



Descifra México la secuencia genómica del aguacate

En la actualidad, el aguacate Hass es la variedad de este fruto más comercializada a nivel mundial, con un mercado de miles de millones de dólares anuales. Características como una pulpa y cáscara duras permiten un mejor manejo y almacenamiento del producto, lo que ha hecho de esta variedad la preferida en prácticamente todo el mundo.

Sin embargo, este tipo de aguacate no ha tenido ningún mejoramiento en los últimos 40 años, debido a que cuenta con un ciclo de vida largo, lo que representa una cuestión atípica en agricultura, ya que muchos cultivos se modifican incluso por cuestiones de protección de plagas.

Por ello, la investigación publicada hoy 6 de agosto de 2019 en la revista científica “Proceeding of the National Academy of Sciences” (PNAS), sobre el desciframiento del genoma del aguacate, cobra mayor relevancia no solo para México, sino para los más de 10 principales países productores a nivel mundial.

Si bien a partir de esta investigación, encabezada por la Unidad de Genómica Avanzada (UGA/Langebio) del Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav), es posible adentrarse al estudio de la evolución del fruto y de las plantas en general, en realidad, una de las oportunidades que abren estos resultados es la generación de una plataforma tecnológica de mejoramiento de este cultivo, en particular la resistencia del árbol al ataque por patógenos y de la calidad del fruto, a fin de mantener la competitividad de México como su principal exportador.

El principal autor de la investigación, Luis Herrera Estrella, comentó que en un principio se planteó secuenciar sólo el genoma de una variedad mexicana de aguacate (*P. americana* var. *drymifolia*), pero finalmente lograron

secuenciar otros tipos, como el guatemalteco (*P. americana* var. *guatemalensis*), el antillano y el Hass.

De hecho, a partir de la investigación se pudo comprobar que la variedad Hass tiene un componente genético de alrededor de 39 por ciento del guatemalteco y el resto de la variedad mexicana.

“Todos los aguacates tienen el mismo genoma, solo que existen alelos o versiones de genes distintos en cada uno de ellos, lo que hace diferenciarlos, haciendo a algunos más resistentes a una enfermedad o capaces de producir aceites de mayor calidad, entre otras características. Esa información nos permitirá a futuro hacer selección o manipulación del genoma del aguacate”, mencionó por su parte Alfredo Herrera Estrella, titular de UGA/Langebio del Cinvestav, y otro de los líderes de esta investigación.

A partir de los resultados de la elucidación del genoma del aguacate, será posible realizar cruza y acelerar un procedimiento de mejoramiento genético del fruto. “Nos va a permitir realizar estudios de asociación con el genoma, con la intención de identificar características que en el mediano plazo permita tener árboles de aguacate más pequeños con alta productividad o frutos de un tamaño mediano estándar, además de que presenten cierta cantidad de ácidos grasos y de mejor sabor”, ejemplificó Alfredo Herrera Estrella.

En la reconstrucción del genoma del aguacate, el grupo de investigación de la UGA/Langebio empleó las tecnologías más modernas que tenían disponibles. En una primera fase usaron un equipo Illumina, el cual presentaba un menor costo, pero la conclusión de la investigación se realizó con equipos Pacific Bioscience, que permitió reducir el tiempo de secuenciación de un año y medio a menos de un mes.

Para el líder del proyecto, la importancia de esta investigación no son los resultados que se publicaron recientemente, sino los alcances que puede tener su aplicación para los productores de este cultivo, ya que es uno de los productos estratégicos del campo mexicano, por lo que es conveniente mantener la competitividad en el sector.

“Es necesario lanzar una estrategia de mejoramiento genético del aguacate que involucre un esfuerzo multidisciplinario e interinstitucional. Emplear

estas herramientas dependerá de una decisión política de México, porque este conocimiento ahora estará disponible para todos y de no aprovecharlo, otros países lo harán, con el riesgo de que el país pierda la oportunidad de mantenerse como principal exportador de un producto endémico”, puntualizó Luis Herrera Estrella.

En total, esta investigación contó con la participación de 17 instituciones de cuatro continentes, y fueron más de ocho años de trabajo de investigación a partir de la aprobación del proyecto sectorial Sagarpa-Conacyt que se vio concluida con la publicación en la revista PNAS.

Conoce más en <https://youtu.be/iSG0-W0CSJg>