



## Cuantificación de la infección por roya parda en progenies de caña de azúcar

### Quantification of brown rust infection in sugar cane progeny

 Yaquelin Puchades-Izaguirre\*,  Wilfre Aiche-Maceo,  
 Reynaldo Rodríguez-Gross,  Mónica Tamayo-Isaac

Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar (INICA), carretera CUJAE Km 1½, Rancho Boyeros, CP 19390, La Habana, Cuba

**RESUMEN:** La roya parda es una de las enfermedades más importantes para la caña de azúcar en todo el mundo. En Cuba, la resistencia a la enfermedad es criterio de selección de nuevos cultivares y se evalúa en el programa de mejoramiento genético desde las etapas tempranas. Este trabajo se desarrolló con el objetivo de cuantificar, en la Etapa Lote Clonal 1, la incidencia y la severidad de la roya parda por cruces. Para ello, se recolectaron los datos de los individuos manejados por el programa de mejoramiento genético en la región suroriental de Cuba. Se determinaron las variables grado, incidencia y severidad de la enfermedad entre familias y progenitores. Los resultados mostraron que existe alta variabilidad en el desarrollo de la roya parda en el Lote Clonal 1. Las variables grado y severidad resultan las más útiles para identificar familias con progenies resistentes o tolerantes a la enfermedad. Las familias C90-501 x Mex66-1235 y C90-501 x B6368, aportan individuos de alto rendimiento y con resistencia a la roya parda. El análisis permite a los mejoradores el desarrollo de cruzamientos que aporten individuos de altos rendimientos en caña y azúcar, con resistencia a la enfermedad.

**Palabras clave:** cruce, incidencia, *Puccinia melanocephala*, padres.

**ABSTRACT:** Brown rust is one of the most important diseases for sugar cane worldwide. In Cuba, resistance to the disease is a criterion for the selection of new cultivars and it is evaluated in the genetic improvement program from early stages. This work was developed with the objective of quantifying, in Clonal Lot Stage 1, the incidence and severity of brown rust by crosses. For this purpose, data were collected from individuals managed by the genetic improvement program in the southeastern region of Cuba. The variables degree, incidence and severity of the disease among families and parents were determined. Results showed that there is high variability in the development of brown rust in Clonal Lot 1. The degree and severity variables are the most useful for identifying families with progenies resistant or tolerant to the disease. The C90-501 x Mex66-1235 and C90-501 x B6368 families provide high yielding individuals with resistance to brown rust. The analysis allows breeders to develop crosses that provide high-yielding sugarcane and sugar individuals with resistance to the disease.

**Key words:** cross, incidence, *Puccinia melanocephala*, parents.

## INTRODUCCIÓN

La roya parda de la caña de azúcar es una enfermedad, ampliamente distribuida en la mayoría de las áreas cañeras del mundo (1). Es causada por el hongo fitopatógeno *Puccinia melanocephala* Sydow & P. Sydow, y está considerada entre las de mayor importancia por su afectación al cultivo (2,3).

Aunque se informó, por primera vez, en Java, en 1890, las epifitias aumentaron en frecuencia desde 1949. En la década de 1970, se produjeron brotes severos en importantes países productores de caña como Cuba, Jamaica, Australia, Estados Unidos, México, India, Tailandia y Mauricio, lo que propició el abandono de cultivares de alto rendimiento en caña y azúcar; por ejemplo, B4362, Co475, T34362 y CP78-1247 (4).

\*Autor para correspondencia: [yaquelin.puchades@inicasz.cu](mailto:yaquelin.puchades@inicasz.cu)

Recibido: 15/03/2021

Aceptado: 29/09/2021

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



En ausencia de medidas de control, la roya parda causa pérdidas de rendimiento del 10 al 50 % en cultivares de caña de azúcar susceptibles. En las regiones donde el patógeno está bien establecido, la enfermedad, generalmente, se maneja mediante el empleo de cultivares resistentes. Sin embargo, la durabilidad de la resistencia ha sido errática, debido a la constante variabilidad del agente causal (5).

En Cuba, el comportamiento frente a la enfermedad es un criterio de selección de nuevos cultivares de caña de azúcar. Desde las primeras etapas del esquema de obtención, se aplican métodos de infección con alta presión de inóculo que permiten discriminar la mayor cantidad posible de la población susceptible (6). De esta manera, se garantiza que no haya altos porcentajes de clones rechazados por esa causa en la etapa final del proceso.

El mejoramiento y la selección de cultivares resistentes a *P. melanocephala* es un desafío, debido al complejo genoma de la caña de azúcar y al largo proceso de mejoramiento que, normalmente, toma diez o más años (7), (8). Estas razones hacen, también, que el reemplazo de cultivares susceptibles resulte muy lento (9).

La selección de los progenitores a emplear en el programa de mejora es una decisión crítica para los fitomejoradores. El conocimiento, y una mejor comprensión desde etapas tempranas de la variabilidad en la incidencia y severidad de la roya parda en las progenies, proporcionan información útil para el incremento de la eficiencia de los programas de cruzamiento. El presente trabajo tiene como objetivo cuantificar la incidencia y severidad de la roya parda entre cruces (familias), con datos recolectados de los individuos en la Etapa Lote Clonal 1 del programa de mejoramiento genético, en la región suroriental de Cuba.

## MATERIALES Y MÉTODOS

**Plantación del experimento:** el Lote Clonal 1 de la serie 2017, LC1-2017, fue establecido en octubre de 2018 con individuos (un plantón) plantados, con esquejes de dos yemas, a una distancia de 1,0 x 1,6 m. Con el esquema utilizado se aplican métodos de infección con alta presión de inóculo que permiten discriminar la mayor cantidad posible de la población susceptible (6). En el LC1-2017 fueron evaluadas 18 combinaciones del programa de cruzamiento, que incluyen 671 individuos, 13 progenitores femeninos y 14 masculinos.

**Colecta de datos:** la evaluación de roya parda se realizó entre los tres y cinco meses de edad del cultivo. Para ello, a partir de la observación de síntomas, se categorizó la enfermedad con el empleo de una escala de cuatro grados (10), donde: 0= sin infección (altamente resistente); 1= pústulas aisladas (resistente); 2= unión entre pústulas (intermedia) y 3= presencia masiva de pústulas con zonas necróticas por la unión entre pústulas (susceptible).

Se analizaron todas las familias (cruces) incluidas en el programa de cruzamiento, que al momento de la plantación contaran con 40 o más individuos. Para la cuantificación de

la infección se determinaron las variables: grado medio de infección por familia, porcentaje de infección (incidencia) y severidad. Las fórmulas empleadas fueron:

Grado medio de infección=  $\Sigma$  grado de infección/total de clones (incluye los individuos con grado 0)

Incidencia=  $(\# \text{ de clones infectados} / \text{total de clones}) * 100$

Severidad=  $\Sigma$  grado de infección/  $\#$  de clones infectados \* 100 (excluye individuos con grado 0)

**Análisis de datos:** Los datos fueron analizados por cruces y por progenitores. Los coeficientes de variación (CV) entre familias y progenitores de cada parámetro fueron estimados con la media de cada familia y progenitor. Mientras que, los CV dentro de las familias y progenitores se determinaron con la media general. Se comprobó la relación entre la incidencia y la severidad con los grados de la enfermedad, mediante regresión lineal. Los datos de los cruces se compararon con el valor genético estimado (VGE) y su clasificación, según el modelo matemático de Rodríguez *et al.* (11,12), con el empleo del *software* SAS (13). Se escogió el modelo LC1-multivariado, que comprende siete variables relacionadas con el contenido azucarero de las progenies, componentes del rendimiento agrícola (diámetro y longitud de los tallos) y la resistencia a carbón y roya parda.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros generales evaluados en el LC1-2017 se muestran en la [Tabla 1](#).

**Tabla 1.** Parámetros relacionados con la roya parda evaluados en el Lote Clonal 1-2017

Total de clones evaluados	671
No de clones no infectados	160
No de clones infectados	511
% Infección	76,2
Severidad (valor medio de los clones infectados)	1,57
Grado medio General (incluye los clones no infectados)	1,2

La distribución de la enfermedad, según los grados de la escala empleada, aparece en la [Figura 1](#). El mayor porcentaje de los individuos (45,7 %) fueron categorizados como grado 1 (resistentes), mientras que el 12,8 % resultó susceptible (grado 3) y, por tanto, serán eliminados del esquema de selección.

El número de clones por familia fue variable ([Tabla 2](#)), lo que está asociado a diferencias en la cantidad de posturas por cruces y en los porcentajes de selección en la etapa anterior (posturas). Se observó alta variabilidad en los grados de roya parda, intra y entre familias, esta última fue superior, lo que sugiere la utilidad de las evaluaciones realizadas en Lote Clonal 1, para la identificación de cruces y progenitores que aporten resistencia o tolerancia a la roya parda.

Las variables incidencia y severidad mostraron una correlación lineal positiva y significativa, con el grado medio de infección de la enfermedad entre familias ([Figura 2](#)).

Esto significa que, ambos parámetros pueden emplearse para determinar diferencias entre cruces en la respuesta a la roya parda, en la etapa de Lote Clonal 1; sin embargo, el coeficiente de determinación ( $R^2$ ) para la severidad es mayor, lo que indica que es más adecuado para las evaluaciones.

De manera general, las variables, el grado medio de la roya parda entre familias; la incidencia y la severidad, oscilaron entre 0,6-2,56; 52,5-100 % y 1,13-2,56, respectivamente (Tabla 3).

Los cruces fueron ordenados según el grado medio de la enfermedad y se detectó mayor variabilidad en el grado y la severidad de esta, lo que confirma la utilidad de ambas variables para determinar cruces con progenies resistentes o tolerantes a roya parda.

Las 18 familias analizadas pertenecen al programa nacional de cruzamientos, pero sólo nueve se han evaluado, previamente, con 40 individuos o más en LC-1 y disponen de una clasificación a partir del VGE (Tabla 4). Particularmente, el cruce C90-501 x Mex66-1235, se encuentra categorizado como comprobado por su VGE, lo que denota su importancia para aportar individuos de alto rendimiento y con resistencia a la roya parda. Mientras que, C187-68 x CP70-1133, es una familia que aporta selección, aunque con susceptibilidad a la enfermedad.

Los cruces C90-501 x B6368, C323-68 x CP70-1133 y C92-325 x C86-407 y, clasificados como exploratorios, han aportado selección, pero en los dos últimos, la incidencia y la severidad de la roya parda muestran altas proporciones. Esto implica futuras evaluaciones para decidir la conveniencia de mantenerlos o no en el programa de cruzamientos.

De los cruces clasificados como moderadamente descartados, C323-68 x CP72-2086 aporta individuos con resistencia o tolerancia a la roya parda. Mientras que C1616-75 x CP70-1133 presenta un bajo VGE y una afectación considerable por la enfermedad. Estas mismas características se evidencian en C323-68 x C227-59 y B6368 x Co997, lo que las confirma como posibles a descartar dentro del programa de cruzamientos de Cuba.

En los progenitores femeninos, las variables grado medio de la roya parda; incidencia y severidad, estuvieron entre 0,9-2,6, 59,4-100 % y 1,3-2,6, respectivamente (Tabla 5). Se observó mayor variabilidad en las variables grado de roya parda y severidad. Es de destacar la importancia de C90-501 en el programa de cruzamientos, al aportar individuos resistentes a la enfermedad.

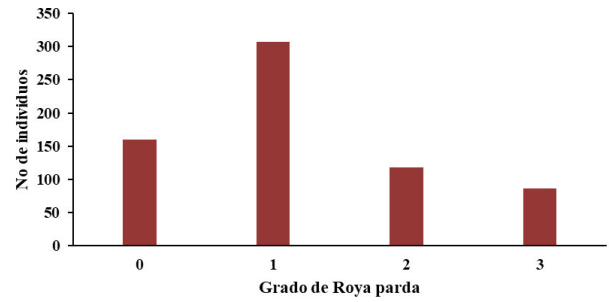
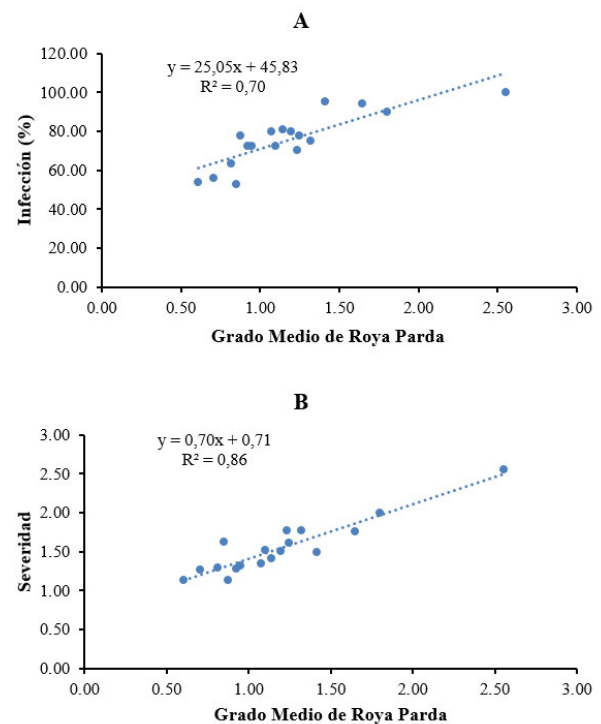


Figura 1. Distribución por grado de la roya parda en el Lote Clonal 1-2017 del programa de mejoramiento genético de la región suroriental de Cuba



A) incidencia y B) severidad de 18 familias en etapa Lote Clonal 1 del programa de mejoramiento genético de la región suroriental de Cuba

Figura 2. Relación entre el grado medio de roya parda y las variables incidencia y severidad

Tabla 2. Valores máximo, mínimo, medio y coeficiente de variación del número de clones y los grados de roya parda (RP) de las familias evaluadas en el Lote Clonal 1-2017

Parámetro	No. clones	Grado de RP
Máximo	42	3
Mínimo	28	0
Media	37	1,2
DS	4,55	0,94
CV % (entre familias)	12,3	78,3
CV % (intra familias)		70,6

DS- desviación estándar, CV- coeficiente de variación

**Tabla 3.** Variables grado de roya parda (RP), incidencia (%) y severidad de las familias evaluadas en Lote Clonal 1-2017

Código Familia	Progenitores		Grado RP	Incidencia (%)	Severidad
	Femenino	Masculino			
465	C90-501	Mex66-1235	0,6	53,6	1,1
687	CP72-2086	B45181	0,7	55,9	1,3
1640	C323-68	CP72-2086	0,8	63,2	1,3
476	C90-501	B6368	0,9	52,5	1,6
278	C92-325	C86-407	0,9	77,5	1,1
320	C86-56	C187-68	0,9	72,5	1,3
650	C323-68	C227-59	1	72,5	1,3
1636	C323-68	CP70-1133	1,1	80	1,3
1975	C266-70	B45211	1,1	72,5	1,5
1552	C120-78	C1051-73	1,1	81	1,4
1676	C86-407	B6368	1,2	80	1,5
450	C92-325	CP70-1133	1,2	70	1,8
107	CR63-124	M165/38	1,3	77,5	1,6
463	C90-501	C90-101	1,3	75	1,8
151	C187-68	CP70-1133	1,4	95,1	1,5
1499	B6368	Co997	1,6	94,1	1,8
206	C1616-75	CP70-1133	1,8	90	2
1856	C86-503	C88-553	2,6	100	2,6
Media			1,2	75,7	1,5
CV %			38,6	18,2	22,6

CV-coeficiente de variación

**Tabla 4.** Valor genético estimado y categoría de las familias evaluadas en Lote Clonal 1 -2017

Código Familia	Progenitores		VGE	Categoría (según VGE)
	Femenino	Masculino		
465	C90-501	Mex66-1235	87,9	Comprobado
151	C187-68	CP70-1133	83,5	moderadamente comprobado
476	C90-501	B6368	80,4	Exploratorio
278	C92-325	C86-407	79,4	Exploratorio
1636	C323-68	CP70-1133	78,2	Exploratorio
1640	C323-68	CP72-2086	76,9	moderadamente descartado
650	C323-68	C227-59	75,8	muy descartado
206	C1616-75	CP70-1133	74,6	moderadamente descartado
1499	B6368	Co997	73,1	Descartado

VGE-valor genético estimado

Los valores obtenidos para las variables grado de roya parda, incidencia y severidad de los progenitores masculinos se muestran en la [Tabla 6](#). En este sentido, Mex66-1235 es de menor valor en las tres variables evaluadas, lo que confirma su importancia en el programa de cruzamientos. Estudios posteriores de familias que incluyan B45181, CP72-2086 y CP70-1133, ofrecerán un mejor estimado de su contribución en la obtención de cultivares resistentes o tolerantes a la enfermedad.

La alta variabilidad observada en la etapa Lote Clonal 1, en la región suroriental de Cuba, denota la importancia de la selección familiar para las evaluaciones de progenies resistentes o tolerantes a la enfermedad. La roya parda es una de las enfermedades más devastadoras para la producción de caña de azúcar en el mundo (14). El uso de progenitores con resistencia a la enfermedad es la base fundamental de los programas de mejoramiento genético.

Las familias y progenitores con mayores valores en las variables grado, incidencia y severidad incrementan el riesgo de obtención de cultivares susceptibles. Estos deben ser limitados en el programa de cruzamiento, aún más si se considera que la enfermedad está presente en todas las áreas cañeras de Cuba (15) y constituye una limitación para la producción de caña y azúcar.

Estudios similares a este trabajo permiten discriminar los progenitores con las mejores oportunidades de producir clones élite (10). Mundialmente, se han desarrollado múltiples ensayos para eliminar los efectos negativos de la roya parda en los rendimientos, calidad y beneficios de la caña de azúcar. Los mismos, incluyen el mejoramiento convencional, selección asistida por marcadores moleculares, monitoreo de la enfermedad, aplicación de fungicidas y selección de cultivares resistentes por métodos intensivos (16,17).

**Tabla 5.** Variables grado de roya parda (RP), incidencia (%) y severidad de los progenitores femeninos evaluados en Lote Clonal 1-2017

Femenino	Grado RP	Incidencia (%)	Severidad
C90-501	0,9	59,4	1,5
C86-56	0,9	72,5	1,3
C323-68	0,9	72,0	1,3
C92-325	1,0	74,3	1,4
C266-70	1,1	72,5	1,5
C120-78	1,1	81,0	1,4
C86-407	1,2	80,0	1,5
CR63-124	1,3	77,5	1,6
C187-68	1,4	95,1	1,5
B6368	1,6	94,1	1,8
C1616-75	1,8	90,0	2,0
C86-503	2,6	100,0	2,6
Media	1,3	78,8	1,6
CV %	38,2	16,9	22,3

CV- coeficiente de variación

**Tabla 6.** Variables grado de roya parda (RP), incidencia (%) y severidad de los progenitores masculinos evaluados en Lote Clonal 1-2017

Masculino	Grado RP	Incidencia (%)	Severidad
Mex66-1235	0,6	53,6	1,1
B45181	0,7	55,9	1,3
CP72-2086	0,8	63,2	1,3
C86-407	0,9	77,5	1,1
C187-68	0,9	72,5	1,3
C227-59	1,0	72,5	1,3
B6368	1,0	66,3	1,5
B45211	1,1	72,5	1,5
C1051-73	1,1	81,0	1,4
M165/38	1,3	77,5	1,6
C90-101	1,3	75,0	1,8
CP70-1133	1,4	84,8	1,6
Co997	1,6	94,1	1,8
C88-553	2,6	100,0	2,6
Media	1,2	74,7	1,5
CV %	41,9	17,4	24,2

CV- coeficiente de variación

La evaluación de los progenitores basados en la respuesta de la progenie a la roya parda y otras características agronómicas, en etapas tempranas del esquema de obtención de nuevos cultivares, puede contribuir a mejorar la elección de cruces y progenitores del programa de mejoramiento genético. Existen evidencias sobre la efectividad de la selección familiar para identificar los mejores individuos en familias con mayor proporción de clones con características adecuadas (18). La disponibilidad de los datos de la evaluación de roya parda en las familias permitirá a los mejoradores el desarrollo de cruzamientos con resistencia a la enfermedad y altos rendimientos en caña y azúcar.

## CONCLUSIONES

- La roya parda de la caña de azúcar presenta alta variabilidad en grado, incidencia y severidad entre familias en la etapa de Lote Clonal 1.
- Las variables grado de roya parda y severidad resultan las más útiles para identificar familias con progenies resistentes o tolerantes a la enfermedad.
- Las familias C90-501 x Mex66-1235 y C90-501 x B6368, aportan individuos de alto rendimiento y con resistencia a la roya parda.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Huang YK, Li WF. Colored atlas of control on diseases, insect pests and weeds of modern sugarcane. Beijing: China Agriculture Press; 2016. 118-121 p.
2. Rott PC, Girard J-C, Comstock JC. Impact of pathogen genetics on breeding for resistance to sugarcane diseases. *International Society of Sugar Cane Technologists*. 2013;28:1-11.
3. Peixoto-Junior RF, Creste S, Landell MGA, Nunes DS, Sanguino A, Campos MF, et al. Genetic diversity among *Puccinia melanocephala* isolates from Brazil assessed using simple sequence repeat markers. *Genet Mol Res*. 2014;13(3):7852-63.
4. Rott P, Kaye C, Naranjo M, Shine JM, Sood S, Comstock JC, et al. Controlling sugarcane diseases in Florida: a challenge in constant evolution. *Proceedings of the 29th Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists*. 2016;29:595-600.
5. Hoy JW, Hollier CA. Effect of Brown Rust on Yield of Sugarcane in Louisiana. *Plant Disease*. 2009;93(11):1171-4. doi:10.1094/PDIS-93-11-1171
6. Jorge H, González R, Casas M, Jorge I. Normas y procedimientos del programa de mejoramiento genético de la caña de azúcar en Cuba. PUBLINICA. La Habana, Cuba. 2011;308.
7. Rott P. Achieving sustainable cultivation of sugarcane Volume 2: Breeding, pests and diseases. Burleigh Dodds Science Publishing; 2018. 75-108 p.
8. Yang X, Islam MS, Sood S, Maya S, Hanson EA, Comstock J, et al. Identifying Quantitative Trait Loci (QTLs) and Developing Diagnostic Markers Linked to Orange Rust Resistance in Sugarcane (*Saccharum* spp.). *Frontiers in Plant Science*. 2018;9:350. doi:10.3389/fpls.2018.00350
9. Chaulagain B, Raid RN, Rott P. Timing and frequency of fungicide applications for the management of sugarcane brown rust. *Crop Protection*. 2019;124:104826. doi:10.1016/j.cropro.2019.05.020
10. Zhao D, Davidson RW, Baltazar M, Comstock JC, McCord P, Sood S. Screening for Sugarcane Brown Rust in the First Clonal Stage of the Canal Point Sugarcane Breeding Program. *Agronomy*. 2015;5(3):341-62. doi:10.3390/agronomy5030341
11. Rodríguez-Gross R, Puchades-Izaguirre Y, Aiche-Maceo W, Cornide-Hernández MT. Modelo matemático para estimar el valor genético de progenitores y cruces en caña de azúcar. *Cultivos Tropicales*. 2018;39(2):81-8.
12. Rodríguez-Gross R, Puchades-Izaguirre Y, Aiche-Maceo W, Rodríguez-Gross R, Puchades-Izaguirre Y, Aiche-Maceo W. Metodología de validación y manejo de cruces en la mejora genética en caña de azúcar. *Cultivos Tropicales* [Internet]. 2020 [cited 03/05/2022];41(1). Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_abstract&pid=S0258-59362020000100002&lng=es&nrm=iso&tling=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0258-59362020000100002&lng=es&nrm=iso&tling=es)
13. Rodríguez R, Puchades Y, Abiche W, Rill S, García H. SASEL: software for data management generated in the Cuban sugarcane-breeding program. In: *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists*. 2016. p. 63-6.
14. Hoy J. Sugarcane: Brown rust coming back - what you can do [Internet]. *Farm Progress*. 2012 [cited 09/05/2022]. Available from: <https://www.farmprogress.com/management/sugarcane-brown-rust-coming-back-what-you-can-do>
15. La O M, Perera MF, Bertani RP, Acevedo R, Arias ME, Casas MA, et al. An overview of sugarcane brown rust in Cuba. *Scientia Agricola*. 2018;75(3):233-8. doi:10.1590/1678-992X-2016-0381
16. Li W-F, Shan H-L, Zhang R-Y, Pu H-C, Wang X-Y, Cang X-Y, et al. Identification of field resistance and molecular detection of the brown rust resistance gene *Bru1* in new elite sugarcane varieties in China. *Crop Protection*. 2018;103:46-50. doi:10.1016/j.cropro.2017.09.007
17. Shan H, Li W, Huang Y, Wang X, Zhang R, Li J, et al. Screening of Polymorphic SSR Molecular Markers Between Resistant and Susceptible Parents for Localization of Brown Rust Resistance Gene. *Sugar Tech*. 2020;22(1):1-7. doi:10.1007/s12355-019-00750-9
18. Shanthi RM, Bhagyalakshmi KV, Hemaprabha G, Alarmelu S, Nagarajan R. Relative performance of the sugarcane families in early selection stages. *Sugar Tech*. 2008;10(2):114-8. doi:10.1007/s12355-008-0019-8