

Madrid / Murcia, viernes 14 de junio de 2019

Descubren cómo la almendra pasó de ser tóxica y amarga a dulce y comestible

- El estudio, publicado en 'Science', ha sido realizado por un equipo internacional de investigadores españoles, daneses e italianos encabezado por CSIC
- La secuenciación del genoma completo de la almendra ayudará a erradicar los ejemplares amargos y beneficiará a los productores



Almendras./ Pixabay

Un equipo internacional de investigadores, encabezados por Raquel Sánchez Pérez, del Grupo de Mejora Genética de Frutales del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura, perteneciente al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), ha logrado identificar el genoma completo de la almendra y desvelar cómo este fruto seco dejó de ser tóxico y amargo para convertirse en comestible y dulce. El estudio, publicado en el último número de *Science*, muestra el primer paso de un proceso histórico de transformación que ha convertido a la almendra en el fruto seco más

consumido del mundo, con una producción anual de más de 7.500 millones de dólares concentrada en España, California (Estados Unidos) y Australia.

Las almendras dulces y comestibles actuales están muy lejos de sus ancestros amargos silvestres gracias a una mutación puntual en los genes, según los resultados de este estudio que presenta el genoma de referencia completo de la almendra.

En concreto, Sánchez Pérez explica que han “descubierto que la domesticación de la almendra se produjo gracias a un pequeño cambio de un solo gen. En la almendra dulce el gen ha perdido su función debido a una mutación natural. Las enzimas involucradas en la producción del compuesto tóxico amargo no se forman y, por lo tanto, la almendra se vuelve dulce. El nombre del compuesto que hace que la almendra amarga sea tóxica es la amigdalina. La amigdalina libera cianuro tóxico cuando se come y el consumo de almendras amargas puede ser mortal para los humanos”.

Para alcanzar este resultado, ha sido necesario que los investigadores secuenciasen el genoma completo, encontrando aproximadamente 28.000 genes, además de mapear sus posiciones en sus ocho cromosomas característicos del género *Prunus*.

Los investigadores calculan que la domesticación inicial del almendro ocurrió en Asia oriental en algún momento durante la primera mitad del Holoceno, una hipótesis apoyada por evidencias arqueológicas halladas correspondientes tanto al antiguo Egipto como a Grecia. “Debemos agradecer a nuestros antepasados que hace miles de años lograsen que podamos disfrutar de almendras dulces y saludables sin poner en riesgo nuestra salud. Si nuestros ancestros no hubieran descubierto y seleccionado almendras dulces para el cultivo, las almendras que actuales serían amargas y tóxicas. Nuestra investigación ahora demuestra que es un cambio pequeño pero esencial en el ADN de la almendra el que hizo que la almendra tóxica fuera comestible. La importancia de esta mutación natural se descubrió hace más de 10.000 años”, argumenta el investigador de la Universidad de Copenhague Birger Lindberg Møller.

Los resultados publicados en Science permitirán la selección de almendros que solo aporten almendras dulces desde su etapa de siembra y proporcionará el marco para la reproducción selectiva de almendros con mejor resistencia a la sequía y al cambio climático, así como a enfermedades o la floración tardía.

Tras la secuenciación del genoma del almendro, el próximo objetivo de los investigadores es intentar erradicar la presencia de almendras amargas en España. “Nos acaban de conceder un proyecto para este fin, que participamos y coordinamos desde el Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura con Almendrera del Sur y más cooperativas, en el que vamos a intentar que la industria de la almendra española sea conocida no solo por la calidad de su producto sino también por la ausencia de almendras amargas en su producción”, adelanta Sánchez Pérez.

Este proyecto de investigación se inició hace doce años en el Laboratorio de Bioquímica de Plantas de la Universidad de Copenhague, donde Raquel Sánchez-Pérez realizó una estancia postdoctoral junto al profesor Birger Lindberg Møller. A su regreso a España, Sánchez-Pérez continuó el proyecto en el Centro de Edafología y Biología

Aplicada del Segura con la participación de investigadores de las universidades italianas de Bari y Foggia, de Agroscope (Suiza) y de Sequentia Biotech (Barcelona). Además, ha contado con la ayuda de la Fundación Séneca (Murcia), la Fundación VELUX (Dinamarca) y del Consejo Superior de Investigaciones Científicas.

R. Sánchez-Pérez, S. Pavan, R. Mazzeo, C. Moldovan, R. Aiese Cigliano, J. del Cueto, F. Ricciardi, C. Lotti, L. Ricciardi, F. Dicenta, R. L. López-Marqués, B. Lindberg Møller. **Mutation of a bHLH transcription factor allowed almond domestication.** *Science*. DOI: 10.1126/science.aav8197