

Hongos patógenos: enemigos versátiles



Los hongos que causan enfermedades pueden ser un enemigo temible. Conocer los mecanismos con los que atacan y la forma en que éstos han evolucionado, nos ayudará a enfrentarlos más eficientemente.

Gilberto Manzo Sánchez, Blondy Canto Canché
y Andrew James Kay

Los hongos patógenos son organismos que provocan enfermedades a su hospedero, que puede ser animal o vegetal, y pueden ocasionarle una muerte prematura. En esta revisión nos enfocaremos en los hongos que atacan a las plantas, los cuales son conocidos como *fitopatógenos* (de *pitón*, planta, y *pathos*, enfermedad). La capacidad de un organismo para adaptarse a diferentes condiciones cambiantes del ambiente depende de la riqueza en su “batería” genética (contenido en el genoma) y a la capacidad de ésta para cambiar y producir otras posibilidades que aumenten la batería genética. Aunque los organismos de la misma especie comparten más del 95 por ciento de similitud en su genoma, existen diferencias entre unos y otros, lo cual constituye la diversidad genética. De ello surge la necesidad de encontrar métodos más adecuados para el control de hongos fitopatógenos, ya que actualmente el uso indiscriminado de productos químicos, que es el método de control más generalizado, causa grandes daños a la salud humana y al ambiente, así como también propicia la aparición de hongos resistentes.

POR QUÉ CONOCER A NUESTROS ENEMIGOS

Existe una gran cantidad de estudios para entender los cambios que ocurren en las poblaciones de hongos fitopatógenos, nuestros “enemigos versátiles”. El conocimiento sobre los cambios que ocurren dentro y entre las poblaciones del patógeno tiene importantes aplicaciones, como predecir con qué rapidez puede evolucionar el hongo en un tiempo determinado. Existen varios factores que intervienen en los cambios genéticos de las poblaciones de los patógenos; entre ellos están la *mutación*, la *recombinación*, el *flujo de genes* y la *selección*. Más adelante cada uno de ellos será discutido brevemente.

Algunos hongos pertenecientes al género *Colletotrichum* afectan varios órganos de

El uso de marcadores de ADN permite estudiar los cambios que ocurren en las poblaciones de los hongos fitopatógenos

la planta; otros se localizan en órganos específicos, como raíz, tallo, hojas, flor o fruto. Sus efectos pueden ser devastadores, llegando a destruir entre un 30 y 80 por ciento de la producción de la mayoría de los cultivos de importancia alimenticia como trigo, maíz, arroz, papa, tomate y banano, entre otros (Cuadro 1).

En la presente revisión se hace un recuento de los principales factores ambientales que intervienen en condiciones naturales sobre los cambios genéticos de las poblaciones de nuestros enemigos versátiles.

CONOZCAMOS AL ENEMIGO

El conocimiento de la diversidad genética en las poblaciones de los hongos fitopatógenos es de importancia para tratar de controlarlos. El uso de marcadores de ADN (ácido desoxirribonucleico), una técnica de la biología molecular, permite estudiar los cambios que ocurren en las poblaciones de los hongos fitopatógenos, y conocer la estructura genética de poblaciones (la cantidad y la distribución de variación genética que existe dentro de una población y entre diferentes poblaciones).

CUADRO 1.

Nombre científico de algunos hongos fitopatógenos de importancia agrícola, cultivo, parte vegetativa que afectan, niveles de mutación, reproducción y flujo de genes.

| Nombre científico | Cultivo | Parte vegetativa que afecta | Mutación | Reproducción | Flujo de gene sexual | Asexual |
|---|---------------|-----------------------------|----------|------------------------|----------------------|----------|
| <i>Blumeria graminis</i> | Cebada | Hojas | Baja | Sexual/Asexual | Bajo | Alto |
| <i>Bremia lactucae</i> | Lechuga | Hojas | Baja | Sexual/Asexual | Bajo | Alto |
| <i>Colletotricum lindemuthianum</i> | Frijol | Hojas, Flor y Frutos | Baja | Asexual | — | Moderado |
| <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>melonis</i> | Melón | Raíz y tallo | Baja | Asexual | — | Bajo |
| <i>Leptosphaeria maculans</i> | Centeno | Hojas y tallo | Baja | Sexual/Asexual | Moderado | Moderado |
| <i>Maganaporthe grisea</i> | Arroz | Hojas | Alta | Principalmente asexual | Moderado | Alto |
| <i>Mycosphaerella graminicola</i> | Trigo | Hojas | Baja | Sexual/Asexual | Moderado/Alto | Moderado |
| <i>M. fijiensis</i> | Banano | Hojas | Baja | Sexual/Asexual | Moderado/Alto | Moderado |
| <i>Phytophthora sojae</i> | Soya | Raíz y hoja | Baja | Asexual | Bajo | Bajo |
| <i>P. infestans</i> | Tomate y papa | Raíz y hojas | Baja | Sexual/Asexual | Bajo | Alto |
| <i>Phaeosphaeria nodorum</i> | Trigo | Hojas | Baja | Sexual/Asexual | Alto | Moderado |
| <i>Rhizoctonia solani</i> | Arroz | Raíz | Baja | Sexual/Asexual | Bajo | Bajo |
| <i>Rhynchosporium secalis</i> | Cebada | Raíz | Baja | Sexual/Asexual | Alto | Moderado |

Modificado de McDonald y Linde, 2002.

De acuerdo con McDonald (1997), para entender los cambios que ocurren en las poblaciones de un patógeno es importante considerar algunas preguntas. Las primeras se relacionan con la *estructura genética de las poblaciones*: ¿qué tanta diversidad genética existe en una población?, ¿cómo está distribuida la diversidad genética entre las diferentes poblaciones y sobre qué escala espacial? Las siguientes se relacionan con los *procesos evolutivos*: ¿cómo afecta la reproducción sexual y asexual a la estructura poblacional?, ¿cómo afecta su migración y su movimiento genético a la población?, ¿cómo afecta la selección la estructura poblacional? Las últimas se relacionan específicamente con la *patología en la planta*: ¿cuál es la mejor definición de una “población” para el patógeno en estudio?, ¿cuáles son los límites geográficos y de especies que pueden ser definidos por el flujo de genes?, ¿cómo afectan las diferentes estrategias de control la estructura genética de las poblaciones del patógeno?, ¿cuál es el potencial evolutivo de este patógeno?, ¿evolucionará rápidamente el patógeno en un ambiente cambiante?

Es importante considerar que el conocimiento de la estructura genética de poblaciones de hongos fitopatógenos tiene una aplicación directa sobre el entendimiento de la variación genética que se mantiene dentro de una población. Esto nos indica qué tan rápidamente un patógeno puede cambiar en el tiempo. Por tanto, esta información podría ser usada para predecir qué tan efectivo pueda ser un método de control. Por ejemplo, las poblaciones con un alto nivel de variabilidad genética pueden adaptarse más rápidamente a hospederos resistentes a la aplicación de fungicidas.

FACTORES QUE INFLUYEN EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES: MUTACIÓN

La mutación es un factor importante como fuente de variación genética en las poblaciones de hongos fitopatógenos. Su presencia se atribuye a la fase sexual, así como también a las aplicaciones constantes de productos químicos para su control, entre otros factores. Las mutaciones consisten en cambios que ocurren a nivel del ADN; en algunos casos se presentan debido al uso de productos químicos (fungicidas), y pueden ser heredadas a la siguiente generación. Aunque la gama de las mutaciones es generalmente baja, cuando ocurren y son favorables para adaptarse al ambiente o mejorar la supervivencia, los individuos que las contienen pueden ser persistentes. Después de un tiempo determinado este carácter

forma ya parte de variabilidad genética de un organismo, y resulta más exitoso una vez que se multiplica y es heredado de generación en generación.

En algunos casos, los hongos que han obtenido resistencia a fungicidas son mucho más agresivos contra su hospedero que los que son susceptibles. Por otra parte, en la naturaleza pueden aparecer mutaciones espontáneas; por ejemplo, un hongo inofensivo puede mutar y eventualmente convertirse en dañino. Este tipo de mutación es un medio importante por el cual las poblaciones del hongo superan las barreras de los hospederos resistentes, y por lo tanto éstos se vuelven susceptibles al ataque del patógeno y desarrollan la enfermedad.

RECOMBINACIÓN

La recombinación es el intercambio de la información genética entre dos hongos, y se efectúa durante la reproducción sexual. Incrementa la



diversidad genética de las poblaciones, permitiendo la formación de nuevas combinaciones genéticas de los patógenos (McDermott y McDonald, 1993). Los hongos que se reproducen de forma sexual tienden a ser genéticamente más diversos que las poblaciones asexuales de la misma especie.

En muchos ejemplos, la reproducción asexual es baja, pero ocurre más frecuentemente que la sexual; esto sucede en muchos hongos fitopatógenos. Los hongos que se reproducen asexualmente lo hacen a través de clones o líneas clonales; esto nos dice que son genéticamente muy similares (McDonald, 1997). Por el contrario, las poblaciones que se reproducen sexualmente producen descendencia con

Los hongos que se reproducen asexualmente lo hacen a través de clones o líneas clonales

un alto nivel de diversidad genética. Por esta razón, las recombinaciones genéticas resultado de la reproducción sexual permiten más combinaciones; la variación de las poblaciones asexuales son limitadas por la mutación que puede ocurrir dentro de las poblaciones.

En el caso donde existe reproducción sexual, la mayor variación genética se distribuye en una escala pequeña entre diferentes localidades dentro de un mismo campo agrícola, lo que indica que la mayor variación genética puede concentrarse en áreas tan pequeñas como unos pocos metros cuadrados (Chen y McDonald, 1996). También se ha determinado una alta diversidad genética sobre una amplia escala geográfica, entre diferentes hospederos, dentro de la misma planta y hasta en la misma lesión.

FLUJO DE GENES O MIGRACIÓN

El flujo de genes es el movimiento de genes de una población a otra. El flujo de genes puede ocurrir entre poblaciones separadas por pocos kilómetros, o a grandes distancias y entre países.

Cuando ocurre un intenso flujo de genes se facilita la similitud genética entre poblaciones separadas geográficamente. Por ejemplo, las esporas de algunos hongos fitopatógenos que se reproducen sexualmente tienen la capacidad de desplazarse, con ayuda del viento, a distancias hasta de 750 kilómetros; en cambio, las esporas asexuales pueden desplazarse solamente dentro de la misma planta o sólo a pocos metros (McDermott y McDonald, 1993). Sin embargo, existen patógenos que se han diseminado de un país a otro a través de material infectado, como es el caso de la migración del hongo *Phytophthora infestans*, causante del tizón tardío de la papa que se desplazó entre continentes, provocando cambios dentro de las poblaciones nativas de Estados Unidos de América (Goodwin y colaboradores, 1994) a tal grado que los métodos de control empleados ya no fueron efectivos, porque las poblaciones nativas, al aparearse con las introducidas, generaron una descendencia genéticamente diferente a las presentes durante mucho tiempo.

SELECCIÓN

La selección se ha definido como los cambios genéticos recíprocos que ocurren en dos o más especies que interactúan ecológicamente. Sin embargo, esta definición es muy simple y se enfoca únicamente en términos de la coevolución. Si la selección natural está presente en poblaciones de hongos fitopató-

genos, es posible mantener altos niveles de flujo de genes. Algunos hongos tienen la capacidad de adaptarse a diferentes hospederos cuando son diseminados, como resultado de la selección natural (McDonald y colaboradores, 1996).

Existen hongos incompatibles con su hospedero que no podrían sobrevivir en poblaciones de hospederos resistentes. Pero cuando la población de un hongo fitopatógeno es forzada a responder a cualquiera de los cambios hechos en las poblaciones de su hospedero como desarrollo de la resistencia a enfermedades, reflejará una evolución directa, por lo que podría incrementar la frecuencia de genotipos del patógeno en el transcurso de un tiempo determinado. Los patógenos que tienen un alto nivel de selección son difíciles de controlar mediante el uso de cultivares mejorados o resistentes a la enfermedad.

CONCLUSIONES

Los hongos fitopatógenos son de gran importancia porque ocasionan grandes pérdidas económicas en la mayoría de los cultivos agrícolas. El conocimiento de los factores que influyen en los cambios de las poblaciones de los hongos permitirá conocer con qué rapidez un patógeno puede evolucionar bajo un ambiente determinado. Hoy en día la aplicación de herramientas moleculares, como los marcadores de ADN, permiten tener una mayor confiabilidad en los estudios evolutivos de las poblaciones de los hongos fitopatógenos. Esto permite tener resultados en un corto tiempo, y por tanto aplicar los conocimientos para lograr un método de control más eficiente que disminuya las pérdidas económicas en los cultivos agrícolas de importancia alimentaria.

Bibliografía

- McDermott, J. M. y B.A. McDonald (1993), "Gene flow in plant pathosystems", *Annual Review of Phytopathology*, 31, 353-373.
- Milgroom, M. G. (1996), "Recombination and the multilocus structure of fungal populations", *Annual Review of Phytopathology*, 34, 457-477.
- Boeger, J. M., R. S. Chen, y B. A. McDonald (1993), "Gene flow between geographic populations of *Mycosphaerella graminicola* (anamorph *Septoria tritici*) detected with restriction fragment length polymorphism markers", *Phytopathology*, 83, 1148-1154.
- Chen, R. S. y B.A. McDonald (1996), "Sexual reproduction plays a major role in the genetic structure of populations of the fungus *Mycosphaerella graminicola*", *Genetic*, 142, 1119-1127.
- Goodwin, S. B., B.A. Cohen, K. L. Deahl y W. E. Fry (1994), "Migration from northern Mexico was the probable cause of recent gene-

tic changes in populations of *Phytophthora infestans* in the United States and Canada", *Phytopathology*, 84, 553-558.

McDonald, B. A. (1997), "The population genetics of fungi: tools and techniques". *Phytopathology*, 87, 448-453.

McDonald, B. A. y C. Linde (2002), "Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance", *Annual Review of Phytopathology*, 40, 349-379.

Gilberto Manzo Sánchez nació en Tecomán, Colima, en 1975. Realizó estudios de ingeniero agrónomo en la Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Colima. Cursó estudios de maestría en el área de biotecnología en la Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Colima. Cuenta con experiencia profesional en la aplicación de marcadores de ADN para el conocimiento de la diversidad genética de hongos fitopatógenos. Actualmente es estudiante del Doctorado en Ciencias y Biotecnología de Plantas en el Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), desarrollando el tema "Construcción de un mapa genético molecular de *Mycosphaerella fijiensis* usando marcadores de ADN". gmanzo@cicy.mx

Blondy Canto Canché nació en Mérida, Yucatán, en 1965. Es química bióloga bromatóloga por la Universidad Autónoma de Yucatán. A partir de 1998 labora para el Centro de Investigación CICY. En 2000 concluyó sus estudios de doctorado en el CICY, en el cual desarrolló una tesis sobre regulación de un complejo enzimático que participa en el metabolismo secundario. A partir de 2001 trabaja en el Laboratorio de Biotecnología Molecular, específicamente en la genómica de *M. fijiensis* y banano. cancanche@cicy.mx

Andrew James Kay nació en Manchester, Inglaterra, en 1948. En 1987 obtuvo un grado en horticultura en Wye College de la Universidad de Londres. Ahí mismo obtuvo el grado de doctor en ciencias, en 1994, siendo su campo de estudio la biología del desarrollo de plantas leñosas. De 1994 a 1995 hizo un posdoctorado en la Universidad de Minnesota, y desde 1995 ha trabajado como investigador titular en el CICY, siendo actualmente cabeza del grupo de investigación del banano en el Laboratorio de Biotecnología Molecular de la Unidad de Biotecnología. andyj@cicy.mx