

## Reconocimiento



El Dr. Luis Gómez Alpízar es graduado de la Universidad de Costa Rica, donde obtuvo su Bachillerato y Licenciatura. Posteriormente realizó estudios de Maestría en la Universidad de Goettingen, Alemania y su doctorado en la Universidad Estatal de Carolina del Norte, EE.UU. Actualmente es Catedrático de la Universidad de Costa Rica, profesor y subdirector de la Escuela de Agronomía e investigador del Centro de Investigaciones Agronómicas.

En el mes de febrero pasado el Dr. Gómez Alpízar publicó parte de su trabajo doctoral en la reconocida revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* de los Estados Unidos de Norteamérica, bajo el título “An Andean origin of *Phytophthora infestans* inferred from mitochondrial and nuclear gene genealogies” (Origen andino de *Phytophthora infestans*, deducido de genealogías nucleares y mitocondriales) PNAS 104(9): 3306-3311. El trabajo fue realizado en la Universidad Estatal de Carolina del Norte, en el Departamento de Patología Vegetal que dirige la Dra. Jean Beagle Ristaino y financiado parcialmente por una beca Fullbright.

La investigación publicada tuvo como objetivo aportar evidencia sobre el lugar de origen del patógeno (*Phytophthora infestans* Mont.) que afectó el cultivo de la papa a finales del siglo XIX dejando un saldo de más de un millón de muertos y que provocó la migración hacia Estados Unidos de otro tanto de personas.

Desde que ocurrió dicha hambruna se ha especulado sobre el lugar de origen del patógeno, algunos han propuesto que se derivó en Los Andes, el centro de origen de la papa cultivada, ya que las primeras variedades que fueron afectadas por este patógeno en Europa provenían de los Andes. Sin embargo, debido a la supuesta poca diversidad genética del patógeno en la zona de los Andes esta teoría fue

desestimada. Contrariamente, en el Valle del Toluca en México se ha reportado una gran diversidad genética de tipo nuclear, por lo que algunos han asumido que la enfermedad se originó en el Valle del Toluca, México, migró a EE.UU. y de ahí a Europa. Esta es la teoría actualmente aceptada.

En *Phytophthora infestans* se reconocen cuatro haplotipos mitocondriales: Ia, Ib, IIa y IIb. El haplotipo Ib fue encontrado panglobalmente distribuido en un estudio realizado a principios de los años 90; y se ha considerado como el haplotipo ancestral y posible causante de la epidemia irlandesa. Paradójicamente este haplotipo no ha sido encontrado en el Valle del Toluca; pero sí en Sur América. Por otra parte, estudios recientes realizados en el laboratorio de la Dra. Ristaino (2001 y 2004), con ADN mitocondrial aislado de muestras de herbario de la época de la hambruna, indicaron que el haplotipo Ia y no el Ib fue el responsable de incitar la enfermedad en dicha época. El haplotipo Ia se encuentra tanto en el Valle del Toluca como en Sur América. Esto ha reavivado el debate sobre el origen y las posibles rutas migratorias del patógeno.

El estudio del Dr. Gómez analizó la genealogía del patógeno, con base en secuencias nucleares y mitocondriales de aislamientos de Irlanda y de Sur, Centro y Norteamérica. Los análisis mostraron evidencias sólidas sobre el origen andino de la enfermedad. Primero, las poblaciones de México poseen una menor diversidad de nucleótidos y de haplotipos que las poblaciones andinas. Segundo, los haplotipos mitocondriales actuales se derivan de dos linajes ancestrales independientes. La región nuclear también mostró la existencia de dos linajes ancestrales. Tercero, los haplotipos mitocondriales y nucleares presentes en la población mexicana del patógeno (Valle del Toluca) se derivaron de solo uno de los dos linajes ancestrales; mientras que los de las poblaciones andinas se derivaron de ambos linajes, al igual que ocurrió con las poblaciones de EE.UU. e Irlanda, lo que sugiere un ancestro común para estas poblaciones. Cuarto, un análisis de la distribución geográfica de las mutaciones demostró que las mutaciones más antiguas son originarias de América del Sur. Quinto, hubo concordancia entre los marcadores mitocondriales y nucleares indicando una mayor diversidad en las poblaciones Sudamericanas en comparación con la del Valle del Toluca.

Estos hallazgos le permitieron al señor Gómez no solo obtener su título de Ph.D. sino que el mundo científico internacional se ha enriquecido con pruebas que esclarecen eventos históricos, los cuales han sido dilucidados gracias a la aplicación de tecnologías novedosas.

Desde su regreso a la Universidad de Costa Rica, el Dr. Gómez ha estado trabajando en la identificación molecular de los patógenos de plantas (hongos, nematodos, y bacterias), el sexado molecular de los árboles de papaya y la caracterización molecular de los suelos supresivos en banano. Algunos de los resultados han sido la identificación del nematodo del quiste de la papa *Globodera pallida* y el desarrollo de un método de diagnóstico del agente causal del mal seco del tiquizque, entre otros.

**Dr. Francisco Saborío Pozuelo**

Subdirector

Centro de Investigaciones Agronómicas

Universidad de Costa Rica

El artículo publicado por el Dr. Gómez puede ser accesado en la dirección:

[www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0611479107](http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0611479107)