

La batalla silenciosa: RESISTENCIA A ENFERMEDADES EN CEREALES

Los cereales son pilares de la seguridad alimentaria global, pero su productividad está amenazada por enfermedades cada vez más agresivas. Frente a este desafío, la mejora por resistencia basada en diversidad, tecnología y conocimiento biológico ofrece soluciones sostenibles para desarrollar cultivos más resistentes, esenciales en el contexto de cambio climático y la creciente demanda alimentaria.

ELENA PRATS, FRANCISCO J. CANALES, MARÍA JESÚS CAÑUELO, NICOLAS RISPAIL,
GRACIA MONTILLA-BASCÓN
CSIC, Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba

Los cereales juegan un papel fundamental en la seguridad alimentaria a nivel global, tanto por su alto contenido calórico que los ha establecido como base de la dieta humana, ya que aproximadamente el 44% de las calorías que consumimos provienen directamente de ellos, como por su facilidad de almacenamiento. Además, su uso como alimento para el ganado amplía, incluso a más alto nivel, su importancia en la cadena alimentaria. La producción mundial de cereales en 2024 ascendió a 2.848 millones de toneladas, según la FAO (FAO, 2025). Aunque esta cifra representa un leve descenso respecto al año anterior, sigue siendo una de las más altas registradas. En España producimos alrededor de 21 millones de toneladas de grano al año, principalmente cebada, trigo, maíz y avena, pero necesitamos importar cerca de 11 millones de toneladas adicionales para satisfacer la demanda interna. Esto nos convierte en un país deficitario en cereales, una condición preocupante debido a su centralidad en la dieta mediterránea y en la produc-

ción ganadera. Dado que la expansión de la superficie agrícola es limitada, tanto a nivel nacional como global, el principal reto está en aumentar la productividad. Uno de los mayores desafíos para la productividad de los cereales son las enfermedades, que, junto con los estreses abióticos, no solo causan importantes reducciones en el rendimiento, sino también inestabilidad a lo largo de las campañas agrícolas.

Las principales enfermedades de los cereales son de origen fúngico, bacteriano o vírico, siendo las fúngicas las más comunes y económicamente más importantes. Entre las más relevantes se encuentran las royas, como la roya parda del trigo causada por *Puccinia triticina* y la roya amarilla provocada por *Puccinia striiformis*, la roya de la cebada, *Puccinia hordei*, y la roya de la corona de la avena causada por *Puccinia coronata* f.sp. *avenae*, todas ellas capaces de reducir significativamente el rendimiento, especialmente en condiciones húmedas y templadas durante el ciclo del cultivo (Chaves *et al.*, 2008). El oídio, causado por *Blu-*

meria graminis, afecta al trigo (f.sp. *tritici*), a la cebada (f.sp. *hordei*) y a la avena (f.sp. *avenae*), pudiendo provocar pérdidas de hasta un 30%, especialmente en regiones más frescas y húmedas donde la septoriosis, producida por *Septoria tritici* también puede causar pérdidas superiores al 20% si no se controla adecuadamente. En zonas específicas, el virus del enanismo amarillo de la cebada (BYDV) también puede provocar pérdidas en trigo, cebada y avena. Sin embargo, de todas ellas la enfermedad producida por la roya, de carácter policíclico y elevada capacidad de dispersión, es la que constituye uno de los mayores desafíos, ya que en condiciones muy favorables las pérdidas pueden llegar hasta el 100%.

La mejora por resistencia frente a la amenaza de las enfermedades

En este contexto, el desarrollo de cultivos resistentes se presenta como una de las estrategias más eficaces, económica y ambientalmente sostenible para reducir la dependencia de fungicidas y

mitigar el impacto de estas patologías en el rendimiento y la sostenibilidad de los sistemas agrícolas (Simons, 1985; Herrmann y Roderick, 1996). El éxito de la mejora genética depende de tres pilares fundamentales: la disponibilidad de diversidad genética, el uso de herramientas de selección adecuadas y un conocimiento profundo de los mecanismos biológicos implicados en la resistencia, que permitan una mejora más directa y dirigida.

La diversidad genética constituye el cimiento sobre el cual se construyen los programas de mejora. Esta diversidad no solo permite identificar alelos favorables para la resistencia, sino que también proporciona resiliencia frente a nuevas amenazas emergentes. Sin embargo, la diversidad genética se ha visto mermada durante el siglo XX debido a la sustitución de variedades locales por cultivares modernos, lo que ha limitado el acceso a alelos favorables para la resistencia. Las variedades locales o "landraces", al haber co-evolucionado con condiciones agroclimáticas específicas y con poblaciones locales de patógenos, albergan una riqueza genética que frecuentemente ha sido subestimada. Estas variedades pueden contener genes de resistencia que no se encuentran en los cultivares modernos, y que podrían conferir una resistencia más amplia y/o duradera por lo que representan una fuente valiosa de resistencia a enfermedades y tolerancia a estreses abióticos. Su incorporación en programas de mejora, especialmente en regiones con sistemas de cultivo de bajos insumos, permite ampliar el espectro de respuestas defensivas disponibles y recuperar alelos perdidos durante la domesticación. Los bancos de germoplasma y las colecciones de recursos fitogenéticos desempeñan un papel crucial en la conservación y caracterización de esta diversidad (Newton *et al.*, 2010; Sánchez-Martín *et al.*, 2014).

La evolución de las herramientas de selección de plantas resistentes ha transformado radicalmente la mejora genética. A los métodos tradicionales basados en el fenotipado visual se han sumado tecnologías de alto rendimien-



FIGURA 1

Diagrama esquemático de los tres pilares fundamentales en la mejora por resistencia a enfermedades. Cada vértice del triángulo representa un componente esencial: la diversidad genética, las herramientas de selección y el conocimiento biológico. Su integración permite desarrollar cultivares más resistentes y adaptados a los desafíos actuales y futuros.

to que permiten una selección más precisa, rápida y eficiente. La selección asistida por marcadores (MAS) ha sido un punto de inflexión, permitiendo rastrear genes de resistencia específicos durante el proceso de mejora. Más recientemente, la selección genómica (GS) ha permitido predecir el valor genético de un individuo a partir de su perfil genómico completo, incluso antes de que se exprese el fenotipo (Rio *et al.*, 2021). Esta estrategia es especialmente útil para caracteres cuantitativos como la resistencia parcial o la tolerancia a múltiples enfermedades. Además, la integración de plataformas de fenotipado de alta resolución, equipadas con sensores hiperespectrales, cámaras térmicas o drones, permite evaluar grandes poblaciones en condiciones de campo con una precisión sin precedentes, capturando dinámicas temporales de la infección y respuestas fisiológicas asociadas. El desarrollo reciente de estudios de asociación genó-

mica (GWAS) ha permitido identificar loci asociados a resistencia en colecciones diversas (Achleitner *et al.*, 2008; Newell *et al.*, 2012; Montilla-Bascón *et al.*, 2015), aunque la proporción de variación explicada por estos marcadores suele ser limitada. Para mejorar la resolución de estos estudios, se han incorporado tecnologías como el genotipado por secuenciación (GBS), que permite obtener miles de SNPs (zonas en los que los individuos difieren en su ADN) distribuidos por todo el genoma (Huang *et al.*, 2014; Tinker *et al.*, 2016). Esta tecnología, combinada con análisis bioinformáticos avanzados, abre nuevas posibilidades para la selección, la predicción genómica y la identificación de genes candidatos responsables de los fenotipos de resistencia que queremos seleccionar. El tercer pilar, el conocimiento profundo de los mecanismos biológicos implicados en la resistencia, es esencial para una mejora genética racional y dirigida.

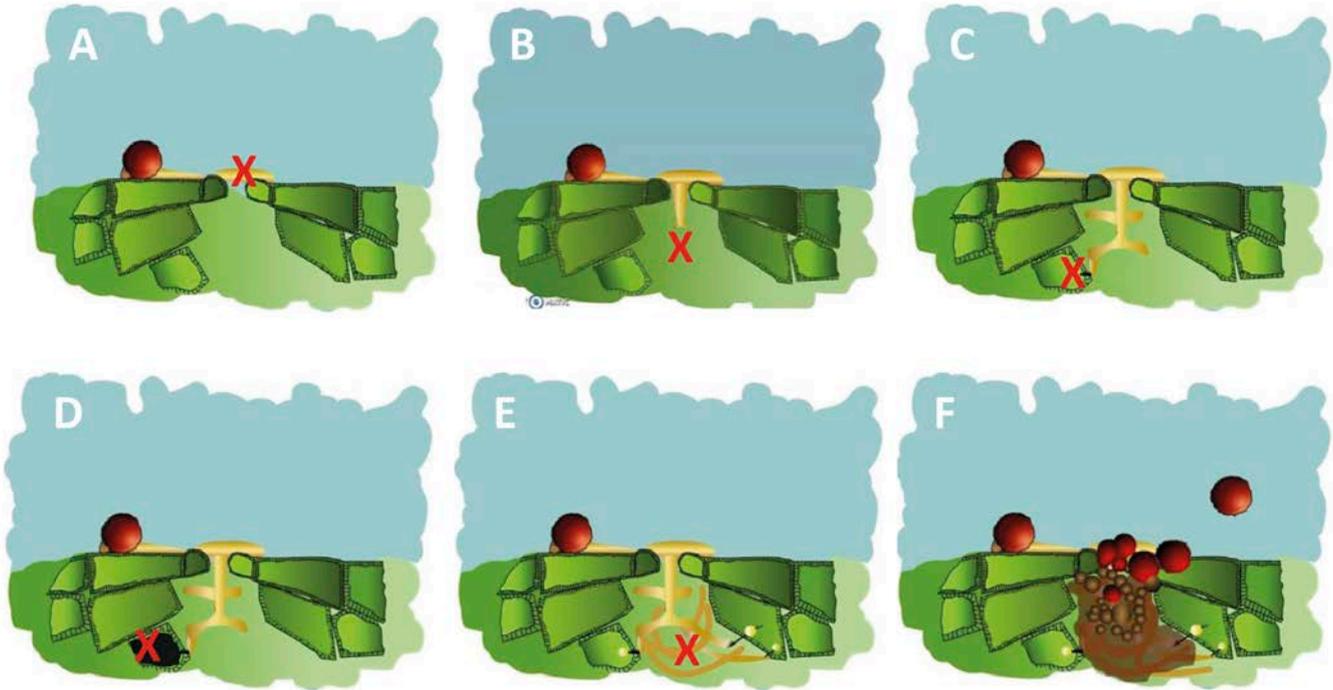


FIGURA 2

Diagrama esquemático de las diferentes etapas del proceso de infección por roya en las que pueden activarse mecanismos de resistencia en la planta hospedadora. A, B y C) La resistencia basal incluye entre otros la excreción de fitoalexinas en la superficie foliar que impiden la formación del apresorio y/o de la vesícula subestomática, así como el refuerzo de la pared celular y la formación de papilas para evitar la penetración del micelio en las células del mesófilo. D) La resistencia hipersensible supone la muerte celular programada que impide el desarrollo del haustorio. E) La resistencia posthaustorial limita la alimentación del hongo a través de los haustorios, reduciendo el crecimiento de las hifas, el tamaño de la colonia y el período de latencia. F) Si no se activa ningún mecanismo de resistencia, el tejido esporogónico madura, rompe la epidermis y libera esporas que se dispersan, iniciando un nuevo ciclo de infección.

La resistencia a enfermedades es un proceso complejo que involucra múltiples capas de defensa, desde barreras físicas hasta respuestas moleculares altamente reguladas. Las tecnologías “ómicas” han permitido desentrañar redes de genes, proteínas y metabolitos que participan en la percepción del patógeno, la transducción de señales y la activación de respuestas defensivas facilitando la selección dirigida de genotipos resistentes. Por ejemplo, se ha identificado el papel central de las proteínas NBS-LRR en la detección de efectores patogénicos, así como la participación de hormonas como el ácido salicílico, el jasmonato y el etileno en la modulación de la respuesta inmune, (Sánchez-Martín *et al.*, 2015; Montilla-Bascón *et al.*, 2016). Paralelamente, el avance en herramientas digitales de fenotipado, como sistemas de análisis

de imágenes para cuantificar la frecuencia de infección o la severidad de síntomas, junto con plataformas automatizadas de fenotipado, ha mejorado la precisión y reproducibilidad de las evaluaciones, facilitando la selección de genotipos resistentes de forma más objetiva y eficiente (Gallego-Sánchez *et al.*, 2020).

Durabilidad de la resistencia

A pesar de los avances en la mejora genética, muchas de las variedades de cereales resistentes actualmente en uso son rápidamente superadas por nuevos aislados del patógeno, lo que genera ciclos recurrentes de resistencia y posterior susceptibilidad. Esto se debe, en parte, al uso extensivo de resistencias monogénicas, especialmente aquellas basadas en la respuesta hipersensible (HR), un mecanismo que induce la

muerte programada de la célula atacada y, por tanto, impide el crecimiento de patógenos biotrofos. La naturaleza monogénica de esta resistencia hace más fácil su uso en mejora al ser altamente heredable, pero también la hace más fácilmente superable por evolución del patógeno, limitando su durabilidad (Mur *et al.*, 2008; Dalio *et al.*, 2021). Esto se ha demostrado por ejemplo con la frecuente pérdida de eficacia de los genes *Pc* de resistencia a roya en avena, en la que la mayoría de los más de 100 genes catalogados han sido superados por diferentes aislados del patógeno (Nazareno *et al.*, 2018). Esto se debe principalmente a la presión de selección ejercida por la baja diversidad genética de los cultivares utilizados que ha facilitado esta adaptación del patógeno, (Chong & Seaman, 1997; Chong & Zegeye,

2004). Para mitigar este riesgo, se ha propuesto el apilamiento (*pyramiding*) de múltiples genes de resistencia específica. No obstante, su eficacia depende de factores como el número y especificidad de los genes combinados y de la diversidad en virulencia de la población patogénica (Nazareno *et al.*, 2018). Además, se ha propuesto el uso de mezclas varietales en las que las diferentes variedades llevan diferentes genes de resistencia, como una forma de diversificar el paisaje genético en el campo, reduciendo la propagación de razas virulentas. Estas estrategias, sin embargo, requieren un conocimiento detallado de la biología del patógeno, su estructura poblacional y su capacidad de adaptación.

Frente a esta vulnerabilidad de la resistencia, la mejora genética se ha orientado, sin dejar de lado los genes mayores de resistencia, hacia la incorporación de mecanismos de re-

sistencia más duraderos, especialmente combinando aquellos que actúan en diferentes etapas del proceso de infección. La evaluación histológica permite visualizar y cuantificar estas respuestas defensivas a nivel celular, facilitando la selección de genotipos con mecanismos complementarios. La resistencia basal, por ejemplo, se activa en las fases más tempranas, incluye respuestas como la producción de fitoalexinas, la formación de papilas y el refuerzo de la pared celular, que dificultan la penetración del patógeno. Estos mecanismos son de amplio espectro y más difíciles de superar por nuevas razas patogénicas (Rubiales & Niks, 2002). Si el patógeno logra penetrar, puede activarse aún una eficaz respuesta hipersensible mediada por genes mayores, que, aunque es más vulnerable, estaría sometida a una menor presión de selección por la existencia de los mecanismos previos,

dificultando la aparición de razas virulentas y aumentando la durabilidad de la resistencia (Rubiales & Niks, 2000). En fases posteriores, la resistencia posthaustorial, que limita el desarrollo del hongo tras la formación del haustorio, el “órgano” que permite el parasitismo del huésped, también puede ser eficaz disminuyendo la severidad final en las enfermedades policíclicas. Este conocimiento de los mecanismos de resistencia a nivel celular no solo permite seleccionar genotipos con respuestas más eficaces, sino también diseñar estrategias “multicapa” con mecanismos que cubren diferentes puntos del proceso de infección, aumentando así la robustez y durabilidad de la resistencia. Esta combinación de mecanismos puede reducir la presión de selección sobre cada uno de ellos. Así, la integración de conocimientos sobre la biología del patógeno, la fisiología de la planta y la dinámica de

DISEÑO HIDRÁULICO Y MANTENIMIENTO DE INSTALACIONES DE RIEGO POR GOTEO

Miguel A. Monge Redondo



15€



editorial
agrícola

Una marca de  grupo editorial agrícola
henar comunicación

Pedidos a:
Editorial Agrícola Española S.A.
Tlf: 91 521 16 33 / libros@editorialagricola.com
www.editorialagricola.com

la interacción planta-patógeno resulta esencial para diseñar estrategias de mejora más sostenibles y eficaces.

A pesar de las bondades de la resistencia a las enfermedades, ésta no está exenta de costes. Diversos estudios han demostrado que ciertos mecanismos defensivos pueden alterar la fisiología de la planta, afectando procesos como la apertura estomática, la fotosíntesis o la eficiencia en el uso del agua (Mur *et al.*, 2013; Prats *et al.*, 2006). Por ejemplo, se ha observado que algunos genotipos resistentes presentan disfunciones estomáticas tras la infección, como cierre permanente o apertura mantenida de estomas, lo que puede comprometer su tolerancia a la sequía. Estos efectos varían según el fondo genético, lo que sugiere que es posible seleccionar genotipos que combinen resistencia eficaz con un bajo coste fisiológico. La acumulación de especies reactivas de oxígeno, como el peróxido de hidrógeno, ha sido implicada tanto en la activación de respuestas defensivas como en la aparición de disfunciones fisiológicas, lo que refuerza la necesidad de comprender los mecanismos moleculares que subyacen a estos procesos (Lamb y Dixon, 1997; Piffanelli *et al.*, 2004).

Perspectivas

En este escenario, la resistencia a enfermedades en cereales debe orientarse hacia la identificación y combinación de mecanismos de resistencia eficaces, duraderos y con bajo impacto fisiológico en el cultivo. La selección de genotipos que integren respuestas defensivas complementarias, tanto a nivel molecular como celular, permitirá desarrollar cultivares más resilientes. Asimismo, la incorporación de herramientas digitales y “ómicas” en los programas de mejora facilitará una selección más precisa y eficiente, acelerando el desarrollo de nuevas variedades adaptadas a los retos actuales y futuros. La edición genética mediante herramientas como CRISPR/Cas9 ofrece nuevas posibilidades para mejorar la durabilidad de la resistencia. Esta tecnología permite modificar genes de la planta para potenciar respues-

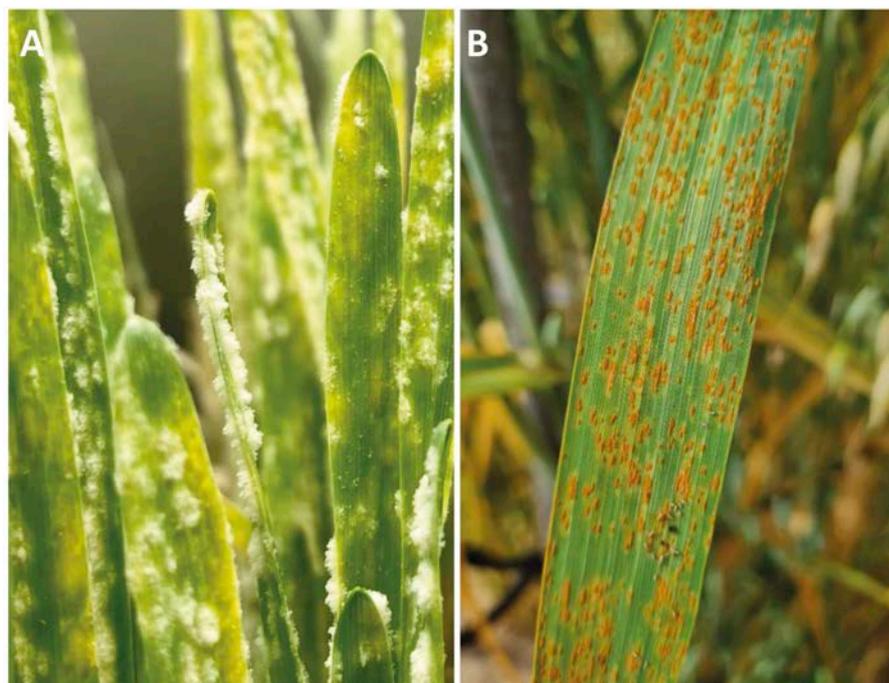


FIGURA 3

Fotografías de plantas infectadas con oídio y roya, unas de las principales enfermedades de cereales. (A) Plántulas de cebada con síntomas de oídio (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*), visible como un micelio blanco y pulverulento sobre la superficie foliar. (B) Hoja de avena con síntomas de roya de la corona (*Puccinia coronata* f. sp. *avenae*), que se manifiesta como pústulas anaranjadas a marrones en el haz de las hojas. Ambas enfermedades reducen la actividad fotosintética comprometiendo el rendimiento del cultivo.

¿SABÍAS QUE... EN CLIMAS MEDITERRÁNEOS LA ROYA ES MÁS VIRULENTE?

En estas regiones, el hongo completa numerosos ciclos de infección gracias al clima favorable y, además, puede reproducirse sexualmente gracias a la presencia del hospedador alternativo. Esta combinación potencia su diversidad genética y lo convierte en un patógeno especialmente agresivo.

tas defensivas o eliminar factores de susceptibilidad, con una precisión sin precedentes. Aunque su aplicación en cereales aún enfrenta desafíos técnicos y regulatorios, representa una vía prometedora para el desarrollo de va-

riedades más resistentes y sostenibles. La sostenibilidad de la agricultura depende en gran medida de nuestra capacidad para anticipar y mitigar las amenazas que afectan a los cultivos. En un contexto de cambio climático, de creciente presión sobre los recursos naturales y demanda de alimentos seguros y saludables, la resistencia a enfermedades a través de la mejora genética se presenta como una herramienta clave. Su éxito, sin embargo, requiere una visión integradora que combine diversidad genética, tecnología y conocimiento profundo de los procesos biológicos. Solo así será posible avanzar hacia una agricultura verdaderamente sostenible, capaz de alimentar a una población creciente sin comprometer la salud del planeta.

Bibliografía

Queda a disposición del lector interesado en el correo electrónico: redaccion@editorialagricola.com



SEBRADORA AIRSEM XL

 **GIL**
Calidad rentable

- ✓ 6.000l de capacidad
- ✓ Mayor ergonomía y gran maniobrabilidad
- ✓ Equipos de alta tecnología y fácil manejo
- ✓ Máxima autonomía con menor potencia requerida
- ✓ Mayor rendimiento con menos consumo



www.sembradorasgil.com



Desde 1954