

Nuevos patógenos vegetales: ¿Surgidos de la nada?

Juan Carlos Codina Escobar

Profesor de Educación Secundaria en el IES Sierra Bermeja de Málaga, Colaborador honorario de la Universidad de Málaga en el Departamento de Microbiología.

jccodina@uma.es

17

Cuando aparece un nuevo organismo patógeno que provoca graves pérdidas en algún cultivo vegetal es muy común utilizar ese término, aparecer, como si hubiese surgido de la nada. Queda muy atrás en el tiempo la teoría de la generación espontánea, ahora totalmente falsada. Por ello, uno de los aspectos interesantes en el estudio evolutivo de la aparición de organismos patógenos de vegetales en los ecosistemas agrarios sea el intentar dar respuestas a preguntas del tipo, dónde, cuándo y cómo surgió un determinado organismo patógeno. La propia naturaleza del ecosistema agrario ha jugado un papel significativo en la aparición y expansión de los patógenos vegetales.

Desde la aparición de la agricultura, hecho que se produjo de forma gradual entre los años 12000 a 2000 aC (Balter, 2007), ha existido una lucha entre agricultores y organismos patógenos de vegetales. Los datos arqueológicos de que se dispone, actualmente sustentados por datos genéticos, sitúan en Oriente Medio, concretamente en Mesopotamia y otras culturas neolíticas del denominado Creciente Fértil, los primeros cultivos a partir de los cuales evolucionaron los ocho cultivos más importantes para el ser humano: trigo, maíz, cebada, lino, garbanzo, guisante, lenteja y algarroba. La selección intensiva de determinados fenotipos y el cultivo de los mismos alteró las poblaciones de las especies progenitoras hasta dar lugar a las variedades de cultivos que conocemos hoy.

A partir de ese momento, el desarrollo de nuevas especies cultivables y de nuevas técnicas agrícolas permitió tanto la aparición de nuevos organismos patógenos como cambios significativos en las poblaciones de patógenos que ya existían en los ancestros silvestres de las especies cultivables. Los nuevos ecosistemas agrarios mostraron una mayor homogeneidad ambiental, una menor diversidad específica y una muy alta densidad de hospedadores, hechos que de forma general facilitan la transmisión de organismos patógenos desde las plantas infectadas a sus vecinas sanas. El campo agrícola se convirtió en un ecosistema con menos tendencias a las fluctuaciones, las cuales hubieran contribuido a una disminución en el tamaño de las poblaciones de organismos patógenos e, incluso, a su completa extinción (Stukenbrock y McDonald, 2008).

Las poblaciones de los organismos patógenos se enfrentan, en los modernos ecosistemas agrarios, con pesticidas, genes de resistencia en los hospedadores, rotación de cultivos y una amplia variedad de prácticas culturales dirigidas a reducir su capacidad para infectar nuevas plantas. Se cree que el grado de virulencia de un organismo patógeno se ve afectado por el equilibrio entre su replicación dentro del hospedador y su transmisión. Así, si el organismo patógeno crece demasiado rápido en el interior de una

planta infectada, de forma que la mata antes de poder transmitirse a una nueva planta sana, entonces dicho organismo patógeno no se extenderá y no se producirá una epidemia. Lógicamente las condiciones contrarias a las anteriores favorecen el desarrollo de epidemias.

La aparición de nuevos organismos patógenos puede suceder mediante especiación simpátrica o alopatrica. La primera representa la divergencia genética de poblaciones que habitan la misma zona geográfica, mientras que la especiación alopatrica sucede entre poblaciones geográficamente separadas. Este tipo de especiación puede darse tras la introducción y el establecimiento con éxito de un organismo patógeno en un ambiente nuevo. Es lo que sucede como consecuencia del comercio a escala global de productos agrícolas que ha conllevado no sólo el transporte de vegetales, sino también de sus organismos patógenos asociados. La introducción de plantas o de organismos patógenos en nuevos ambientes crea nuevas relaciones patógeno-hospedador que pueden causar graves daños en las poblaciones hospedadoras nativas. Famosa es la hambruna en Irlanda causada por la introducción en la isla del oomicete patógeno de la patata, *Phytophthora infestans* a mediados del siglo XIX (Godwin y cols., 1994).

La búsqueda de las respuestas a las preguntas de dónde y cuándo apareció un determinado organismo patógeno, o lo que es lo mismo, la determinación de las escalas espacio-temporales de su aparición se lleva a cabo mediante la combinación de herramientas de la genética de poblaciones, de la arqueología y de la arqueobotánica. Sin embargo, nuevos métodos basados en la genética de poblaciones, métodos de coalescencia y filogeografía han proporcionado una nueva visión de los procesos que dan lugar a la aparición de patógenos vegetales. A partir de diferentes muestras geográficas de organismos patógenos se llevan a cabo análisis de determinados marcadores de ADN, análisis filogenéticos y de haplotipos. Así, en el caso del hongo patógeno del trigo *Mycosphaerella graminicola*, los análisis filogenéticos y las redes de haplotipos empleadas mostraron una mayor diversidad en los loci RFLP y en secuencias de ADN, en poblaciones aisladas de Israel. Las redes de haplotipos de los loci de ADN polimórfico sugieren que los haplotipos ancestrales se originaron en Oriente Medio (Banhe y McDonald, 2005). Otras aproximaciones metodológicas permiten la reconstrucción de árboles genéticos que muestran la distribución de mutaciones específicas producidas a lo largo del tiempo.

Con respecto al cómo aparecen nuevos organismos patógenos, aunque la mayoría puede surgir a través de mecanismos diversos, se pueden resaltar cuatro procedimientos principales: domesticación del patógeno junto con un nuevo hospedador, adaptación al nuevo hospedador, transferencia genética horizontal e hibridación (Stukenbrock y McDonald,

2008). El primero de los procedimientos también recibe el nombre en lengua inglesa de *host tracking* y en él el hospedador y el patógeno coevolucionan durante el proceso de cultivo del hospedador y el desarrollo del ecosistema agrario específico para dicho hospedador. Cuando se desarrolla y extiende el nuevo agroecosistema, el aumento en el número de plantas hospedadoras proporciona un ambiente altamente conductivo para los organismos patógenos seleccionados por su alta eficacia que les permite expandirse conjuntamente con el nuevo cultivo agrícola.

Con respecto al segundo procedimiento, un nuevo organismo patógeno surge por adaptación a un nuevo hospedador, siguiendo un proceso de deriva o de salto conjunto con el hospedador. El primero de ellos implica un nuevo hospedador que no está muy distanciado genéticamente del hospedador original, mientras que el proceso de salto implica un nuevo hospedador muy distanciado genéticamente del original. Así pues, los nuevos organismos patógenos en los ecosistemas agrarios pueden originarse a partir de poblaciones de hospedadores silvestres (especies no cultivadas) o a partir de otras poblaciones vegetales cultivadas. Las especies vegetales silvestres que crecen en el interior o en los márgenes de los campos de cultivo, como es el caso de las malas hierbas, probablemente representan una fuente importante de nuevos patógenos. Los organismos patógenos pueden surgir también tras la introducción de nuevos cultivos en ecosistemas naturales que no habían sido anteriormente empleados para agricultura. Como resultado de la carencia de coevolución entre el organismo patógeno y el nuevo hospedador, este último puede exhibir un menor nivel de resistencia y el organismo patógeno un elevado grado de virulencia. Pero estos saltos no sólo se dan entre integrantes del mismo reino. Si consideramos escalas temporales de millones de años, estos procesos han sido probablemente comunes entre los reinos animal y vegetal, causando la aparición de nuevas especies de organismos patógenos (Spatafora y cols., 2007).

El tercer procedimiento, la transferencia genética horizontal es el intercambio de genes o regiones genómicas específicas entre especies que, normalmen-

te, están aisladas desde el punto de vista reproductivo. Un organismo no patógeno o uno que siendo patógeno manifiesta una baja virulencia, se convierte en un organismo patógeno virulento tras la adquisición de los genes necesarios. Este procedimiento es muy común en bacterias, pero sólo se había postulado puntualmente en eucariotas. Sin embargo, estudios recientes sugieren que los hongos patógenos, a menudo, presentan clusters génicos análogos a las islas de patogenicidad de las bacterias (ver Encuentros en la Biología nº 100), clusters que podrían ser intercambiados entre distintas especies de hongos, incluidas líneas que manifiestan incompatibilidad vegetativa (van der Does y Rep, 2007).

Mientras que la transferencia genética horizontal implica el intercambio de un número ilimitado de genes entre diferentes especies, el cuarto de los procedimientos que explican la aparición de un nuevo organismo patógeno, la hibridación interespecífica, implica genomas enteros y puede dar lugar a cambios en el número de cromosomas, niveles de ploidía o reordenamiento genómico a amplia escala.

Es posible que varios de los procedimientos mencionados puedan estar implicados en la aparición de un nuevo organismo patógeno. De hecho, los cuatro mecanismos pueden haberse producido para un determinado organismo patógeno, pero actuando en diferentes escalas de tiempo. La finalidad práctica de los estudios sobre el origen de los organismos patógenos es evidente. La comprensión de los procesos evolutivos que han permitido la aparición de un nuevo organismo patógeno es esencial en el estudio de los riesgos que puedan ocasionar futuros patógenos. La aplicación de principios evolutivos nos capacita para mejorar el desarrollo y la implementación de estrategias de control sostenibles basadas en el uso de nuevos pesticidas, así como de genes de resistencia en los vegetales hospedadores. En cualquier caso esa "lucha" entre el agricultor y los organismos patógenos seguirá existiendo, dado que seguirán surgiendo nuevos patógenos en los ecosistemas agrarios de todo el mundo.

Bibliografía citada:

- Balter M. Seeking agriculture's ancient roots. *Science* 316: 1830-1835, 2007.
- S. McDonald BA. Migration patterns among global populations of the pathogenic fungus *Mycosphaerella graminicola*. *Mol Ecol* 14: 1881-1896, 2005.
- Godwin SB, Cohen BA, Fry WE. Panglobal distribution of a single clonal lineage of the Irish potato famine fungus. *Proc Natl Acad Sci USA* 91: 11591-11595, 1994.
- Spatafora JW, Sung GH, Sung JM, Hywel-Jones NL, White JF. Phylogenetic evidence for an animal pathogen origin of ergot and the grass endophytes. *Mol Ecol* 16: 1701-1711, 2007.
- Stukenbrock EH, McDonald BM. The origins of plant pathogens in agro-ecosystems. *Annu Rev Phytopathol* 46: 75-100, 2008.
- van der Does HC, Rep M. Virulence genes and the evolution of host specificity in plant pathogen fungi. *Mol Plant-Microbe Interact* 20:1175-1182, 2007.