siendo la raza más frecuente fue 219MEX0.

En 2014, se produjo una epidemia donde se identificaron los aislamientos CEVAMEX14.25 (CMEX14.25), MEX14.141 y MEX14.146, que fueron los responsables de vencer la resistencia de la variedad Luminaria F2012, recomendada para siembras en áreas de riego en El Bajío (Solís *et al.*, 2016) y Nana F2007, recomendada para siembras de temporal en México (Villaseñor *et al.*, 2014) en la que se reportaron pérdidas en rendimiento de hasta 84 % (Díaz-Ceniceros *et al.*, 2018).

Clasificación taxonómica

Dominio: *Eukaryota*

Reino: *Fungi*

Phylum: *Basidiomycota*

Clase: *Pucciniomycetes*

Orden: *Pucciniales*

Familia: *Pucciniaceae*

Género: *Puccinia*

Especie: *P. striiformis* f. sp. *tritici*

CABI, 2019

El patógeno

Puccinia striiformis Westend. es una de las 4000 especies perteneciente al género *Puccinia* (Kirk *et al.*, 2008). El nombre científico de la especie se cambió varias veces antes el; inicialmente su fase uredinial fue descrita como *Uredo glumarum* por Schmidt a principios del siglo XIX, posteriormente ocurrieron varios cambios. Antes de 1950 el nombre más utilizado para este hongo en la literatura era *Puccinia glumarum* y en 1956 Cummins y Stevenson le designaron el nombre *P. striiformis*. Desde la década de 1950, *P. striiformis* es el nombre que se le otorga al hongo que causa la roya amarilla en cereales y gramíneas (Chen y Kang 2017).

Morfología

P. striiformis es una roya macrocíclica y heteroica (Roefls *et al.*, 1992). Las pústulas urediniales individuales son oblongas, de 0.4–0.7 mm de largo y 0.1 mm de ancho. Las urediniosporas son elipsoidales-ovoides, de $24.5 \times 21.6 \mu\text{m}$, de color amarillo a naranja, equinuladas, y con 6–18 poros germinales. Las telias son pulvinadas a oblongas, 0.2–0.7 mm de largo y 0.1 mm de ancho. Las teliosporas son predominantemente bicelulares, de color café oscuro con paredes gruesas, en su mayoría oblongo-clavadas, $31\text{--}56 \times 14\text{--}25 \mu\text{m}$ de largo y ancho, y redondeadas o aplanadas en el ápice (Chen *et al.*, 2014).

Ciclo biológico

El ciclo biológico completo de Pst comprende cinco etapas de esporas. Etapa 0: picnias y etapa I: aceia; ocurren en hospedantes alternos *Berberis* spp. (Jin *et al.*, 2010) y *Mahonia* spp. (Wang y Chen, 2013); sin embargo, la presencia de roya amarilla en hospedantes alternos es poco común y

no ocurre de manera natural en Europa (Berlín *et al.*, 2012) y Estados Unidos de América (Wang *et al.*, 2015), aunque se ha reportado que juega un papel importante en China, Nepal y Pakistán (Zhao *et al.*, 2013; Ali *et al.*, 2014; Khan *et al.*, 2019). Las etapas II (uredinia), III (telia) y IV (basidios, también llamados promicelio) ocurren en los hospedantes primarios como cereales y pastos (Chen y Kang, 2017).

La enfermedad se reduce a la repetición del ciclo asexual de Pst, desde la infección de plantas de trigo por urediniosporas hasta la producción de las próximas generaciones de urediniosporas. Comienza con la fuente de inóculo, dispersión de esporas y el aterrizaje sobre las plantas hospedantes. Una vez sobre la superficie de la hoja, se lleva a cabo el proceso de infección en el que se incluye la germinación de esporas, penetración, formación de haustorio, crecimiento de hifas infecciosas, diferenciación de la estructura de reproducción y finaliza con la esporulación. La infección de una urediniospora produce numerosas uredinias, cada una de las cuales libera miles de urediniosporas. Cuando las condiciones de temperatura son óptimas, los síntomas de la enfermedad (clorosis) se pueden observar alrededor de siete días después de la llegada del inóculo (Chen y Kang, 2017).

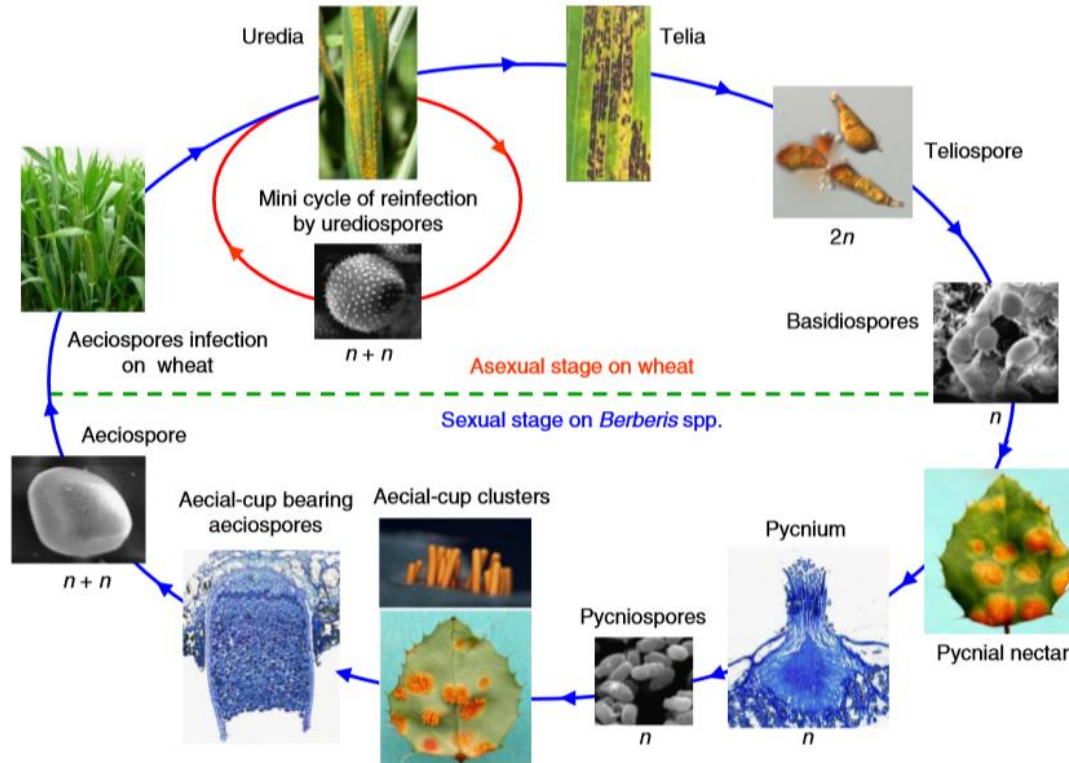


Figura 2. Ciclo de vida de *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Zheng *et al.*, 2013)

Epidemiología

El desarrollo y la propagación de la roya depende de tres características importantes del clima que incluyen viento, humedad y temperatura (Chen, 2005).

Las urediniosporas del hongo pueden dispersarse a través del viento por miles de kilómetros en pocos días. En 1934, Stakman demostró el movimiento estacional de urediniosporas del patógeno de la roya del tallo del trigo desde el norte de México a través de las Grandes Llanuras de los Estados Unidos hasta Canadá. Esta ruta de dispersión fue definida como la "Ruta de *Puccinia*". *Pst* también mostró patrones de ocurrencia similares desde Texas hasta Canadá (Wan y Chen, 2012).

Las urediniosporas requieren al menos tres horas de humedad continua en la superficie de la planta para causar la infección (Rapilly, 1979). La humedad induce la germinación de esporas, sin embargo, también puede afectar la viabilidad de las esporas ya que la pierden rápidamente en ambientes de alta humedad que en condiciones secas (Chen, 2005).

De los tres patógenos de las royas del trigo, Pst es el que requiere temperaturas más bajas para desarrollarse (Roelfs *et al.*, 1992); las temperaturas óptimas para el desarrollo del patógeno van de 3° C hasta 20° C (Line, 2002). Sin embargo, se ha observado que existen razas que se adaptan a temperaturas más cálidas (Milus *et al.*, 2009).

Virulencia de la roya amarilla

Se han identificado 78 genes (*Yr*) que confieren resistencia a las diferentes razas de roya amarilla. La mayoría de ellos son de raza específica, excepto *Yr18/Lr34/Sr57* (Singh, 1992), *Yr29/Lr46/Sr58* (William *et al.*, 2003), *Yr46/Lr67/Sr55* (Herrera-Foessel *et al.*, 2011), *Yr30/Sr2/Lr27* (Singh *et al.*, 2000) y *Yr36* (Uauy *et al.*, 2005).

En la última década se han reportado epidemias en diferentes regiones del mundo incluyendo el centro y oeste de Asia y norte y este de África (Ali *et al.*, 2017), así como en Europa la raza Warrior (virulenta a: *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr32*, *YrSp*) que se identificó por primera vez en 2011 en el Reino Unido (Hubbard *et al.*, 2015)

Ali *et al.* (2017) llevaron a cabo un estudio en el que se colectaron 887 aislados de 35 países durante 2009-2015, los cuales pertenecen a 79 razas diferentes y los genes *Yr5* y *Yr15* fueron los únicos a los que no se les observó virulencia. Aunque en 1986 Nagarajan *et al.* reportaron virulencia a *Yr5* en India y Australia, y posteriormente Wellings en 2007 reportó un

aislamiento virulento en Australia. En la actualidad se considera que ninguna raza es virulenta a *Yr5* y *Yr15* (Sharma-Poudyal *et al.*, 2013; Ali *et al.*, 2017; Wang *et al.*, 2018)

En México, el aislado MEX 96.11 (virulento a *Yr2*, *Yr3*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9* y *Yr27*) era el más común hasta el 2001, para el año 2003 una raza con virulencia a *Yr8* se observó ampliamente distribuida y evolucionó venciendo la resistencia de *Yr1*. Para el año 2008, variantes virulentas a *Yr17* y *Yr31* ya habían sido detectadas (Huerta-Espino *et al.*, 2015).

Rodríguez-García *et al.*, (2009 y 2010) reportaron virulencia para los genes *Yr1*, 2, 3, 6, 7, 8, 9, 17, 27, *Poll* y A y avirulencia para los genes *Yr5*, 10, 15, 24, 26 y *SP* en los Valles Altos de México y las principales regiones productoras de trigo de riego.

En 2014 se identificaron los aislados CEVAMEX14.25 (CMEX14.25) y MEX 14.141 virulentos a *Yr2*, *Yr3*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr8*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr27* y *Yr31* ocasionando pérdidas en los rendimientos. El patógeno continuó evolucionando, ya que posteriormente aislados identificados como MEX16.03 y MEX16.04 también mostraron virulencia a *Yr10* y *Yr24*, quedando efectivos los genes *Yr1*, *Yr5*, *Yr15*, *YrSP* (Huerta-Espino y Singh, 2017).

Genes de resistencia

La resistencia de raza específica también se conoce como resistencia de gen por gen, de genes mayores, resistencia de plántula y más recientemente como resistencia de todas las etapas de crecimiento. Los genes de resistencia a raza específica se reconocen por los niveles de resistencia altos (Rajaram *et al.*, 2002). Esta resistencia se extiende desde la etapa de plántulas hasta las etapas adultas y está controlada por los genes mayores, sin embargo, puede ser fácilmente vencida por la aparición de nuevas variantes de un patógeno (McDonald y Linde, 2002).

Con un buen manejo, los genes mayores se han utilizado con éxito considerable para controlar la roya del tallo en América del Norte (Kolmer *et al.*, 2009). El éxito a largo plazo de los genes mayores se debe en gran parte al uso de variedades que portan varios genes efectivos contra la mayoría de las razas de roya locales (Ellis *et al.*, 2014); otro factor importante en ese éxito es que los programas de mejoramiento monitorean la virulencia de las razas de patógenos de las royas (Singh *et al.*, 2011).

Entre los genes que confieren resistencia a la roya amarilla, hay algunos provenientes de especies relacionadas o parientes silvestres del trigo, por ejemplo: *Yr5* de *Triticum spelta*; *Yr8* de *Aegilops comosa*; *Yr9* de *Secale cereale*; *Yr15*, *Yr35* y *Yr36* de *T. dicoccoides*; y *Yr17* de *Ae. ventricosa* (Chen y Kang, 2017).

Gen *Yr5*

El gen *Yr5* fue descrito por Macer (1966) en *Triticum spelta* var. *album*, que se encuentra localizado en el brazo largo del cromosoma 2B, a 21 cM de centrómero (Law, 1976).

Marchal *et al.* (2018) clonaron *Yr5* y mostraron que es alélico a *YrSP* y parálogo a *Yr7*. Además, el análisis de secuencia reveló que *Yr5* (en adelante referido como *Yr5a*) pertenece a un grupo complejo de genes de resistencia que codifican para proteínas que contienen un sitio central de unión a nucleótidos y repeticiones ricas en leucina (NLR) con dominio dedos de zinc tipo BED.

Gen *Yr15*

El gen *Yr15* fue descubierto en la década de 1980 en la accesión G25 de *Triticum dicoccoides* (Gerechter-Amitai *et al.*, 1989) y está localizado en el brazo corto del cromosoma 1B (Sun *et al.*,

1997). Este gen codifica para una proteína compuesta de dominios putativos de quinasa y pseudoquinasa en tándem (Klymiuk *et al.*, 2018).

La resistencia de *Yr5a* no se había utilizado en cultivares comerciales de trigo durante mucho tiempo después de su identificación hasta hace poco. En el caso de *Yr15*, desde de la introgresión inicial en Israel (Gerechter-Amitai *et al.*, 1989), los programas de mejoramiento en todo el mundo han utilizado las líneas resultantes como fuente para la introgresión del gen en variedades de trigo duro y harinero (Chen y Kang, 2017).

Actualmente el uso de variedades comerciales como fuente de resistencia a enfermedades es una práctica común en casi todos los programas de mejoramiento. Variedades con los genes *Yr5a* y *Yr15* como Blanca Grande 515, Clearwhite 515, Patwin 515, Summit 515 y Seahawk fueron liberadas en Estados Unidos de América y seleccionadas mediante el apoyo de técnicas moleculares que permite una selección eficiente (Chen y Kang, 2017).

El método de retrocruzas es el más adecuado para transferir un gen (o unos pocos genes) a una variedad adaptada (elite, comercial), de modo que el único cambio en el cultivar elite se deba a los genes transferidos (Acquaah, 2012). Adicionalmente, se puede llevar a cabo selección asistida por marcadores (MAS) pues permite acelerar el mejoramiento tradicional al emplear marcadores moleculares. Los genes deseables pueden fijarse en las primeras generaciones del programa de mejoramiento (Vagndorf *et al.*, 2018)

Progenitores

Borlaug 100

Borlaug 100 (Bor100) es una variedad de trigo harinero de hábito de crecimiento primaveral, que se originó de la selección en poblaciones segregantes de la crusa

ROELFS07/4/BOW/NKT//CBRD/3/CBRD/5/FRET2/TUKURU//FRET2, llevada a cabo por el Programa de Trigo Harinero del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), y de su posterior selección por el Programa de Mejoramiento Genético de Trigo del INIFAP del Campo Experimental Norman E. Borlaug (Camacho-Casas *et al.*, 2017).

Es una variedad con potencial de rendimiento alto, resistencia a enfermedades y aceptable calidad para la elaboración de pan (Camacho-Casas *et al.*, 2017).

Bor100 posee el gen de resistencia *Yr17* proveniente de *Aegilops ventricosa* y para el cual no hay virulencia total en las poblaciones actuales de roya amarilla (Huerta-Espino comunicación personal). En plántula, Bor100 es moderadamente susceptible, pero casi inmune a ciertas razas de roya amarilla, con excepción de la raza MEX18.191 que es virulenta en plántula. En planta adulta muestra una infección de 40MR a 60MR en la escala del 0-100.

Blanca grande 515

Blanca Grande 515 (BG515) fue originada de la cruce BLANCA-GRANDE/5*Yr5_and_Yr15 (GRIS, 2017). Es una variedad de hábito de crecimiento primaveral que fue liberada por Resource Seeds, Inc en 2010. Los genes de resistencia *Yr5a* y *Yr15* fueron introducidos por cuatro generaciones de retrocruzamiento en el cultivar susceptible Blanca Grande y luego se combinaron mediante selección asistida por marcadores en la Universidad de California (UC) en Davis. Resource Seeds Inc. seleccionó las mejores líneas entre las líneas BC4F2 homocigotas para los dos genes (Jackson, 2011).

Esta variedad es resistente a las razas prevalentes del patógeno de la roya presente en California. Presenta resistencia a roya amarilla y de la hoja, pero es susceptible al tizón foliar causado por *Septoria tritici*. Fue evaluada en el programa de Pruebas de Cereales Regionales de

UC en 2010 y 2011 para la siembra de otoño tardío en el Valle Central, las áreas circundantes, la región de la costa centro-sur y las áreas desérticas del sur de California (Jackson, 2011).

IV. MATERIALES Y MÉTODOS

Generación de líneas

Se utilizó como progenitor donador de los genes de resistencia a roya amarilla *Yr5a* y *Yr15* a la variedad BG515 y como progenitor recurrente a Bor100. Se emasclaron espigas de Bor100 y se polinizaron con la variedad BG515 de donde se derivaron plantas F_1 que se retrocruzaron con Bor100 para producir las semillas BC_1 . Se realizó selección en la generación BC_1F_1 para el gen *Yr15* mediante marcadores moleculares (MM). Las plantas positivas se retrocruzaron a Bor100 para generar semillas BC_2F_1 y nuevamente se seleccionaron mediante el uso de marcadores moleculares las positivas a *Yr15*. Posteriormente, las plantas seleccionadas se retrocruzaron a Bor100 para generar semillas BC_3F_1 (Figura 3).

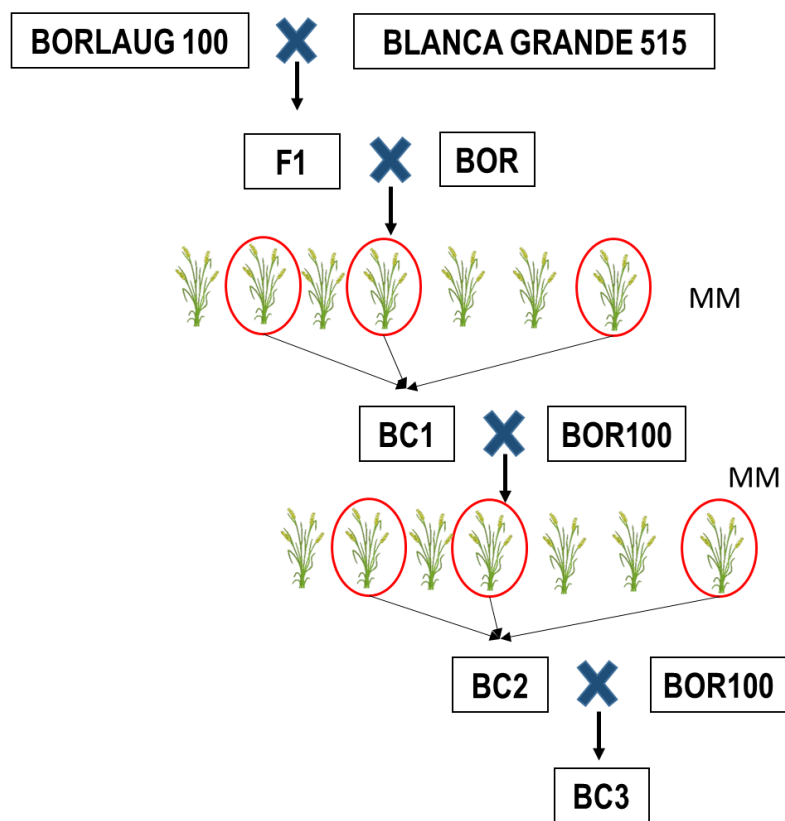


Figura 3. Esquema de retrocruzadas realizadas entre Borlaug 100 y Blanca Grande 515 para incorporar los genes *Yr5* y *Yr15*. BC=Retrocruza; MM= marcadores moleculares.

En caso de las dos retrocruzadas, en la F₁ (Bor100*2/BGde515) se seleccionaron 135 plantas que fueron avanzadas hacia homocigosis a través de la siembra de familia por surco, de tal manera que se derivaron 135 líneas F₆. También en esta retrocruza en la F₂ fueron seleccionadas en base a su resistencia a roya amarilla y características agronómicas un número indefinido de plantas que fueron cosechadas masalmente, proceso que se repitió hasta la generación F₄; en la generación F₅ fueron seleccionadas cuatro plantas que derivaron cuatro líneas en F₆.

En caso de las tres retrocruzadas, en la F₂ (Bor100*3/BGde515) se seleccionaron 246 plantas que fueron avanzadas hacia homocigosis a través de la siembra de familia por surco, de

tal manera que se derivaron 246 líneas F₅. En esta retrocruza también en base a su resistencia a roya amarilla y características agronómicas fue seleccionado un número indefinido de plantas que fueron cosechadas masalmente hasta derivar en F₅ cuatro líneas.

Evaluación en planta adulta

Las líneas obtenidas y progenitores fueron evaluados en etapa de planta adulta durante el ciclo Primavera-Verano 2017 en Chapingo, México en el Campo Experimental Valle de México del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP-CEVAMEX), bajo incidencia natural de roya amarilla y se evaluó la severidad de acuerdo a la escala de 0-100 (Figura 4) (Roelfs *et al.*, 1992).

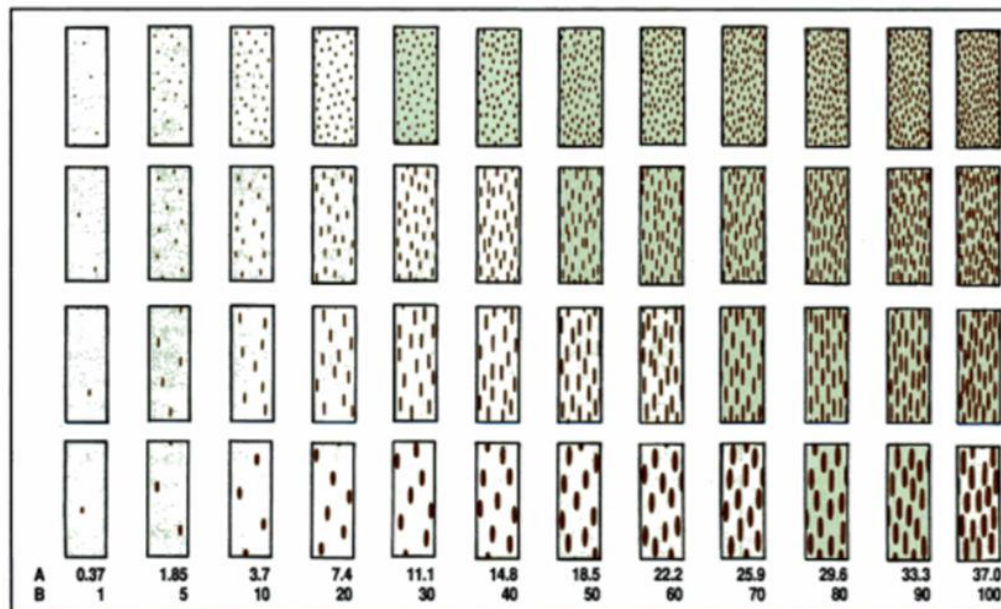


Figura 4. Escala de severidad 0-100 para evaluación en planta adulta (Roelfs *et al.*, 1992).

Evaluación en plántula

Se evaluó la resistencia de las familias F₅ y F₆ en el Laboratorio Nacional de Royas y Otras Enfermedades de Cereales (LANAREC) del INIFAP-CEVAMEX, bajo condiciones de invernadero, se realizaron dos repeticiones.

Las familias se sembraron en charolas de plástico de 20 × 30 × 6 cm, mismas que se llenaron con tierra estéril, se marcaron pequeños orificios y se colocaron 8 semillas por familia, cada charola con 25 familias. Posteriormente, 14 días después de la siembra, las plántulas se inocularon con una suspensión de urediniosporas de la raza de roya amarilla CMEX14.25, cuya fórmula de avirulencia/virulencia es *Yr1, 5a, 5b, 10, 15, 24, 26, Poll/Yr2, 3, 6, 7, 8, 9,17, 27, 31, 32* (Huerta-Espino *et al.*, 2015). Las urediniosporas fueron suspendidas en aceite mineral (Soltrol®) y asperjadas con un atomizador conectado a un compresor eléctrico.

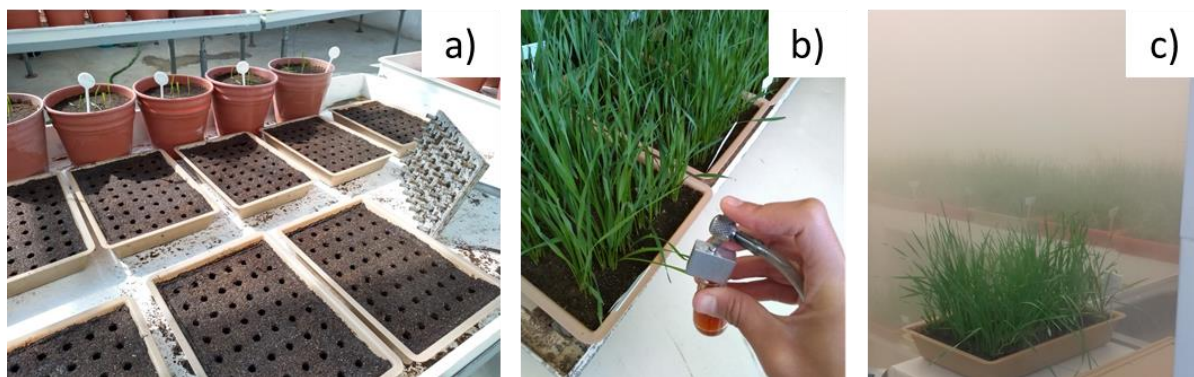


Figura 5. Proceso siembra e inoculación para evaluación en plántula en el LANAREC: a) siembra, b) inoculación y c) generación de rocío para propiciar la germinación de esporas.

Las plántulas inoculadas se colocaron en una cámara de incubación con temperaturas de 4° C por 24 h y rocío al 100 % por 1 h. Posteriormente, se trasladaron al invernadero y después de 15 días de la 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.

En la evaluación se incluyeron: BG515, Bor100, Summit 515 y genotipos diferenciales con *Yr5a* y *Yr15* como testigos. Adicionalmente, se sembró e inoculó con la misma raza el conjunto de 42 diferenciales para roya amarilla.

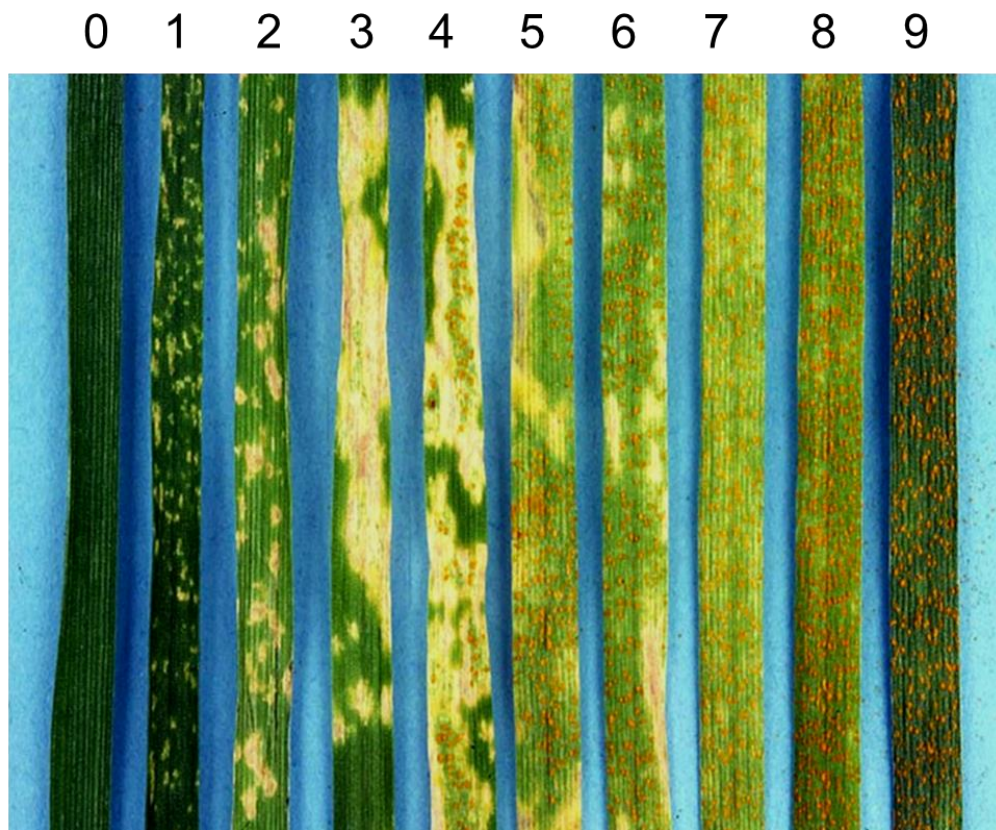


Figura 6. Escala del 0-9 para medir el tipo de infección en plántula (basada en McNeal *et al.*, 1971; Huerta-Espino *et al.*, 2014b).

Análisis molecular

El análisis molecular se llevó a cabo en el laboratorio de Biotecnología del Programa de Mejoramiento Molecular del Trigo en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

Para hacer la extracción de ADN se colectaron porciones del tejido foliar de plántulas de 139 líneas con dos retrocruzas y 250 líneas con tres retrocruzas, que se colocaron en tubos de 1.1 mL en placas de 96 tubos. Posteriormente, se almacenaron en un congelador a -80°C por tres horas 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 horas. Se molió el tejido colocando balines de 4 mm por 2 o 3 min hasta obtener el polvo utilizando un molino (GenoGrinder 2010).

La 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).

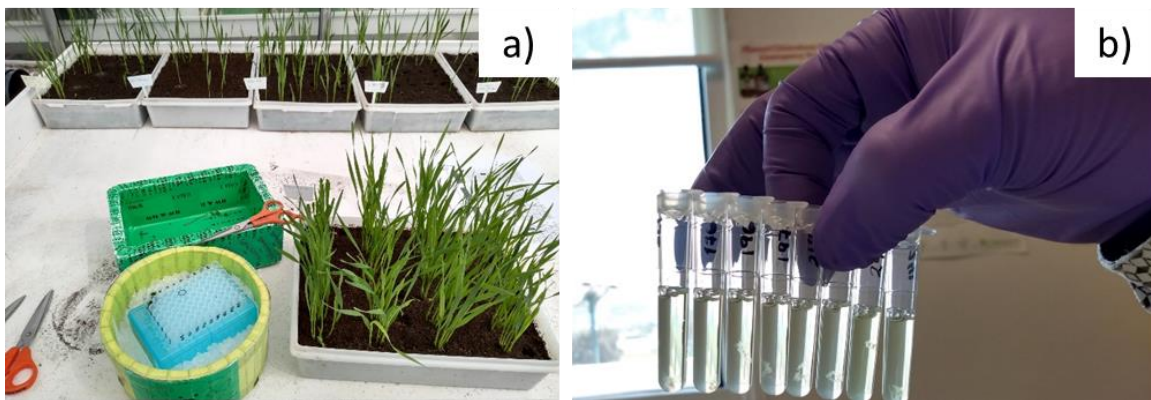


Figura 7. Colecta de tejido vegetal para extracción de ADN. a) Obtención de tejido foliar y b) hebras de ADN de muestras

Para detectar la presencia de los genes se utilizaron los marcadores tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphism) Y5/SPKASP3 y Yr5New para el gen *Yr5a* (Marchal *et al.*, 2018), Yr15-R5 y Yr15-R8 para el gen *Yr15* (Ramírez-González *et al.*, 2015). Adicionalmente se

utilizaron los marcadores Ventriup +Ln tipo STS (Sequence-Tagged Sites) y VPM_SNP tipo SNP (Helguera *et al.*, 2003) para constatar la presencia del gen *Yr17* que posee Bor100.

En el caso de los marcadores SNP se utilizó la tecnología de genotipificación Kompetitive Allele Specific PCR genotyping system, donde se utilizaron muestras control FAM y VIC correspondientes a los alelos positivo y negativo, HET (heterocigotos) y muestra blanco (agua), se ejecutó con la temperatura de amplificación de acuerdo con las condiciones necesarias para cada marcador (Dreisigacker *et al.*, 2016). La lectura de las placas del producto de PCR se realizó en un lector de placas fluorescentes BMG Pherastar Plus y para la visualización geográfica de datos genotípicos se utilizó el Software KlusterCallerTM. 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 portan el alelo.

Para el marcador Ventriup +Ln del gen *Yr17* se incluyeron los testigos Avocet (control negativo) y Milán (control positivo), y las condiciones para la amplificación fueron de acuerdo a Dreisigacker *et al.* (2016). Las muestras se colocaron en un gel de agarosa al 2.0 %, se utilizó 1X TBE (Tris-Borato EDTA) para la preparación del gel y como buffer de electroforesis. Las bandas amplificadas se tiñeron con bromuro de etidio y se observaron con luz ultravioleta.

V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvieron 139 líneas a partir de dos retrocruzas, de las cuales, en 135 no se aplicó ningún criterio de selección y las restantes se seleccionaron en base a criterios fitopatológicos y agronómicos deseables. De igual forma, con tres retrocruzas se obtuvieron 250 líneas donde 246 fueron sin selección y cuatro con selección (389 líneas en total).

Evaluación en planta adulta

Del total de líneas evaluadas, 74 % (287 líneas) mostraron lecturas de 0 a 10 % en la escala de severidad de la enfermedad y de éstas en el 56 % (163 líneas) se registró lectura de 0. El resto tuvo lecturas entre 15 y 70, siendo esta última la lectura máxima registrada. La variedad Bor100 registró lectura de 10 % de infección, observándose que las 163 líneas con lectura 0 pueden ser resultado de la introgresión del *Yr5a*, *Yr15* o ambos. Por otra parte, en estas 163 líneas se observaron fenotipos semejantes a Bor100, incluso algunos con expresiones fenotípicas superiores a la variedad.

Evaluación en plántula

Los resultados de la evaluación en estado de plántula mostraron 300 líneas resistentes, es decir, en las que se registró un tipo de infección entre 0 y 6 en la escala McNeal *et al.* (1971). Los 89 restantes fueron susceptibles a la raza evaluada. BG515 mostró un tipo de infección de 0, mientras que Bor100 tuvo 6. La raza CMEX14.25 es avirulenta a los genes *Yr1*, *5a*, *5b*, *10*, *15*, *24* y *Poll* (Huerta-Espino *et al.*, 2015). Cuando los genes *Yr5a* y *Yr15* están presentes, se esperan lecturas de 0 en plántula en la escala de evaluación de McNeal *et al.* (1971). Fenotípicamente no se puede distinguir una línea portadora de *Yr5a* de otras portadoras de *Yr5a*, *Yr15*, otro gene de resistencia o genes en combinación, porque cuando existe más de uno, el de mayor efecto es epistático al de efecto menor (el tipo de infección que se observa es el que proporciona mayor nivel de resistencia) (Huerta-Espino *et al.*, 2003). Además, no se han identificado razas de roya amarilla virulentas a *Yr5a* y *Yr15*, por lo anterior se utilizaron marcadores moleculares para identificar las líneas portadoras de *Yr5a* y *Yr15* de forma individual o en conjunto.

Análisis molecular

Los marcadores moleculares asociados a los genes *Yr5a*, *15* y *17* permitieron identificar líneas con los genes de resistencia a roya amarilla en sus diferentes combinaciones (Cuadro 1). Se encontró que 23 líneas fueron negativas para los tres genes, 11 provienen de tres retrocruzas y 12 a partir de dos retrocruzas, todas ellas pertenecientes al grupo en el que no se realizó selección.

De las 246 líneas generadas a partir de tres retrocruzas sin selección, una fue positiva sólo a *Yr5a* y dos positivas sólo a *Yr15*. Aquellas que fueron positivas únicamente a *Yr17* son las que se encontraron en mayor cantidad (168 líneas) lo que representa 68.3 % del total de líneas de este grupo.

No se encontraron líneas con la combinación *Yr5a+Yr15*, pero si hubo ocho con *Yr5a+Yr17*. El segundo grupo con mayor cantidad de líneas fue el conformado por las 39 líneas positivas a *Yr15+Yr17*, las cuales representan 15.9 %. El gen que se encontró un mayor número de veces en estado heterocigoto fue *Yr15*, diez líneas en combinación con *Yr17* y una negativa para los *Yr5a* y *Yr17*. También se encontraron tres líneas con *HetYr5a* y *Yr17* en estado homocigoto en forma conjunta. Las tres restantes fueron *HetYr17* y negativas para los otros dos genes.

Cuadro 1. Número y porcentaje de líneas con/sin selección positivas a los genes solos o en combinación, de acuerdo número de retrocruzas

Gen/Combinación de genes	Sin selección				Con selección			
	BOR*3/ BG515	%	BOR*2/ BG515	%	BOR*3/ BG515	%	BOR*2/ BG515	%
Ninguno	11	4.5	12	8.9	-	-	-	-
Yr5a	1	0.4	-	-	-	-	-	-
Yr15	2	0.8	4	3.0	-	-	-	-
Yr17	168	68.3	48	35.6	-	-	-	-
Yr5a+Yr15	-	-	1	0.7	-	-	-	-
Yr5a+Yr17	8	3.3	14	10.4	-	-	-	-
Yr15+Yr17	39	15.9	22	16.3	4	100	2	50
Yr5a+Yr15+Yr17	-	-	2	1.5	-	-	1	25
HetYr5a	-	-	7	5.2	-	-	-	-
HetYr15	1	0.4	-	0.0	-	-	-	-
HetYr17	3	1.2	2	1.5	-	-	-	-
HetYr5a+Yr17	3	1.2	12	8.9	-	-	-	-
HetYr5a+Yr15+Yr17	-	-	1	0.7	-	-	-	-
HetYr15+Yr17	10	4.1	5	3.7	-	-	1	25
HetYr17+Yr15	-	-	3	2.2	-	-	-	-
HetYr5a+HetYr17	-	-	1	0.7	-	-	-	-
HetYr5a+HetYr15+Yr17	-	-	1	0.7	-	-	-	-
Total	246	100	135	100	4	100	4	10

Het= Heterocigoto

Al hacer dos retrocruzas se obtuvieron líneas con más combinaciones de genes, en este grupo nuevamente la mayor cantidad de líneas fueron positivas para *Yr17* (48 líneas), y no se detectaron líneas positivas solo a *Yr5a* y positivas solo a *Yr15* se observaron cuatro. La segunda combinación más frecuente fue *Yr15+Yr17* con 22 líneas que representan el 16.3 %, seguida de *Yr5a+Yr17* con 14 líneas. La combinación de *HetYr5a+Yr17* se encontró 12 veces, mientras que las líneas con sólo el gen *HetYr5a* fueron siete. Las combinaciones *HetYr15+Yr17* y *HetYr17+Yr15* se encontraron en cinco y tres líneas, respectivamente.

La combinación *Yr5a+Yr15+Yr17* se encontró en dos líneas, otras dos *HetYr17* y negativas para los otros dos genes. Solamente se encontró una línea para cada una de las siguientes combinaciones *Yr5a+Yr15*, *HetYr5a+Yr15+Yr17*, *HetYr5a+HetYr17*, *HetYr5a+HetYr15+Yr17*.

Las líneas derivadas cuando se hizo selección fueron ocho, cuatro de ellas a partir de tres retrocruzas fueron positivas para *Yr15+Yr17*, también se encontró esta combinación en dos líneas provenientes de dos retrocruzas. Las dos líneas restantes fueron positivas para los tres genes y la combinación *HetYr15+Yr17*, respectivamente.

Se calcularon los coeficientes de correlación para los dos marcadores asociados a cada gen y se obtuvieron valores de $r=0.80$ para los marcadores Yr15-R5 y Yr15-R8 usados en la detección de *Yr15*; $r=0.89$ para Y5/SPKASP3K y Yr5New usados para *Yr5a*; $r=0.83$ Ventriup+Ln y VPM_SNP. En el caso de los marcadores asociados a *Yr17* se prefiere VPM_SNP ya que ofrece la ventaja sobre Ventriup+Ln de detectar heterocigotos.

Las líneas de mayor interés en este estudio son aquellas que poseen los genes *Yr5a* y *Yr15* y corresponden a las entradas 358, 368 y 395 (Cuadro 2). Sin embargo, las entradas 297 y 344 presentan uno o dos de los genes en estado heterocigoto, lo que fenotípicamente se observa como resistente desde plántula por ser genes mayores y dominantes (Gerechter-Amitai *et al.*, 1989; Marchal *et al.*, 2018).

Cuadro 2. Progenitores y líneas positivas a *Yr5a*, *Yr15* y/o *Yr17* en combinaciones deseables de los genes y su respuesta a la enfermedad en plántula y planta adulta

No.	Genotipo	Marcadores moleculares							
		Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SPKASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	P	PA
388	Blanca Grande 515	Yr15+	Yr15+	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
390	Borlaug 100	Yr15-	Yr15-	Yr5a-	Yr5a-	VPM+	Yr17+	6+	10
297	Bor100*2/BGde515.242	Het	Het	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
344	Bor100*2/BGde515.278	Yr15+	Yr15+	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
358	Bor100*2/BGde515.291	Yr15+	Yr15+	Yr5a+	Yr5a+	VPM-	Yr17-	0	0
368	Bor100*2/BGde515.299	Yr15+	Yr15+	Yr5a+	Yr5a+	VPM+	Yr17+	0	0
395	Bor100*2/BGde515(468)	Yr15+	Yr15+	Yr5a+	Yr5a+	VPM+	Yr17+	0	0

P= respuesta a la enfermedad en plántula; PA= respuesta a la enfermedad en planta adulta

Bor100 no posee *Yr5a* o *Yr15*, pero si *Yr17* lo cual explica el gran porcentaje de líneas positivas para este gen (Figuras 8 y 9), esto se debe a que es el progenitor recurrente y gran parte de su genoma es recuperado, sobre todo en la tercera retrocruza (68.3 %).

El gen *Yr17* fue encontrado en *Triticum ventricosum*, se encuentra en el brazo corto del cromosoma 2A y está ligado a los genes *Lr37* y *Sr38* que confieren resistencia a roya de la hoja y roya del tallo, respectivamente (Bariana y McIntosh, 1993). Genotipos con *Yr17* han sido utilizados en muchos programas de mejoramiento de trigo en Europa. Virulencia para este gen fue encontrada desde 1994 en Inglaterra y se extendió por norte y oeste de Europa en los años siguientes (Chen y Kang, 2017).

Actualmente, aislamientos virulentos para este gen están distribuidos en Kazajastán, Líbano, Siria, Irán, Sudáfrica (Wellings *et al.*, 2009), Australia, Canadá, Chile, China, Hungría, Kenia, Nepal, Pakistán, Turquía, Uzbekistán, Estados Unidos (Sharma-Poudyal *et al.*, 2013) y México (Rodríguez-García *et al.*, 2009).

Este gen puede proporcionar resistencia contra varias razas de roya amarilla si se usa en combinación con otros genes (Iqbal *et al.*, 2016), como es el caso del presente estudio en donde está en combinación con el *Yr5a*, *Yr15* o ambos.

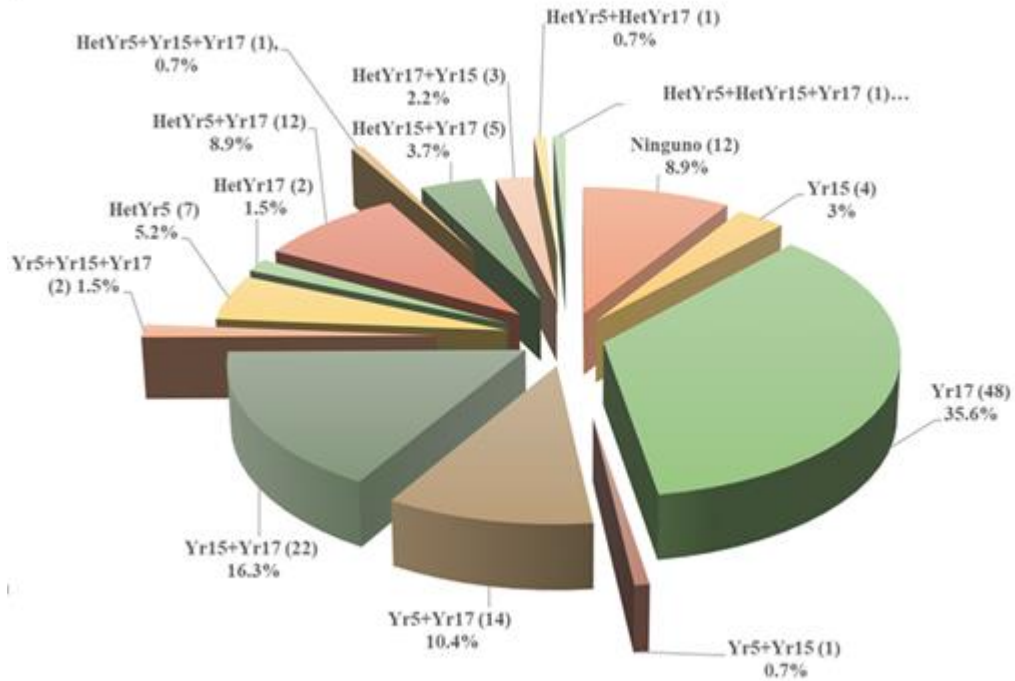


Figura 8. Porcentaje y frecuencia de líneas sin selección con diferentes combinaciones de genes a partir de dos retrocruzas.

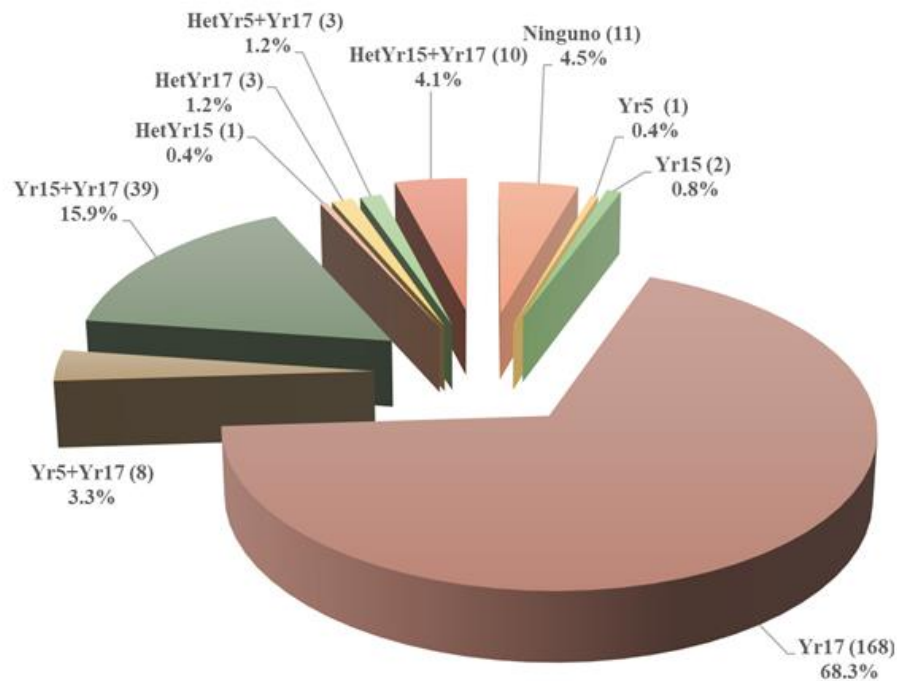


Figura 9. Porcentaje y frecuencia de líneas sin selección con diferentes combinaciones de genes a partir de tres retrocruzas.

A pesar de que Jackson (2011) reporta que BG515 posee *Yr5a* y *Yr15* en condición homocigota, en este estudio se encontró que *Yr5a* se encuentra en forma heterocigota (Cuadro 2), razón por la cual el número de líneas positivas a este gen fue bajo en comparación con las positivas a *Yr15* (Cuadro 1). Además, en la etapa de las retrocruzas no se utilizaron marcadores para detectar *Yr5a*, ya que la mayoría de los marcadores previamente reportados no mostraron ser de diagnóstico cuando se probaron en diversas fuentes de germoplasma (Naruoka *et al.*, 2016).

El número de combinaciones de genes encontradas fue menor cuando se realizó una tercer retrocruza (Figuras 8 y 9), incluso cuando se realizó selección las cuatro líneas mostraron la misma combinación de genes. Se ha observado que una retrocruza es suficiente, siempre y

cuando se seleccione hacia el carácter de interés, para obtener líneas que posean genes de resistencia de sus progenitores donadores sin afectar el rendimiento e incluso aumentar su potencial (Singh y Huerta-Espino, 2004). Lo anterior se confirma en este estudio, pues cuando se realizaron tres retrocruzas la variabilidad se redujo y no se encontraron líneas positivas a los dos genes de interés (Cuadro1 y Figura 9).

En una crusa simple para incorporar dos genes dominantes la frecuencia de familias es 15:1 (resistentes/susceptibles), obteniendo los genotipos A-B-, A-bb, aaB-, aabb ($A=Yr5a^+$, $a=Yr5a^-$; $B=Yr15^+$, $b=Yr15^-$) en proporción 9:3:3:1. En RC₁ la proporción de familias es 1:1:1:1, mientras que en RC₂ la proporción es 1:3:3:9, donde las familias de interés (A-B-) se encuentran en menor proporción lo que disminuye la probabilidad de tener *Yr5a* y *Yr15* en conjunto de forma positiva, lo anterior sucede nuevamente en RC₃ ya que la proporción es 1:7:7:49.

En este estudio se encontró que la variedad BG515 presenta *Yr5a* en forma heterocigota, por lo que la crusa inicial es AaBB x aabb y la F₁ estuvo conformada por los genotipos AaBb y aaBb (1:1), al hacer 1, 2 y 3 retrocruzas las proporciones son 1:1:3:3, 1:3:7:21 y 1:7:15:105 respectivamente para los genotipos A-B-, A-bb, aaB-, aabb. De tal forma que al avanzar en las retrocruzas la proporción de las familias con ambos genes positivos fue disminuyendo, de ahí la importancia de la selección asistida por marcadores moleculares. Al tomar en cuenta el gen *Yr17* proveniente de Bor100 la frecuencia del mismo aumenta conforme se avanza en las retrocruzas, debido a la recuperación de genoma de la variedad.

Se encontraron familias que mostraron resistencia en la evaluación en plántula, pero fueron negativas a los marcadores, lo anterior puede ser debido a la presencia de otro gen que le confiere resistencia a la raza evaluada. Además, hubo casos en los que los marcadores indicaron

positivo para alguno de los dos genes, pero fueron susceptibles en plántula esto puede ser debido a mezclas de semilla durante la siembra.

La combinación de múltiples genes de resistencia efectivos en todas las etapas en una sola variedad es la mejor estrategia para una resistencia duradera a royas (Hulbert y Pumphrey, 2014). Por lo que las líneas avanzadas identificadas en el presente estudio que poseen los genes *Yr5a*, *Yr15* y *Yr17* pueden ser utilizadas en los programas de mejoramiento de trigo en México como progenitoras para el control genético de la roya amarilla; por otra parte, estas líneas genotípicamente tienen el 86 % (dos retrocruzas) del fondo genético de la variedad elite recurrente (Borlaug 100), incluso observándose que algunas líneas mostraron mejor expresión fenotípica para rendimiento de grano, por lo que serán probadas en ensayos de rendimiento en el programa de trigo del INIFAP para su futura liberación como nuevas variedades., lo que demuestra que la metodología de la retrocruzas con la selección asistida con marcadores moleculares y selección fenotípica hacia homocigosis es una estrategia importante para mejorar la resistencia y caracteres agronómicos.

VI. CONCLUSIONES

Se obtuvieron 389 líneas generadas a partir de dos y tres retrocruzas (Bor100*2/BGde515 y Bor100*3/BGde515) de las cuales tres poseen los genes *Yr5a* y *Yr15* en condición homocigota. Una semejante a BG515 (*Yr5a* heterocigoto, *Yr15* homocigoto) y una última con ambos genes en condición heterocigota.

La técnica de retrocruzas en conjunto con la selección asistida por marcadores moleculares mostraron ser efectivas para mejorar la resistencia de la variedad Borlaug 100.

VII. LITERATURA CITADA

- Ali S., Gladieux P., Rahman H., Saqib M. S., Fiaz M., Ahmad H., Leconte M., Gautier A., Justesen A. F., Hovmøller M. S., Enjalbert J., and Vallavieille-Pope C. 2014. Inferring the contribution of sexual reproduction, migration and off- season survival to the temporal maintenance of microbial populations: a case study on the wheat fungal pathogen *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Molecular Ecology*, 23(3), 603-617.
- Ali S., Rodriguez-Algaba J., Thach T., Sørensen C. K., Hansen J. G., Lassen P., ... and Hovmøller M. S. 2017. Yellow rust epidemics worldwide were caused by pathogen races from divergent genetic lineages. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1057.
- Acquaah G. 2012. *Principles of Plant Genetics and Breeding*, 2nd Edn., Oxford, UK: John Wiley and Sons, Ltd. 628 p.
- Bariana H.S. and R.A. McIntosh. 1993. Cytogenetic studies in wheat XIV. Location of rust resistance genes in VPM1 and their genetic linkage with other disease resistance genes in chromosome 2A. *Genome* 36:476–482.
- Begum S, Iqbal M., Ahmed I., Fayyaz M., Shahzad A. and Ali G.M. 2014. Allelic variation at loci controlling stripe rust resistance in spring wheat. *J. Gen.* 93: 2. <https://doi.org/10.1007/s12041-014-0413-9>
- Berlin A, Djurle A, Samils B, Yuen J. 2012. Genetic variation in *Puccinia graminis* collected from oats, rye, and barberry. *Phytopathology*. 102:1006–12.
- CABI, 2019. *Puccinia striiformis*. In: *Invasive Species Compendium*. Wallingford, UK: CAB International. www.cabi.org/isc
- Camacho-Casas M. A., Chávez-Villalba G., Fuentes-Dávila G., Figueroa-López P., Huerta-Espino J. y Villaseñor-Mir H.E. 2017. Borlaug 100: Variedad de trigo harinero para el noroeste de México. Folleto técnico No. 100. CIRNO-CENEB, Cd. Obregón, Sonora, México. 32 p.
- Chen X. M. 2005. Epidemiology and control of stripe rust *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* on wheat. *Can. J. Plant Pathol.* 27: 314–37.
- Chen W., Wellings C., Chen X., Kang Z., & Liu T. 2014. Wheat stripe (yellow) rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Molecular plant pathology*, 15(5), 433-446.
- Chen X. M., and Kang Z. S. 2017. *Stripe Rust*. Springer, Dordrecht. DOI 10.1007/978-94-024-1111-9
- Collard B. C., & Mackill D. J. 2007. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 363(1491), 557-572.

- Díaz-Ceniceros H. L., Leyva-Mir S.G., Villaseñor-Mir H. E., Vargas-Hernández M., Hortelano-Santa Rosa R., Valdez-Rodríguez Y. R., y Martínez-Cruz E. 2018. Control químico de la roya lineal en diferentes etapas de desarrollo del trigo en Terrenate, Tlaxcala. *Rev. Mexicana de ciencias agrícolas*, 9(5), 1067-1074. <https://dx.doi.org/10.29312/remexca.v9i5.1510>
- Dong Z., Hegarty J. M., Zhang J., Zhang W., Chao S., Chen X., Zhou Y., Dubcovsky J. 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(10): 2127–2137
- Dreisigacker S., Sehgal D., Reyes J. A. E., Luna G. B., Muñoz Z. S., Núñez R. C., Mollins J. and Mall S. 2016. CIMMYT Wheat Molecular Genetics: Laboratory Protocols and Applications to Wheat Breeding. CIMMYT. Mexico, D.F. 142 p.
- Ellis J. G., Lagudah E. S., Spielmeier W., & Dodds P. N. 2014. The past, present and future of breeding rust resistant wheat. *Frontiers in plant science*, 5, 641.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2019. FAOSTAT Database. Rome, Italy: FAO. Consultado mayo, 2019. Disponible en: <http://faostat3.fao.org/home/E>
- Gerechter-Amitai ZK, van Silfhout CH, Grama A, Kleitman F. 1989. *Yr15*—a new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. G25. *Euphytica* 43:187–190
- GRIS. 2017. Genetic Resources Information System for Wheat and Triticale. CIMMYT. Available in: <http://www.wheatpedigree.net/sort/show/111755>
- Gupta P. K., Langridge P., and Mir R. R. 2010. Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities. *Molecular Breeding*, 26(2), 145-161.
- Helguera M., Khan I. A., Kolmer J., Lijavetzky D., Zhong-Qi L., and Dubcovsky J. 2003. PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. *Crop Science*, 43(5), 1839-1847.
- Herrera-Foessel S. A., Lagudah E. S., Huerta-Espino, J., Hayden, M. J., Bariana, H. S., Singh, D., and Singh R. P. 2011. New slow-rusting leaf rust and stripe rust resistance genes *Lr67* and *Yr46* in wheat are pleiotropic or closely linked. *Theoretical and Applied Genetics*, 122(1), 239-249.
- Huerta-Espino J, Singh R.P., Villaseñor-Mir H.E., Espitia-Rangel E. Leyva-Mir S.G. 2003. Postulación de genes de resistencia a la roya de la hoja (*Puccinia triticina* Ericks.) en plántula y planta adulta en genotipos élite de trigo harinero (*Triticum aestivum* L.). *Revista Mexicana de Fitopatología*, 21(3), 239-247. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=612/61221301>
- Huerta-Espino J., Rodríguez-García M.F., Villaseñor-Mir H.E., Singh R.P., Martínez Cruz E., Hortelano-Santa Rosa R., Espitia-Rangel E. 2014a. Descripción de las Royas del Trigo. Folleto Técnico Núm. 64. INIFAP-CIRCE-CEVAMEX. pp 32.

- Huerta-Espino J., Singh R. P., and Roelfs A. P. 2014b. Rusts fungi of wheat. *In:* pp 217-259 (Chapter 11) J. K. Misra, J. P. Tewari, S. K. Deshmukh and C. Vágvölgyi (Eds.) *Fungi from Different Substrates*. CRC Press, USA, Taylor & Francis Group
- Huerta-Espino J. Villaseñor-Mir H. E., Rodríguez-García M. F., Singh R. P. 2015. Emerging new virulence gene combinations in the Mexican Pst population. Borlaug Global Rust Initiative Technical Workshop. September 17-20. Sydney, Australia.
- Huerta-Espino J and Singh R. P. 2017. First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* to wheat resistance genes *Yr10* and *Yr24* (= *Yr26*) in Mexico. *Plant Dis.*101(9):1676
- Hubbard A., Lewis C. M., Yoshida K., Ramirez-Gonzalez R. H., Vallavieill-Pope C., Thomas J., Kamoun S., Bayles R., Uauy and Saunders D. 2015. Field pathogenomics reveals the emergence of a diverse wheat yellow rust population. *Genome Biol* 16, 23. doi:10.1186/s13059-015-0590-8
- Hulbert S. and Pumphrey M. 2014. A time for more booms and fewer busts? Unraveling cereal–rust interactions. *Mol. Plant Microbe Interact.* 27:207–214. doi:10.1094/MPMI-09-13-0295-FI
- International Wheat Stripe Rust Symposium. 2011. Strategies to reduce the emerging wheat stripe rust disease, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas.
- Iqbal M., Ejaz M., Ahmed I., Shahzad A., & Ali G. M. 2016. Molecular genetic variation for stripe rust resistance in spring wheat. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences*, 53(1).
- Jackson L. Wheat cultivars for California. September, 2011. (http://smallgrains.ucdavis.edu/cereal_files/WhtCVDescLJ11.pdf).
- Jin Y., Szabo L. J., and Carson M. 2010. Century-old mystery of *Puccinia striiformis* life history solved with the identification of *Berberis* as an alternate host. *Phytopathology*, 100(5), 432-435.
- Khan M. R., Rehman Z. U., Nazir S. N., Tshewang S., Baidya S., Hodson D., Imtiaz M. and Ali S. 2019. Genetic divergence and diversity in Himalayan *Puccinia striiformis* populations from Bhutan, Nepal and Pakistan. *Phytopathology*, <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-19-0031-R>.
- Kirk P.M., Cannon P.F., Minter D.W., Stalpers J.A. 2008. *Dictionary of the fungi*. 10th ed. Wallingford: CAB International. p. 576.
- Klymiuk V., Yaniv E., Huang L., Raats D., Fatiukha A., Chen S., ... and Chang W. 2018. Cloning of the wheat *Yr15* resistance gene sheds light on the plant tandem kinase-pseudokinase family. *Nature communications*, 9(1), 3735.
- Kolmer J., Chen X. and Jin Y. 2009. Diseases which challenge global wheat production the wheat rusts. *In:* B.F. Carver, editor, *Wheat: Science and trade*. Wiley, Ames, IA. p. 89–124

- Law C.N. 1976. Genetic control of yellow rust resistance in *T. spelta album*. In: Plant Breeding Institute, Cambridge, Annual Report, 1976, 108-109
- Line R.F. 2002. Stripe rust of wheat and barley in North America: A retrospective historical review. *Rev. Phytopathol.* 40: 75–118. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.40.020102.111645>
- Macer R C. F. 1966. The formal and monosomic genetic analysis of stripe rust (*Puccinia striiformis*) resistance in wheat. In: IJ. Mackey (ed.) Proc. of 2nd Int. Wheat Genet. Symp. Lund, Sweden 1963. *Hereditas Suppl.*, 1966, 2:127-142.
- Marchal C., Zhang J., Zhang P., Fenwick P., Steuernagel B., and Adamski N.M. 2018. BED-domain-containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust. *Nat. Plants*. doi:10.1038/s41477-018-0236-4
- McDonald B. A., and Linde C. 2002. Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. *Annual review of phytopathology*, 40(1), 349-379.
- McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers W. J., Morris C. and Xia X.C. 2017. Catalogue of gene symbols for wheat: 2017 supplement. Pp 20.
- McNeal F. H., Konzak C. F., Smith E. P., Tate W. S., and Russell T. S. 1971. A uniform system for recording and processing cereal research data (No. REP-10904. CIMMYT.).
- Milus E.A., Kristensen K., Hovmoller M.S. 2009. Evidence for increased aggressiveness in a recent widespread strain of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* causing stripe rust of wheat. *Phytopathology*. 99: 89–94. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-1-0089>
- Nagarajan S, Nayar S.K., Bahadur P. 1986. Race 13 (67S8) of *Puccinia striiformis* virulent on *Triticum spelta* var. *album* in India. *Plant Dis.* 70:173.
- Naruoka Y., Ando K., Bulli P., Muleta K. T., Rynearson S., and Pumphrey M. O. 2016. Identification and validation of SNP markers linked to the stripe rust resistance gene *Yr5* in wheat. *Crop Science*, 56(6), 3055-3065.
- Rajaram S., Borlaug N. E., and Van Ginkel M. 2002. CIMMYT international wheat breeding. Bread wheat improvement and production. FAO, Rome, 103-117.
- Ramirez- Gonzalez R. H., Segovia V., Bird N., Fenwick P., Holdgate S., Berry S., ... and Uauy C. 2015. RNA- Seq bulked segregant analysis enables the identification of high- resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat. *Plant biotechnology journal*, 13(5), 613-624.
- Rapilly F. 1979. Yellow rust epidemiology. *Annu. Rev. Phytopathol.* 17: 59–73. <https://doi.org/10.1146/annurev.py.17.090179.000423>
- Rodríguez-García M. F., Huerta-Espino J., Villaseñor-Mir H. E., & Solís-Moya E. 2009. Virulencia de la roya amarilla del trigo en las principales zonas productoras de riego en México. *Agricultura técnica en México*, 35(2), 179-187.

- Rodríguez-García M. F., Huerta-Espino J., Villaseñor-Mir H. E., Sandoval Islas J. S. y Singh R. P. 2010. Análisis de virulencia de la roya amarilla (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) del trigo (*Triticum aestivum* L.) en los Valles Altos de México. *Agrociencia*, 44(4), 491-502.
- Roelf, A.P., Singh R.P. y Saari E.E. 1992. Las royas del trigo: Conceptos y métodos para el manejo de esas enfermedades. México, D.F.: CIMMYT. 81 pp.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. 2019. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Cierre de la producción agrícola por estado. Disponible en:<https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>
- Sharma-Poudyal D., Chen X. M., Wan A. M., Zhan G. M., Kang Z. S., Cao S. Q., ... and Shah S. J. A. 2013. Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*, 97(3), 379-386.
- Singh R.P. 1992. Genetic association of leaf rust resistance gene *Lr34* with adult plant resistance to stripe rust in bread wheat. *Phytopathology*. 82: 835-838.
- Singh R. P., Nelson J. C., and Sorrells M. E. 2000. Mapping *Yr28* and other genes for resistance to stripe rust in wheat. *Crop Science*, 40(4), 1148-1155.
- Singh R. P., Huerta-Espino J., and Roelfs A. P. 2002. The wheat rusts *In*: Curtis B. C., Rajaram S., Gomez S., and MacPherso, L. (Eds.). *Bread wheat: improvement and production*. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). 227-249 p
- Singh R. P. and Huerta-Espino J. 2004. The use of ‘single-backcross, selected-bulk’ breeding approach for transferring minor genes based rust resistance into adapted cultivars. *Proceedings of 54th Australian Cereal Chemistry Conference and 11th Wheat Breeders Assembly*. September 21-24, Canberra, ACT
- Singh R. P., Hodson D. P., Huerta-Espino J., Jin Y., Njau P., Wanyera R., Ward R. W. 2008. Will Stem Rust Destroy the World’s Wheat Crop? *in*: *Advances in Agronomy*, Volume 98. Academic Press, London. (pp. 271–309). [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)00205-8](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)00205-8)
- Singh R. P., Hodson D. P., Huerta-Espino J., Jin Y., Bhavani S., Njau P., Herrera-Foessel S., Singh P.K., Singh S. and Govindan V. 2011. The emergence of Ug99 races of the stem rust fungus is a threat to world wheat production. *Annu. Rev. Phytopathol.* 49, 465–481. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095423
- Solís-Moya E., Huerta-Espino J., Villaseñor-Mir H. E., y Aguado-Santracruz G. A. (2007). Roya lineal, fenología, rendimiento y sus componentes en trigo harinero (*Triticum aestivum* L.). *Agrociencia*, 41(5), 563-573.
- Solís-Moya E., Huerta-Espino J., Pérez-Herrera P., Villaseñor-Mir H. E., Ramírez R. A. y De la Cruz G. M. L. 2016. Alondra F2014, nueva variedad de trigo harinero para el Bajío, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 7:1225-1229.

- Sun G. L., Fahima T., Korol A.B., Turpeinen T., Grama A., Ronin Y.I., Nevo E. 1997. Identification of molecular markers linked to the *Yr15* stripe rust resistance gene of wheat originated in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Theor Appl Genet* 95:622–628
- Uauy C., Brevis J. C., Chen X., Khan I., Jackson L., Chicaiza O., ... and Dubcovsky J. 2005. High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene *Yr36* from *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* is closely linked to the grain protein content locus *Gpc-B1*. *Theoretical and Applied Genetics*, 112(1), 97.
- Vagndorf N., Kristensen P. S., Andersen J. R., Jahoor A., and Orabi J. 2018. Marker-Assisted Breeding in Wheat. *Next Generation Plant Breeding*, 1.
- Villaseñor-Mir H. E., Espitia-Rangel E., Huerta-Espino J., Solís-Moya E., Ireta-Moreno J., Osorio-Alcalá L., y Pérez-Herrera P. 2014. Nana F2007, cultivar de trigo para siembras de temporal en México. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 5(spe7), 1363-13668.
- Wan A.M., Chen X.M. Virulence, frequency, and distribution of races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and *P. striiformis* f. sp. *hordei* identified in the United States in 2008 and 2009. *Plant Dis.* 2012; 96:67–74.
- Wang M.N., Chen X.M. 2013. First report of Oregon grape (*Mahonia aquifolium*) as an alternate host for the wheat stripe rust pathogen (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) under artificial inoculation. *Plant Dis.* 97:839.
- Wang M.N., Wan A.M., Chen X.M. 2015. Barberry as alternate host is important for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* but not for *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the U.S. Pacific Northwest. *Plant Dis.* 99:1507–16.
- Wang M., Wan A., Li M., Maccaferri M., Figueroa-López P., Barnes Ch. W., Chen X. 2018. Virulence characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* collections from China, Italy, Mexico, and Ecuador. *International Congress of Plant Pathology*, July-august. Boston, United States.
- Wellings C. R. 2007. *Puccinia striiformis* in Australia: a review of the incursion, evolution, and adaptation of stripe rust in the period 1979–2006. *Australian Journal of Agricultural Research*, 58(6), 567-575.
- Wellings C. R., Singh R. P., Yahyaoui A., Nazari K., and McIntosh R. A. 2009. The development and application of near-isogenic lines for monitoring cereal rust pathogens. In *Proceedings of Oral Papers and Posters, 2009 Technical Workshop*, BGRI, Cd. Obregón, Sonora, Mexico (pp. 77-87).
- Wellings C. R. 2011. Global status of stripe rust: A review of historical and current threats. *Euphytica*, 179 (1), 129–141. <https://doi.org/10.1007/s10681-011-0360-y>
- William M., Singh R. P., Huerta-Espino J., Islas S. O., and Hoisington D. 2003. Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene *Lr46* and its association with stripe rust resistance gene *Yr29* in wheat. *Phytopathology*, 93(2), 153-159.

- Zhao J., Wang L., Wang Z. Y., Chen X. M., Zhang H. C., Yao J. N., Zhan G. M., Chen W., Huang L. L., and Kang Z. S. 2013. Identification of eighteen *Berberis* species as alternate hosts of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and virulence variation in the pathogen isolates from natural infection of barberry plants in China. *Phytopathology* 103:927-934
- Zheng W., Huang L., Huang J., Wang X., Chen X., Zhao J., Kang Z. 2013. High genome heterozygosity and endemic genetic recombination in the wheat stripe rust fungus. *Nature Communications* 4:2673.

ANEXOS

Anexo 1

Resultados de marcadores moleculares para *Yr5*, *Yr15* y *Yr17*, respuesta a roya a amarilla contra la raza CMEX14.25 en evaluación en plántula y planta adulta de las 389 líneas producto de dos y tres retrocruzas

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
1	Bor100*3/BGde515.1	Yr15+	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
2	Bor100*3/BGde515.2	Yr15+	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	3	0
3	Bor100*3/BGde515.3	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	1
4	Bor100*3/BGde515.4.1	Het	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	3	0
5	Bor100*3/BGde515.4.2	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
6	Bor100*3/BGde515.5	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	5
7	Bor100*3/BGde515.6	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
8	Bor100*3/BGde515.7	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	0
9	Bor100*3/BGde515.8	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
10	Bor100*3/BGde515.9	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	1	0
11	Bor100*3/BGde515.10.1	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
12	Bor100*3/BGde515.10.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	5
13	Bor100*3/BGde515.11	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
14	Bor100*3/BGde515.12	NA	NA	NA	Bad	VPM+	Yr17+	7	1
15	Bor100*3/BGde515.13	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	-
16	Bor100*3/BGde515.14	Yr15-	Yr15-	Bad	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	-
17	Bor100*3/BGde515.15	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
18	Bor100*3/BGde515.16	Yr15-	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
19	Bor100*3/BGde515.17	Het	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
20	Bor100*3/BGde515.18	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
21	Bor100*3/BGde515.19	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
22	Yr5	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM-	Yr17-	1	-
23	Bor100*3/BGde515.21	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	0
24	Bor100*3/BGde515.22	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	3	0
25	Bor100*3/BGde515.23	NA	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2	0
26	Bor100*3/BGde515.24.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	0
27	Bor100*3/BGde515.24.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	5
28	Bor100*3/BGde515.25	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	15
29	Bor100*3/BGde515.26	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	0
30	Bor100*3/BGde515.27	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
31	Bor100*3/BGde515.28	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	0
32	Bor100*3/BGde515.29.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	8	0
33	Bor100*3/BGde515.29.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	8	5
34	Bor100*3/BGde515.30	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	20
35	Bor100*3/BGde515.31.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
36	Bor100*3/BGde515.31.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
37	Bor100*3/BGde515.32	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	5
38	Bor100*3/BGde515.33	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
39	Bor100*3/BGde515.34	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	5
40	Bor100*3/BGde515.35	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
41	Bor100*3/BGde515.36	Yr15-	Yr15-	Bad	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	0
42	Bor100*3/BGde515.37	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
43	Bor100*3/BGde515.38.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	0

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
44	Bor100*3/BGde515.38.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	9	5
45	Bor100*3/BGde515.39	Yr15-	Yr15-	Yr5-	NA	VPM+	Yr17+	7	5
46	Bor100*3/BGde515.40	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	.	10
47	Bor100*3/BGde515.41	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
48	Bor100*3/BGde515.42.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+, 7	0
49	Bor100*3/BGde515.42.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+, 7	0
50	Bor100*3/BGde515.43	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
51	Bor100*3/BGde515.44.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	NA	VPM+	Yr17+	7	10
52	Bor100*3/BGde515.44.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	Het	Yr17+	8	50
53	Bor100*3/BGde515.45	Yr15-	Yr15-	Yr5+	NA	VPM+	Yr17+	1	0
54	Bor100*3/BGde515.46	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
55	Bor100*3/BGde515.47.1	Yr15-	Yr15-	NA	Bad	VPM+	Yr17+	0	0
56	Bor100*3/BGde515.47.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
57	Bor100*3/BGde515.48.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
58	Bor100*3/BGde515.48.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
59	Bor100*3/BGde515.49	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
60	Bor100*3/BGde515.50	Yr15-	Yr15-	Yr5-	NA	VPM+	Yr17+	1	0
61	Bor100*3/BGde515.51	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
62	Bor100*3/BGde515.52.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	5
63	Bor100*3/BGde515.52.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	5
64	Bor100*3/BGde515.53	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	1
65	Bor100*3/BGde515.54	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
66	Bor100*3/BGde515.55	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
67	Bor100*3/BGde515.56	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
68	Bor100*3/BGde515.57	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	-
69	Bor100*3/BGde515.58.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
70	Bor100*3/BGde515.58.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
71	Bor100*3/BGde515.59	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	20
72	Bor100*3/BGde515.60	NA	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	10
73	Bor100*3/BGde515.61	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
74	Bor100*3/BGde515.62.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	Het	Yr17+	7	50
75	Bor100*3/BGde515.62.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	7	30
76	Bor100*3/BGde515.63	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	10
77	Bor100*3/BGde515.64	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	20
78	Bor100*3/BGde515.65.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	40
79	Bor100*3/BGde515.65.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
80	Bor100*3/BGde515.66	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	0
81	Bor100*3/BGde515.67.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
82	Bor100*3/BGde515.67.2	Het	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	0
83	Bor100*3/BGde515.68	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
84	Bor100*3/BGde515.69.1	NA	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
85	Bor100*3/BGde515.69.2	Het	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	1
86	Bor100*3/BGde515.70	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
87	Bor100*3/BGde515.71	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	10
88	Bor100*3/BGde515.72	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	.	0
89	Bor100*3/BGde515.73	Het	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
90	Bor100*3/BGde515.74	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	0
91	Bor100*3/BGde515.75	Yr15-	Yr15-	Bad	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	0
92	Bor100*3/BGde515.76.1	NA	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	3	10
93	Bor100*3/BGde515.76.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	5
94	Bor100*3/BGde515.77	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	5

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
95	Bor100*3/BGde515.78	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
96	Bor100*3/BGde515.79	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	30
97	Bor100*3/BGde515.80.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	1
98	Bor100*3/BGde515.80.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	1
99	Bor100*3/BGde515.81	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
100	Bor100*3/BGde515.82	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
101	Bor100*3/BGde515.83	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	20
102	Bor100*3/BGde515.84	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	20
103	Bor100*3/BGde515.85	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	NA	Yr17+	7	60
104	Bor100*3/BGde515.86	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	.	5
105	Bor100*3/BGde515.87	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2	0
106	Bor100*3/BGde515.88	NA	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	-
107	Bor100*3/BGde515.89	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
108	Bor100*3/BGde515.90	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	0
109	Bor100*3/BGde515.91	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
110	Bor100*3/BGde515.92	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
111	Bor100*3/BGde515.93	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	10
112	Bor100*3/BGde515.94	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	10
113	Bor100*3/BGde515.95	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	3	10
114	Bor100*3/BGde515.96.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	0
115	Bor100*3/BGde515.96.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	10
116	Bor100*3/BGde515.97	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	50
117	Bor100*3/BGde515.98	Yr15-	Yr15-	NA	NA	NA	Yr17+	1	0
118	Bor100*3/BGde515.99	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	10
119	Bor100*3/BGde515.100	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	4	10
120	Bor100*3/BGde515.101	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	60
121	Bor100*3/BGde515.103	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	0
122	Bor100*3/BGde515.104	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
123	Bor100*3/BGde515.105	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	20
124	Bor100*3/BGde515.107.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	20
125	Bor100*3/BGde515.107.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	5
126	Bor100*3/BGde515.108	NA	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
127	Bor100*3/BGde515.109.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	0
128	Bor100*3/BGde515.109.2	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	0
129	Bor100*3/BGde515.110.1	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	3p(7), 4p(1)	0
130	Bor100*3/BGde515.110.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	1
131	Bor100*3/BGde515.111.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	20
132	Bor100*3/BGde515.111.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	10
133	Bor100*3/BGde515.112	Yr15-	Yr15-	NA	NA	NA	Yr17+	6+	50
134	Bor100*3/BGde515.113	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	10
135	Bor100*3/BGde515.114.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	NA	Yr17+	1+	40
136	Bor100*3/BGde515.114.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	NA	Yr17+	0	5
137	Bor100*3/BGde515.116	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	x
138	Bor100*3/BGde515.117	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
139	Bor100*3/BGde515.118	Het	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	5
140	Bor100*3/BGde515.120.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
141	Bor100*3/BGde515.120.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
142	Bor100*3/BGde515.121	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	20
143	Bor100*3/BGde515.122	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	5
144	Bor100*3/BGde515.123	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	4	5

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
145	Bor100*3/BGde515.124.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	4	5
146	Bor100*3/BGde515.124.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	4	5
147	Bor100*3/BGde515.125	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	10
148	Bor100*3/BGde515.126	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
149	Bor100*3/BGde515.127	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	4	20
150	Bor100*3/BGde515.128.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	1
151	Bor100*3/BGde515.128.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
152	Bor100*3/BGde515.129.1	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
153	Bor100*3/BGde515.129.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	10
154	Bor100*3/BGde515.130	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	5
155	Bor100*3/BGde515.131	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	4	10
156	Yr15	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	0
157	Bor100*3/BGde515.134	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	4	5
158	Bor100*3/BGde515.135	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	10
159	Bor100*3/BGde515.136	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
160	Bor100*3/BGde515.137	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	0
161	Bor100*3/BGde515.138	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	5
162	Bor100*3/BGde515.139	Yr15-	Yr15-	NA	NA	NA	Yr17+	6	40
163	Bor100*3/BGde515.140.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	0
164	Bor100*3/BGde515.140.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	5
165	Bor100*3/BGde515.141	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
166	Bor100*3/BGde515.142	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
167	Bor100*3/BGde515.143.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	2	0
168	Bor100*3/BGde515.143.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	1	0
169	Bor100*3/BGde515.144.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	0
170	Bor100*3/BGde515.144.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	1
171	Bor100*3/BGde515.145	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	5
172	Bor100*3/BGde515.146	Yr15+	Yr15+	Yr5-	NA	VPM+	Yr17+	1	x
173	Bor100*3/BGde515.147.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	1
174	Bor100*3/BGde515.147.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	5
175	Bor100*3/BGde515.148.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	7	40
176	Bor100*3/BGde515.148.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	Het	Yr17-	7	70
177	Bor100*3/BGde515.149	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	10
178	Bor100*3/BGde515.150.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	5
179	Bor100*3/BGde515.150.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	0
180	Bor100*3/BGde515.151	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	7	50
181	Bor100*3/BGde515.152	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	7	70
182	Bor100*3/BGde515.153.1	NA	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	5
183	Bor100*3/BGde515.153.2	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	1
184	Bor100*3/BGde515.154	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	NA	Yr17+	5	20
185	Bor100*3/BGde515.155.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	7	70
186	Bor100*3/BGde515.155.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	5
187	Bor100*3/BGde515.156.1	NA	NA	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	6+	1
188	Bor100*3/BGde515.156.2	Het	NA	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	2p(7), 6p(1)	x
189	Bor100*3/BGde515.157.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	x
190	Bor100*3/BGde515.157.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
191	Bor100*3/BGde515.158	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	20
192	Bor100*3/BGde515.159.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
193	Bor100*3/BGde515.159.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
194	Bor100*3/BGde515.160.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
195	Bor100*3/BGde515.160.2	Yr15+	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
196	Bor100*3/BGde515.161.1	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	0
197	Bor100*3/BGde515.161.2	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
198	Bor100*3/BGde515.162	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	15
199	Bor100*3/BGde515.163.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
200	Bor100*3/BGde515.163.2	NA	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	0
201	Bor100*3/BGde515.164.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	5
202	Bor100*3/BGde515.164.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	20
203	Bor100*3/BGde515.165	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	10
204	Bor100*3/BGde515.166	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	4	10
205	Bor100*3/BGde515.167	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	1	-
206	Bor100*3/BGde515.168	NA	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	0
207	Bor100*3/BGde515.169	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	30
208	Bor100*3/BGde515.170	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	5	50
209	Bor100*3/BGde515.171	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
210	Bor100*3/BGde515.172	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
211	Bor100*3/BGde515.173	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
212	Bor100*3/BGde515.174	Het	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	1p(6), 4p(2)	0
213	Bor100*3/BGde515.175	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	5	10
214	Bor100*3/BGde515.176	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	0
215	Bor100*3/BGde515.177	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	0
216	Bor100*3/BGde515.178	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	3	0
217	Bor100*3/BGde515.179.1	Yr15+	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
218	Bor100*3/BGde515.179.2	NA	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	5
219	Bor100*3/BGde515.180	NA	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	2p(6), 4p(2)	10
220	Bor100*3/BGde515.181.1	Yr15+	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
221	Bor100*3/BGde515.181.2	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
222	Bor100*3/BGde515.182	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	20
223	Bor100*3/BGde515.183	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	5
224	Bor100*3/BGde515.184	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	1
225	Bor100*3/BGde515.185	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	10
226	Bor100*3/BGde515.186	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2	0
227	Bor100*3/BGde515.187	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
228	Bor100*3/BGde515.188	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
229	Bor100*3/BGde515.189.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	10
230	Bor100*3/BGde515.189.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	10
231	Bor100*3/BGde515.190.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
232	Bor100*3/BGde515.190.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	5+	20
233	Bor100*3/BGde515.191.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	10
234	Bor100*3/BGde515.191.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
235	Bor100*3/BGde515.192	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
236	Bor100*3/BGde515.193.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM-	Yr17-	7	5
237	Bor100*3/BGde515.193.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	5
238	Bor100*3/BGde515.194	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
239	Bor100*3/BGde515.195	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
240	Bor100*3/BGde515.196.1	NA	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	3	0
241	Bor100*3/BGde515.196.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	30
242	Bor100*3/BGde515.197.1	NA	?	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	10
243	Bor100*3/BGde515.197.2	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
244	Bor100*3/BGde515.198	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	-

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
245	Bor100*3/BGde515.199.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
246	Bor100*3/BGde515.199.2	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	0
247	Bor100*3/BGde515.200.1	Yr15+	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	1
248	Bor100*3/BGde515.200.2	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	1
249	Bor100*2/BGde515.201	Yr15-	Yr15-	Het	Het	NA	Yr17+	.	60
250	Bor100*2/BGde515.202	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	.	0
251	Bor100*2/BGde515.203.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
252	Bor100*2/BGde515.203.2	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	1	5
253	Bor100*2/BGde515.204	Yr15-	Yr15-	Bad	Bad	VPM-	Yr17-	0	-
254	Bor100*2/BGde515.205	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	NA	Yr17+	.	x
255	Bor100*2/BGde515.206	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
256	Bor100*2/BGde515.207	Yr15+	NA	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	0
257	Bor100*2/BGde515.208	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1p(1)	10
258	Bor100*2/BGde515.209	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	0	0
259	Bor100*2/BGde515.210	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	Het	Yr17+	1	0
260	Bor100*2/BGde515.211	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	5
261	Bor100*2/BGde515.212	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	0	0
262	Bor100*2/BGde515.213	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
263	Bor100*2/BGde515.214	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	.	0
264	Bor100*2/BGde515.215.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	3	0
265	Bor100*2/BGde515.215.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
266	Bor100*2/BGde515.216	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	3	0
267	Bor100*2/BGde515.217	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	Het	Yr17+	1	40
268	Bor100*2/BGde515.218	Het	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	10
269	Bor100*2/BGde515.219	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
270	Bor100*2/BGde515.220	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	7	0
271	Bor100*2/BGde515.221	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
272	Bor100*2/BGde515.222.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
273	Bor100*2/BGde515.222.2	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	1
274	Bor100*2/BGde515.223	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
275	Bor100*2/BGde515.224	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	-
276	Bor100*2/BGde515.225	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	x
277	Bor100*2/BGde515.226	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
278	Bor100*2/BGde515.227	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	0	1
279	Bor100*2/BGde515.228	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	1	0
280	Bor100*2/BGde515.229.1	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
281	Bor100*2/BGde515.229.2	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
282	Bor100*2/BGde515.230	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6	20
283	Bor100*2/BGde515.231	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2	0
284	Bor100*2/BGde515.232.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
285	Bor100*2/BGde515.232.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
286	Bor100*2/BGde515.233	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
287	Bor100*2/BGde515.234	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
288	Bor100*2/BGde515.235	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
289	Bor100*2/BGde515.236	Yr15-	Yr15-	Bad	Bad	VPM+	Yr17+	3	0
290	Bor100*2/BGde515.237.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	10
291	Bor100*2/BGde515.237.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	10
292	Bor100*2/BGde515.238	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
293	Bor100*2/BGde515.239.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	20
294	Bor100*2/BGde515.239.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	0
295	Bor100*2/BGde515.240	Yr15+	NA	Yr5-	Bad	VPM+	Yr17+	0	0

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
296	Bor100*2/BGde515.241	Yr15-	Yr15-	Het	Bad	VPM+	Yr17+	0	0
297	Bor100*2/BGde515.242	Het	Het	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
298	Bor100*2/BGde515.243	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
299	Bor100*2/BGde515.244	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
300	Bor100*2/BGde515.245	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
301	Bor100*2/BGde515.246.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	0
302	Bor100*2/BGde515.246.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	10
303	Bor100*2/BGde515.247.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	6	1
304	Bor100*2/BGde515.247.2	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	6+	0
305	Bor100*2/BGde515.248.1	Yr15-	Yr15-	Bad	Bad	VPM+	Yr17+	1	0
306	Bor100*2/BGde515.248.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	30
307	Bor100*2/BGde515.249	Yr15+	NA	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
308	Bor100*2/BGde515.250.1	Yr15+	Yr15+	NA	NA	Het	Yr17+	0	0
309	Bor100*2/BGde515.250.2	NA	NA	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	50
310	Bor100*2/BGde515.251	NA	Yr15-	Het	Het	NA	Yr17-	0	5
311	Bor100*2/BGde515.252	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	Het	Yr17+	1	x
312	Bor100*2/BGde515.253	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
313	Bor100*2/BGde515.254	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	20
314	Bor100*2/BGde515.255	Yr15-	Yr15-	Het	Bad	VPM+	Yr17+	5	10
315	Bor100*2/BGde515.256	Yr15-	Yr15-	Het	Het	NA	Yr17+	0	0
316	Bor100*2/BGde515.257	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	5	0
317	Bor100*2/BGde515.258	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
318	Bor100*2/BGde515.259	Yr15-	NA	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
319	Bor100*2/BGde515.260	Yr15-	NA	Het	Bad	Het	Yr17+	0	0
320	Bor100*2/BGde515.261	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
321	Bor100*2/BGde515.262	Yr15+	NA	NA	NA	NA	Yr17+	3	0
322	Bor100*2/BGde515.263	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	0	5
323	Bor100*2/BGde515.264	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17+	7	30
324	Bor100*2/BGde515.265	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	x
325	Bor100*2/BGde515.266.1	NA	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1p(7), 7p(2)	20
326	Bor100*2/BGde515.266.2	Yr15+	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2p(7), 6p(2)	10
327	Bor100*2/BGde515.267.1	Yr15+	NA	Het	Bad	VPM+	Yr17+	4	5
328	Bor100*2/BGde515.267.2	Yr15+	Het	Het	Bad	VPM+	Yr17+	1	0
329	Bor100*2/BGde515.267.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	30
330	Bor100*2/BGde515.267.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	10
331	Bor100*2/BGde515.269	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
332	Bor100*2/BGde515.270.1	Yr15-	Yr15-	Het	Bad	VPM+	Yr17+	8	1
333	Bor100*2/BGde515.270.2	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
334	Bor100*2/BGde515.271.1	Yr15+	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	.	5
335	Bor100*2/BGde515.271.2	Yr15+	Yr15-	NA	NA	Het	Yr17+	2	10
336	Bor100*2/BGde515.272	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM-	Yr17-	2	0
337	Bor100*2/BGde515.273.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	8	30
338	Bor100*2/BGde515.273.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	2	0
339	Bor100*2/BGde515.274.1	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	10
340	Bor100*2/BGde515.274.2	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	5	5
341	Bor100*2/BGde515.275	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	20
342	Bor100*2/BGde515.276	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
343	Bor100*2/BGde515.277	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	2	0
344	Bor100*2/BGde515.278	Yr15+	Yr15+	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
345	Bor100*2/BGde515.279	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	x

No.	Cruza	Yr15-R5	Yr15-R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
346	Bor100*2/BGde515.280	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	0	0
347	Bor100*2/BGde515.281	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
348	Bor100*2/BGde515.282	NA	Yr15-	Yr5-	Bad	VPM+	Yr17+	0	x
349	Bor100*2/BGde515.283	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
350	Bor100*2/BGde515.284	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
351	Bor100*2/BGde515.285	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	1	0
352	Bor100*2/BGde515.286.1	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
353	Bor100*2/BGde515.286.2	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
354	Bor100*2/BGde515.287	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	7	50
355	Bor100*2/BGde515.288	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
356	Bor100*2/BGde515.289	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	5
357	Bor100*2/BGde515.290	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
358	Bor100*2/BGde515.291	Yr15+	Yr15+	Yr5+	Yr5+	VPM-	Yr17-	0	0
359	Bor100*2/BGde515.292.1	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	1	10
360	Bor100*2/BGde515.292.2	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
361	Bor100*2/BGde515.293	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	20
362	Bor100*2/BGde515.294	Het	Het	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	10
363	Bor100*2/BGde515.295	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
364	Bor100*2/BGde515.296.1	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	0	0
365	Bor100*2/BGde515.296.2	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	0
366	Bor100*2/BGde515.297	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	x
367	Bor100*2/BGde515.298	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
368	Bor100*2/BGde515.299	Yr15+	Yr15+	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	0
369	Bor100*2/BGde515.300	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6	10
370	Bor100*2/BGde515.301	Het	Het	NA	NA	VPM+	Yr17+	5	10
371	Bor100*2/BGde515.302	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	30
372	Bor100*2/BGde515.303	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	6+	20
373	Reedley	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	40
374	Bor100*2/BGde515.305	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	0
375	Bor100*2/BGde515.306	Yr15-	Yr15-	Het	Het	VPM+	Yr17+	0	0
376	Bor100*2/BGde515.307	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	5	5
377	Bor100*2/BGde515.308	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	30
378	Bor100*2/BGde515.309	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM-	Yr17-	7	60
379	Bor100*2/BGde515.310	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	6+	50
380	Bor100*2/BGde515.311	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
381	Bor100*2/BGde515.312	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	20
382	Bor100*2/BGde515.313	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM-	Yr17-	6+	x
383	Bor100*2/BGde515.314	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	7	20
384	Bor100*2/BGde515.315	Yr15-	Yr15-	NA	NA	VPM+	Yr17+	8	10
385	Yr5	Yr15-	Yr15-	Yr5+	Yr5+	VPM-	Yr17-	1	0
386	Yr15	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM-	Yr17-	0	0
387	Reedley	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	8	
388	Blanca Grande 515	Yr15+	Yr15+	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	0
389	Summit 515	Yr15+	Yr15+	Het	Het	VPM-	Yr17-	0	
390	Borlaug 100	Yr15-	Yr15-	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	6+	10
391	Bor100*3/BGde515(43)	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	
392	Bor100*3/BGde515(49)	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	
393	Bor100*3/BGde515(52)	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	
394	Bor100*3/BGde515(56)	Yr15+	Yr15+	NA	NA	VPM+	Yr17+	2	
395	Bor100*2/BGde515(468)	Yr15+	Yr15+	Yr5+	Yr5+	VPM+	Yr17+	0	
396	Bor100*2/BGde515(466)	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	

No.	Cruza	Yr15- R5	Yr15- R8	Y5/SP KASP3	Yr5New	VPM_SNP	Ventriup +Ln	CMEX 14.25	Planta adulta
397	Bor100*2/BGde515(458)	Yr15+	Yr15+	Yr5-	Yr5-	VPM+	Yr17+	1	
398	Bor100*2/BGde515(477)	Het	Het	Bad	Yr5-	VPM+	Yr17+	7	

Anexo 2

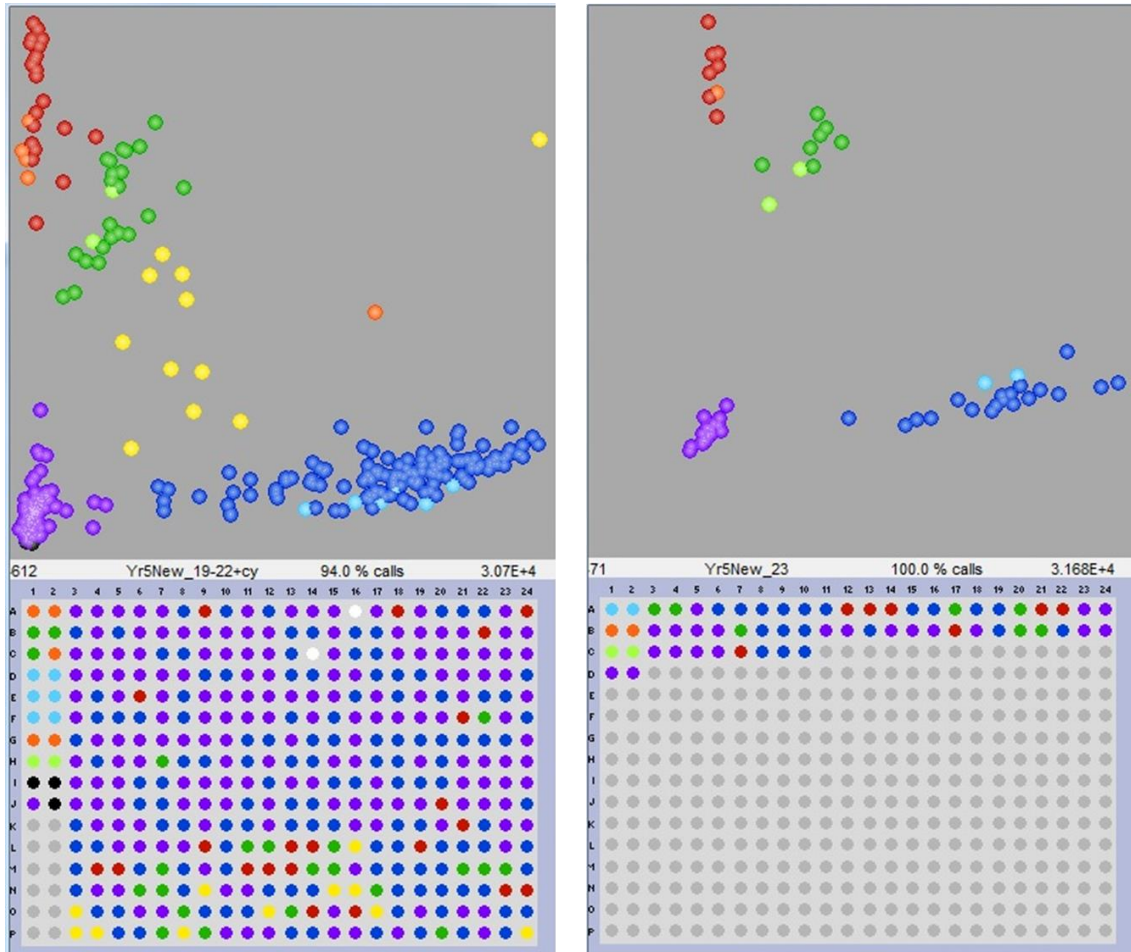
Respuesta de 42 genotipos diferenciales a roya amarilla ante la raza CMEX14.25 en invernadero.

No.	Genotipo diferencial	CMEX14.25
1	MOROCCO	9
2	AVOCET-YRA	9
3	AVOCET+YRA	9
4	YR1/6*AOC	0
5	SIETE CERROS T66	9
6	TATARA	8
7	YR5/6*AOC	0
8	YR6/6*AOC	8
9	YR7/6*AOC	8
10	YR8/6*AOC	8
11	YR9/6*AOC	8
12	YR10/6*AOC	0
13	YR15/6*AOC	0
14	YR17/6*AOC	8
15	YR18/6*AOC	8
16	YR24/6*AOC	3
17	YR26/6*AOC	4
18	YR27/6*AOC	8
19	YRSO/6*AOC	0
20	PAVON F27	7
21	SERI M82	7
22	OPATA M85	8
23	SUPER KAUZ	7
24	YRCV/6*AOC	7
25	PBW343	9
26	AOC-YR*3/3/ALTAR84//AE.SQ//OPATA	7
27	AOC-YR*3//LALBMONO1*4/PVN	8
28	AOC-YR*3/PASTOR	8
29	POLLMER	4
30	PASTOR	9
31	REBECAF2000	8
32	FRANCOLIN#1(YRF)	9
33	AOC-YR/QUAQUI #3 (Yr54)	8
34	OPATA/PASTOR (Yr27+Yr31)	9
35	OPATA/PASTOR (Yr27+Yr31)	8
36	(Yr54)	7
37	M10 (MUTATED C-306)/AOC-YR (Yr Su j)	6+
38	CHUAN NONG 19 (Yr41)	7
39	IRAGI (Yr59)	7
40	KOELZ W 11192:AE (Yr52)	7
41	PBW343/KKU	8
42	AOC-YR*3//LALBMONO1*4/PVN (Yr60)	7

Anexo 3

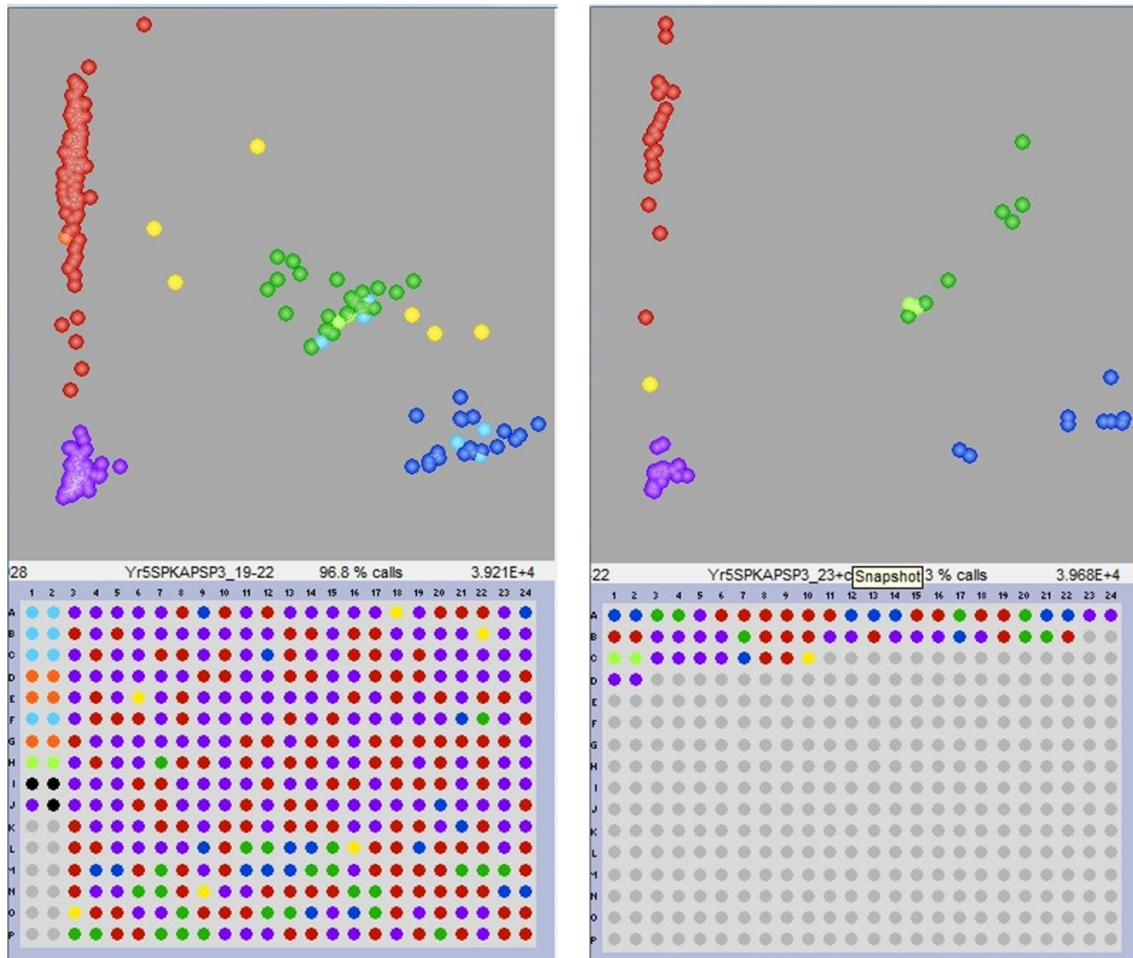
Visualización geográfica de los resultados en los 389 genotipos.

KASP Assay Yr5New para gen *Yr5*



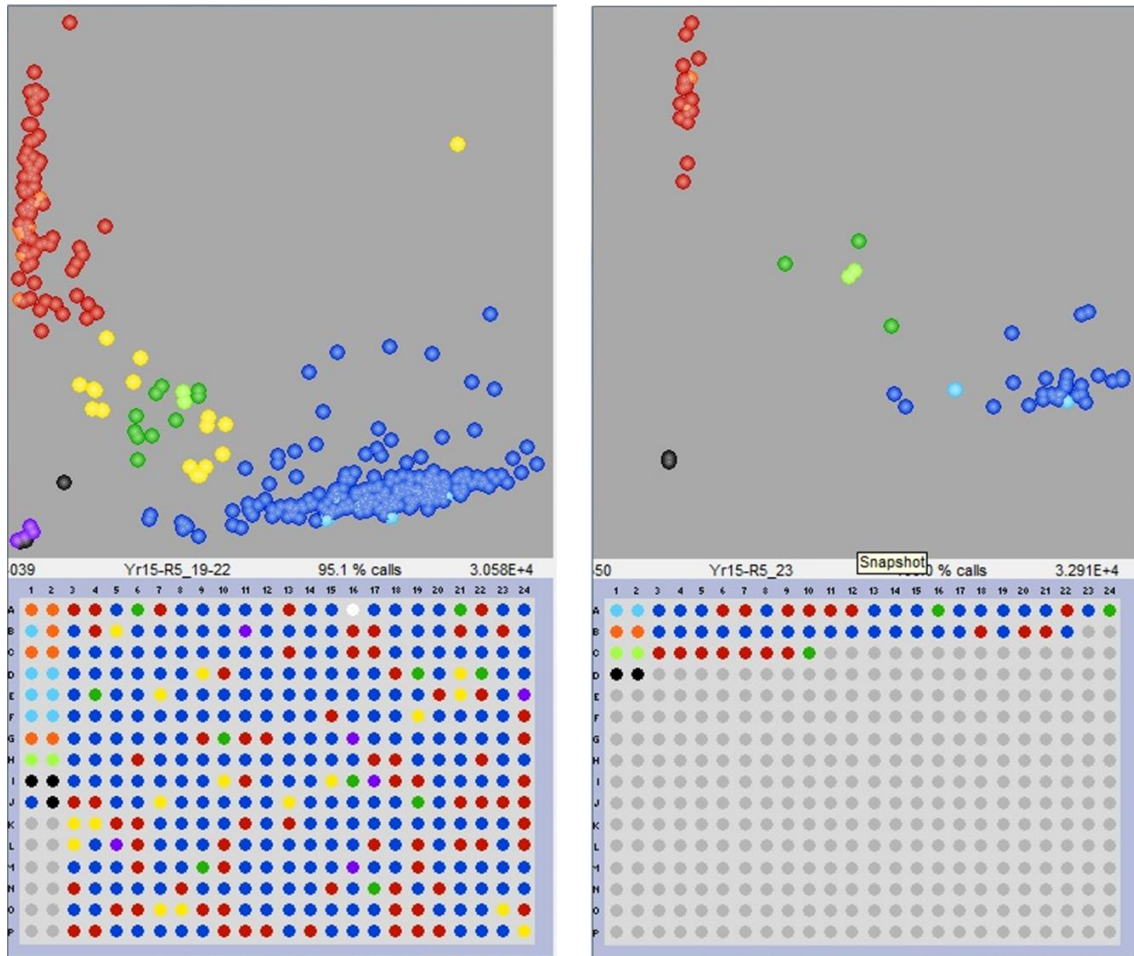
Los puntos coloreados en rojo portan el alelo de resistencia, en azul portan el alelo de susceptibilidad, en verde son heterocigóticas, en morado no amplifico (NA), en amarillo Bad y en negro las muestra blanco (agua).

KASP Assay Y5/SPKASP3 para gen *Yr5*



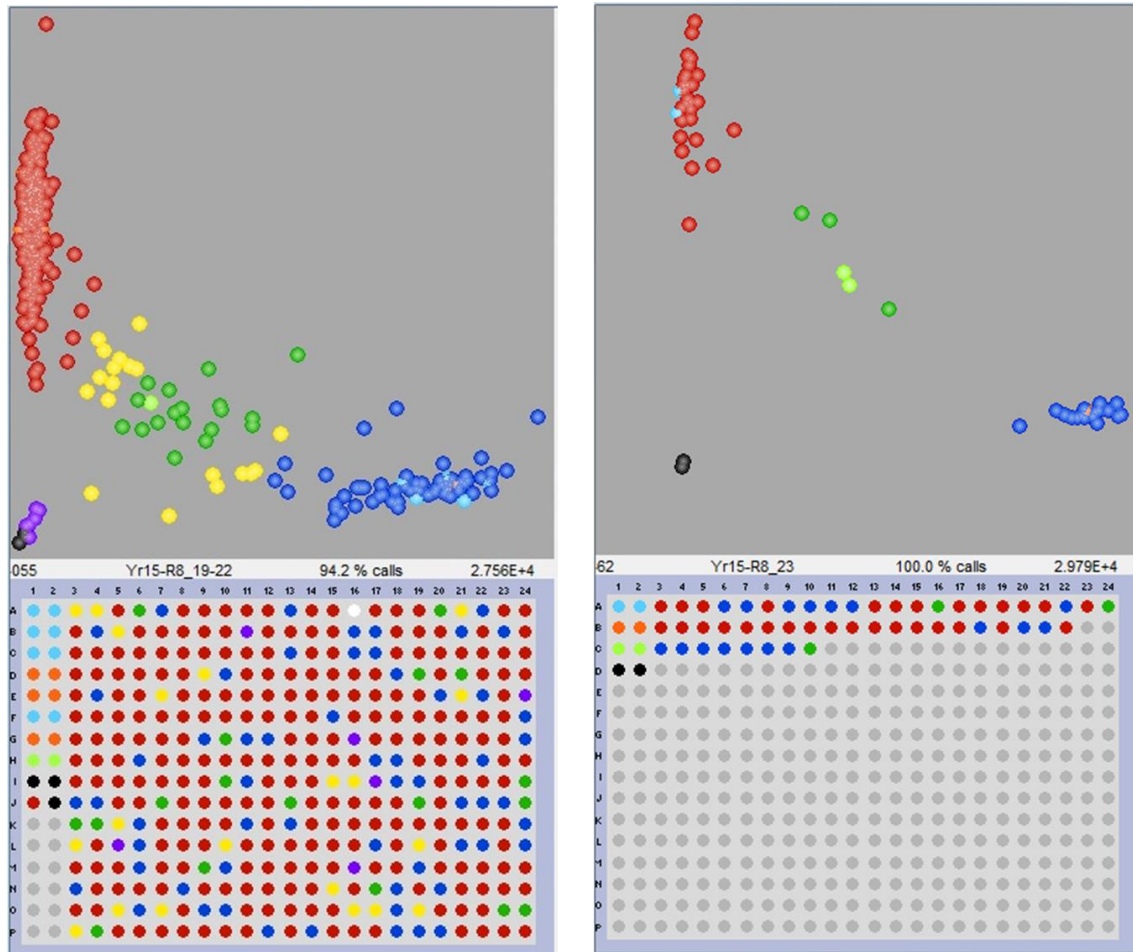
Los puntos coloreados en rojo portan el alelo de susceptibilidad, en azul portan el alelo de resistencia, en verde son heterocigóticas, en morado no amplifico (NA), en amarillo Bad y en negro las muestra blanco (agua).

KASP Assay Yr15-R5 para gen *Yr15*



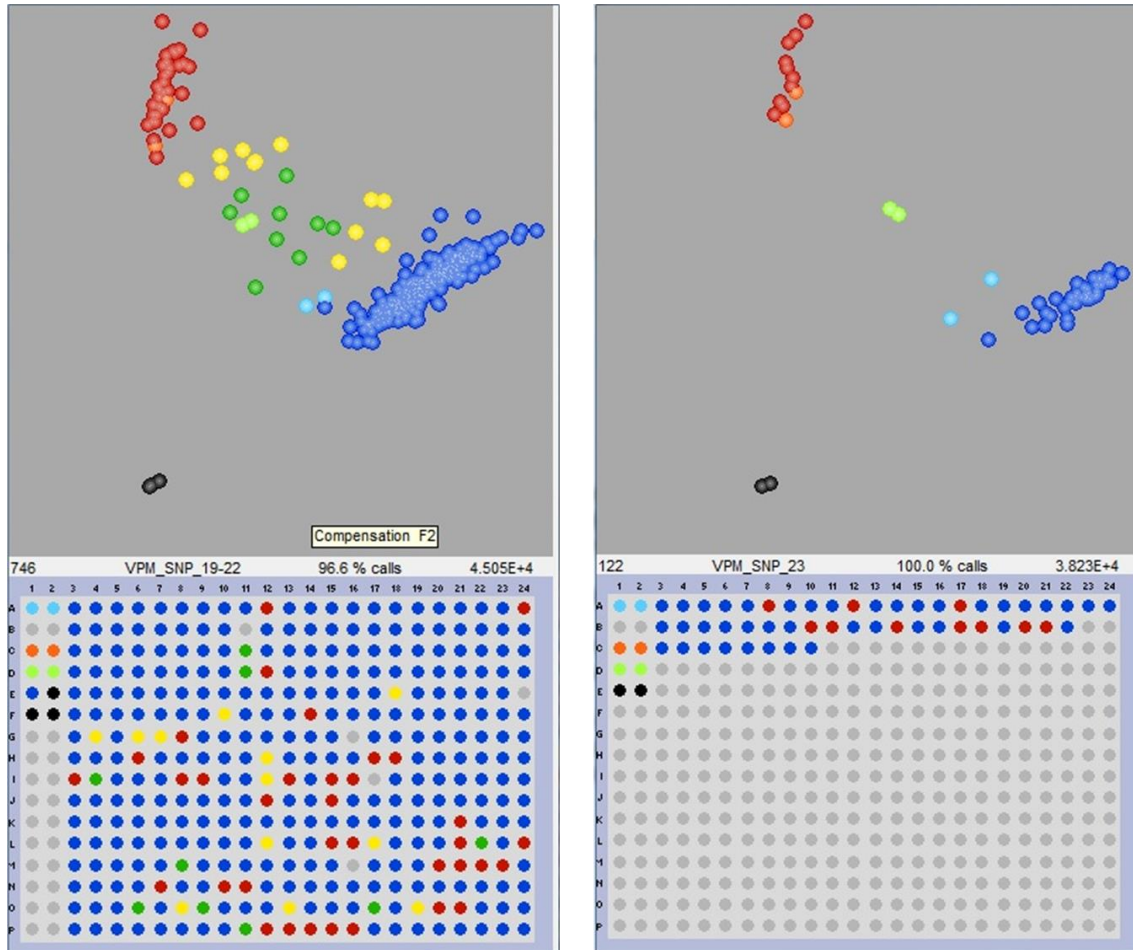
Los puntos coloreados en rojo portan el alelo de resistencia, en azul portan el alelo de susceptibilidad, en verde son heterocigóticas, en morado no amplificado (NA), en amarillo Bad y en negro las muestra blanco (agua).

KASP Assay Yr15-R8 para gen *Yr15*



Los puntos coloreados en rojo portan el alelo de susceptibilidad, en azul portan el alelo de resistencia, en verde son heterocigóticas, en morado no amplifico (NA), en amarillo Bad y en negro las muestra blanco (agua).

KASP Assay VPM_SNP para gen *Yr17*



Los puntos coloreados en rojo portan el alelo de susceptibilidad, en azul portan el alelo de resistencia, en verde son heterocigóticas, en amarillo Bad y en negro las muestra blanco (agua).

Anexo 4

Visualización de producto de PCR utilizando el marcador Ventriup+Ln (marcador tipo STS, dominante) para detectar *Yr17* en gel de agarosa 2 %.

Testigo positivo: Milan (≈ 400 pb)

Testigo negativo: Avocet

B: Muestra en blanco

