

16. Utilización de la tecnología del ADN recombinante para asegurar la sostenibilidad de los sistemas alimentarios agrícolas relacionados con el manejo postcosecha



MARÍA-ELENA BÁEZ-FLORES*

MARTÍN-ERNESTO TIZNADO-HERNÁNDEZ**

DOI: <https://doi.org/10.52501/cc.360.16>

Resumen

Un procedimiento sostenible implica que su aplicación no va a inducir alteraciones en el ambiente de tal forma que las generaciones futuras no puedan satisfacer sus necesidades de alimentación como lo hace la generación presente. La reducción de la gran cantidad de pérdidas postcosecha de frutas y hortalizas debido a infecciones por hongos no se debe realizar utilizando compuestos químicos, ya que este acercamiento no es sostenible. En este sentido, la utilización de la tecnología del ADN recombinante constituye una buena alternativa que permite desarrollar protocolos de aplicación sostenible. Es importante comentar que relacionar esta tecnología únicamente con la creación de organismos transgénicos es una visión muy pobre del potencial que tiene. De acuerdo con lo anterior, en el presente capítulo se sugiere un acercamiento mediante un análisis teórico para el diseño de un protocolo que podría permitir reducir la incidencia de infecciones fúngicas. Este procedimiento parte de hipótesis de que existe un mecanismo molecular de respuesta a las infecciones fúngicas igual en todos los frutos. Esta

* Doctora en Ciencias. Profesora-investigadora de tiempo completo en la Universidad Autónoma de Sinaloa, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1389-3568>

** Doctor en Fisiología y Biología Molecular de Plantas. Profesor-investigador titular en el Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2612-9000> ; correspondencia: tiznado@ciad.mx

hipótesis tiene soporte teórico en la disponibilidad de muchos genomas de frutas, información que ha sido generada mediante las modernas técnicas de secuenciación, el desarrollo de computadores de alta capacidad de procesamiento y de software de bioinformática. Esto ha permitido la comparación de muchos genomas de frutas que muestran la presencia de genes comunes. Esto, a su vez, sugiere que muy posiblemente existe el mecanismo universal mencionado. Mas aún, si consideramos el desarrollo de los nuevos acercamientos experimentales de la tecnología del ADN recombinante, podemos pensar en la aplicación práctica de este procedimiento para reducir las pérdidas postcosecha por hongos en cualquiera fruta. Este procedimiento sería amigable con el ambiente y apoyaría el mejoramiento de la calidad de vida de la población, el cual es otro de los pilares de la sostenibilidad.

Palabras clave: *hongos, pérdidas postcosecha, tecnología del ADN recombinante, sostenible.*

Introducción

El principio central de la sostenibilidad establece que debemos satisfacer las necesidades de la presente generación sin comprometer la capacidad de las futuras generaciones para lograr lo mismo (Brundtland y Khalid, 1987). Los tres pilares sobre los que descansa la sostenibilidad son el económico, el social y el ambiental (Felfernig et al., 2023). Más aún, de estos tres pilares, se ha sugerido que el ambiental es el más importante (Haberl et al., 2004), con lo cual estamos de acuerdo, ya que dependemos completamente de la naturaleza para nuestra supervivencia.

Para evitar posibles desviaciones del objetivo principal del presente capítulo, el trabajo se enfocará en la producción agrícola sostenible y la tecnología del ADN recombinante (TADR). Esto es debido a que esta tecnología es solo uno de los acercamientos posibles a utilizar en la producción agrícola sostenible como parte de una multitud más de acciones que se pueden llevar a cabo para lograr el mismo fin, a saber: un manejo de campo sostenible, reducción de los daños durante la cosecha, mejoramiento de los sistemas de transporte de los productos, utilización de un almacenamiento y empaque

adecuado, protección de los productos de la contaminación por patógenos humanos, utilización de vehículos de monitoreo del campo no tripulados (Khan et al., 2021), optimización de la logística de recolección, transporte y distribución a los diferentes mercados para su venta (Çakmakçi et al., 2023; Farooq, 2023), resolución de las demandas intangibles de mercado (de la Peña et al., 2022), análisis de los puntos críticos de control de las cadenas productivas (Anaya-Dyck et al., 2021), entre otros. Es importante comentar que ya se ha sugerido a la biotecnología como una alternativa sostenible para la industria química debido, prácticamente, a los mismos argumentos que se mencionan en el presente trabajo para demostrar que la TADR es una alternativa sostenible para la producción agrícola. A saber, permite la reducción en la contaminación derivada de los procesos, una mayor obtención de ganancias y la producción sostenible de productos nuevos y existentes (Gavrilescu y Chisti, 2005).

Métodos

Considerando el amplio espectro de acercamientos que se pueden utilizar mediante la TADR en la producción agrícola, el enfoque será en el control de las pérdidas postcosecha debido a las infecciones por hongos, que es una de las causas más importantes. Mas aún, no se considerará la posibilidad de utilizar a los organismos genéticamente modificados para no incluir en la discusión el debate acerca de la compatibilidad entre la biotecnología y la agricultura sostenible (Ervin et al., 2010). Los autores de este capítulo consideran que la TADR y la agricultura sostenible sí son compatibles y que los argumentos que se discuten al respecto relacionados con la TADR emergen de un conocimiento más bien pobre del potencial de esta tecnología.

En nuestro grupo de trabajo, hemos estado utilizando las herramientas derivadas de la tecnología del ADN recombinante para elucidar el mecanismo molecular de respuesta de los hongos a los fungicidas naturales. Asimismo, hemos realizado trabajos para elucidar el mecanismo de activación de la respuesta de defensa de los frutos a la presencia de mezclas complejas de la pared celular de los hongos o a moléculas específicas como lo es la quitina fúngica. Se espera que el conocimiento generado permita la creación de me-

todologías de control de infecciones por hongos mediante un diseño dirigido inteligentemente en contraste con la realización de experimentos realizados a prueba y error que no permiten crear procedimientos óptimos, ya que los resultados varían de un experimento a otro.

De acuerdo con lo anterior, el presente capítulo tiene como objetivo demostrar cómo la tecnología del ADN recombinante puede apoyar para alcanzar una producción agrícola sostenible.

Impacto de las pérdidas postcosecha en la economía y la seguridad alimentaria

En todo el mundo, desde la cosecha a la distribución, se pierde un 14% de los alimentos, lo que equivale a un valor estimado de 400 000 millones de dólares (FAO, 2019). En México específicamente, se desperdicia el 54% de aguacate, 32% de cebolla, 28.8% de tomate, 41% de melón, 54.5% de mango y 49% de manzana. Si se lograra recuperar estas pérdidas, se podría alimentar a 7.4 millones de personas en situación de pobreza durante un año con 3.5 kilogramos de papa, 2.6 kilogramos de cebolla y 5 kilogramos de tomate. (Secretaría del Bienestar, 2020). En 2023, la producción agrícola total de plantas perennes en México alcanzó un valor nacional de más de 921 millones de pesos, lo que da una idea de la pérdida económica que implican los porcentajes de pérdidas mencionados anteriormente (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, 2023).

La tecnología del ADN recombinante (TADR)

La tecnología del ADN recombinante es un método que permite combinar material genético de diferentes fuentes para crear secuencias de ADN que no se encuentran naturalmente en el genoma, de allí proviene el nombre de recombinante. Las secuencias de ADN recombinado se pueden colocar en vehículos genéticos llamados vectores, que transportan el ADN hacia el lugar adecuado de la célula huésped donde puede ser copiado o expresado (National Human Genome Research Institute, 2024). Las proteínas que se

producen así se conocen como proteínas recombinantes o de origen heterólogo (Bermúdez, 2022). Esto es posible gracias al uso de enzimas que pueden cortar y unir secuencias de ADN, lo que permite la inserción de los genes de interés en organismos para su expresión y producción de proteínas (National Human Genome Research Institute, 2024). Actualmente, el ADN recombinante tiene múltiples aplicaciones, especialmente en medicina y en biotecnología agrícola. En medicina, se producen muchas proteínas recombinantes terapéuticas, cuya administración puede corregir un gen defectuoso o la deficiencia causada por el hecho de que dicho gen no se exprese. Ejemplos de esto son el factor VIII recombinante, un factor de coagulación sanguínea deficiente en pacientes con algunas formas de hemofilia, y la insulina recombinante que se utiliza para tratar algunas formas de diabetes.

También existen proteínas recombinantes como el activador de plasminógeno tisular, que se utiliza para tratar accidentes cerebrovasculares, una emergencia médica que, sin este tratamiento, sería mortal para los pacientes. Por otra parte, existen las vacunas de subunidades recombinantes como la vacuna contra la hepatitis B, que utilizan una proteína purificada para generar inmunidad contra agentes infecciosos en las personas, sin exponerlas al agente infeccioso completo. Por otra parte, en la agricultura, la TADR se emplea para mejorar los cultivos, particularmente en aspectos como la resistencia a plagas y enfermedades, la tolerancia a condiciones ambientales adversas y también para mejorar la calidad nutricional de los alimentos (Bermúdez, 2022).

Considerando la preocupación internacional por el posible impacto ambiental, las implicaciones en la salud del ser humano, la biodiversidad y los ecosistemas, así como los efectos socioeconómicos del uso de la TADR en la agricultura y la producción de alimentos (Dixit et al., 2023), aquí se abordan aplicaciones de la TADR en el control de enfermedades fúngicas en frutas y hortalizas que no impliquen una alteración genética de las plantas. Es decir, se revisan trabajos en los que se usa la TADR sin introducir ningún tipo de material genético al genoma de las plantas por lo que no se hará referencia a trabajos con plantas transgénicas. Para este fin, nos referiremos a la TADR como el proceso general cuya piedra angular es la clonación del ADN. Es importante señalar que aquí no nos referimos al proceso

de multiplicación o clonación de un organismo completo, como el reportado en camellos (Wani et al., 2010), sino al procedimiento más simple que, de manera general, consiste en 5 pasos: (1) aislamiento de una pequeña secuencia de ADN que codifica para una proteína de interés, (2) unión a otra molécula que será el ADN portador o vehículo que se conoce como vector de clonación para replicar el ADN recombinante cientos de veces. Por lo general, se utilizan para esto moléculas de ADN circular de origen bacteriano llamadas “plásmidos” que se replican de forma autónoma en la célula donde se introducen, la cual se conoce como célula hospedera. Otros vectores de clonación utilizados son los que están constituidos por ADN proveniente de virus. En ambos casos, para unir la secuencia de interés con el ADN del vector, se utiliza una enzima denominada “ligasa”. Una vez unida la secuencia de interés y el vector, este material genético resultante se denomina “ADN recombinante”, ya que contiene ADN de diferentes especies. (3) El ADN recombinante se introducirá al interior de la célula hospedera mediante diferentes técnicas dependiendo del tipo de tejido, constructo, equipamiento, entre otros. El objetivo es lograr que el ADN recombinante pueda ingresar al interior de la célula y usar la maquinaria celular para replicarse. (4) Selección o identificación de las células que se transformaron con el ADN recombinante. Esta identificación es posible porque los vectores de clonación contienen genes de resistencia a antibióticos que nos permiten identificar las células transformadas. Esto significa que, al poseer un gen de resistencia a un antibiótico específico que se introdujo con el ADN recombinante, las bacterias que se hayan transformado serán capaces de crecer en un medio que contenga ese antibiótico, mientras que las que no contienen el plásmido recombinante, no crecerán en el medio con antibiótico (Domínguez et al., 2017).

Una vez descrito y explicado, debemos destacar que, con herramientas como la clonación en el sentido simple, la TADR ha revolucionado la biotecnología y la agricultura, permitiendo el desarrollo de estrategias innovadoras para el control de enfermedades en frutas y hortalizas. Entre estas metodologías están el uso de sistemas de expresión heterólogos, de ARN de interferencia o RNAi, por sus siglas en inglés, CRISPR-Cas 9 que significa en inglés Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats-associated Cas nucleasa 9 y, en español, Repeticiones Palindrómicas Cortas Agru-

padas y Regularmente Interespaciadas asociadas a la nucleasa 9. También se usa una combinación de CRISPR-Cas y RNAi.

Mediante técnicas de la TADR se producen enzimas antifúngicas en sistemas de expresión heterólogos, lo que representa una estrategia prometedora para el control de enfermedades fúngicas en frutas y hortalizas postcosecha. Estas enzimas pueden inhibir el crecimiento de patógenos fúngicos y reducir las pérdidas postcosecha sin la necesidad de modificar genéticamente las plantas. En un estudio con *Aureobasidium pullulans* y *Pichia pastoris*, el gen de la serina proteasa alcalina ALP5 fue clonado y expresado en la cepa KM71 de *P. pastoris*. La proteasa recombinante mostró actividad antifúngica contra diversos patógenos *in vitro* e *in vivo* cuando se utilizó en manzanas. La mayor eficacia se observó contra *M. fructicola* y *B. cinerea*. La presencia de proteasa causó protuberancias en las hifas de *B. cinerea*. La proteasa recombinante expresada en *P. pastoris* fue más activa contra los patógenos *in vitro* que la misma enzima expresada en *E. coli* en estudios previos. Cuando se evaluó la eficacia de ALP5 para el control de los patógenos *in vivo* en manzanas cultivar golden delicious, la proteasa fue más eficiente en el control de *M. fructicola*, *B. cinerea* y *P. expansum* que en el caso de *A. alternata*. Sin embargo, el grado de actividad dependió de la concentración de la enzima y del tiempo de almacenamiento de la fruta. Los autores concluyeron que la serina proteasa alcalina podría utilizarse como un tratamiento postcosecha con actividad antimicrobiana para frutas con una vida de anaquel corta (Banani et al., 2014).

Otra metodología basada en TADR es la tecnología del RNA de interferencia o RNAi, una herramienta de silenciamiento postranscripcional de genes. El RNAi se está utilizando para controlar los hongos fitopatógenos mediante la alteración de genes esenciales de los patógenos fúngicos que son indispensables, ya sea para la infección o en el ciclo de vida del hongo patógeno. Este proceso implica la administración de pequeños RNA interferentes (RNAi), conocidos como pequeños RNAi, que pueden silenciar estos genes críticos, limitando o evitando el crecimiento de los patógenos fúngicos. El RNAi se puede aplicar mediante la administración exógena de moléculas de RNA bicatenario a las plantas, que van a inducir el ARNi brindando protección contra los hongos patógenos. El método de administración exógena evita la modificación de los genomas de los cultivos y se puede

utilizar contra una amplia gama de patógenos microbianos. Este enfoque se considera una alternativa amigable con el medio ambiente en comparación con los métodos convencionales de control de patógenos de plantas, como el uso de plaguicidas (Gebremichael et al., 2021).

Con el fin de investigar el potencial del método basado en RNAi para el control de infecciones fúngicas, se diseñó una estrategia con base en ARN largos no codificantes de doble cadena (dsRNA) en el patosistema cebada-*Fusarium graminearum* (Koch et al., 2016). Se aplicó una solución de dsRNA directamente en forma de aerosol a las hojas de cebada separadas de la planta y, también, para la evaluación semi-sistémica, se aplicó en forma de aerosol sólo en una pequeña parte de las hojas, protegiendo el resto de éstas con plástico para evitar la exposición de toda la hoja al aerosol que contenía el dsRNA. Posteriormente, las hojas fueron inoculadas con una suspensión de conidios del hongo *Fusarium graminearum*. Asimismo, se rociaron plántulas de cebada de una semana de edad con la solución de dsRNA y, tres semanas después, se inocularon con conidios del hongo. Los autores de este estudio observaron que el dsRNA controló las infecciones fúngicas tanto en el tejido foliar directamente rociado como en el sistémico. Además, en las hojas, el dsRNA inhibió el crecimiento del hongo fúngico, no sólo en las partes directamente rociadas, sino también en las no rociadas. Otro hallazgo fue que las plántulas absorbieron el dsRNA y lo condujeron a través de su sistema vascular a los sitios de infección fúngica. En esta aproximación, al estar en contacto el dsRNA con el hongo, el dsRNA es procesado por la maquinaria de interferencia de ARN fúngica. Para ello, el complejo fúngico llamado DICER-LIKE 1 (FgDCL-1) desempeña un papel crucial. FgDCL-1 procesa el dsRNA en pequeños RNA interferentes o siRNAs, por su acrónimo en inglés, en las células de *Fusarium graminearum*. Este procesamiento de dsRNA a siRNAs por FgDCL-1 es un pre-requisito para que el mecanismo de interferencia del siRNA pueda ocurrir. En este trabajo, los siRNAs estaban dirigidos hacia los genes CYP51A, CYP51B y CYP51C, lo que condujo a la inactivación de estos. Al estar estos genes involucrados en la biosíntesis del ergosterol, un componente vital de la pared celular del hongo, los siRNA, inhibieron el crecimiento del hongo (Koch et al., 2016).

El sistema CRISPR-Cas9, basado en TADR, ha significado un gran avance en el desarrollo de plantas resistentes a través de la mutagénesis

dirigida. Se realizó la edición del gen S mediante CRISPR-Cas9 para generar plantas de arroz resistentes a nematodos fitoparásitos sin la presencia de transgenes (Huang et al., 2023). Estos autores indujeron específicamente la mutagénesis del gen de susceptibilidad OsHPP04 en el arroz, lo que dio lugar a mutantes homocigotos genéticamente estables con mayor resistencia al nematodo agallador del arroz (*Meloidogyne graminicola*). El estudio obtuvo con éxito mutantes de arroz homocigótico libres de transgenes que mostraron una mayor resistencia a *M. graminicola* en comparación con el arroz de tipo silvestre. Los mutantes obtenidos, al estar libres de elementos transgénicos, permiten evitar en gran parte las preocupaciones sobre el uso de organismos genéticamente modificados (Huang et al., 2023).

Los isotiocianatos son fungicidas naturales muy potentes producidos como defensa por diferentes especies de plantas pertenecientes a las Brásicas. En nuestro grupo de trabajo, demostramos la efectividad de estos compuestos para controlar las infecciones por hongos (Troncoso-Rojas et al., 2005; Troncoso et al., 2005). Demostramos que los hongos son capaces de adaptarse a altas concentraciones de los isotiocianatos y que esa adaptación implica la inducción de mutaciones en diferentes partes del genoma (Troncoso-Rojas et al., 2013). Con base en esto, decidimos evaluar la respuesta molecular de los hongos a la presencia de isotiocianatos utilizando el sistema *Alternaria alternata*:2-propenil isotiocianato, con lo cual logramos dilucidar, al menos parcialmente, la respuesta de adaptación de los hongos a estos compuestos (Báez-Flores et al., 2011; García-Coronado et al., 2015). De acuerdo con estos resultados, es posible pensar en diseñar un tratamiento combinando los isotiocianatos con inhibidores de alguna de las proteínas de defensa identificadas que utiliza el hongo con el fin de diseñar un tratamiento más efectivo.

En otra serie de experimentos, demostramos, como primer acercamiento, la efectividad de una mezcla compleja de componentes de la pared celular de los hongos para activar el sistema de defensa de los frutos y demostramos, en parte, el mecanismo molecular de respuesta de las frutas (Sánchez-Estrada et al., 2009).

Posteriormente, realizamos estudios para poder dilucidar el mecanismo molecular de las frutas utilizando uno de los componentes aislados de la pared celular del hongo *Alternaria alternata*, que es la quitina (Henry-García et al., 2018). El acercamiento experimental utilizado fue la secuenciación

masiva de la siguiente generación y el sistema tomate-*Alternaria alternata* (Henry-García et al., 2023). Se espera que el conocimiento del mecanismo molecular de respuesta de las frutas nos permita diseñar metodologías más eficientes para el control de infecciones fúngicas en frutos en un futuro.

Consideraciones sobre las tecnologías basadas en TADR

Aunque la tecnología del ARNi es prometedora para el control de hongos fitopatógenos, aún existen algunos aspectos por analizar en detalle, como los posibles efectos en genes que no son el objetivo, los cambios epigenéticos que pudieran resultar y algunas consideraciones de bioseguridad. En conjunto, estas consideraciones y su investigación son cruciales para una implementación exitosa de la tecnología del RNAi con el fin de lograr la protección sostenible de los cultivos y el desarrollo potencial de productos basados en ARNi para uso comercial (Gebremichael et al., 2021).

El uso combinado de las tecnologías de ARNi y CRISPR-Cas9 en las plantas es muy prometedor para mejorar la resistencia a diversos estreses y mejorar el rendimiento de los cultivos. El RNAi es un enfoque de regulación génica que permite reducir su expresión mediante la interferencia de moléculas de RNA, sin afectar a la expresión de otros genes. Un ejemplo concreto de esto es el papel fundamental del uso de la tecnología de ARNi en el desarrollo de frutos sin semillas a través de la desregulación de genes específicos involucrados en la formación de semillas, lo que conduce a la partenocarpia y a la mejora de la calidad de la fruta. Por otro lado, CRISPR-Cas9 es un sistema de nucleasas de sitio específico que permite la modificación precisa y dirigida de secuencias genómicas (Rajput et al., 2021). Para estos autores, muchos estudios han demostrado el potencial de los enfoques basados en RNAi y CRISPR/Cas9 en la mejora de los cultivos. Para ellos, la exploración que se ha hecho del RNAi en la modificación de la expresión génica con el fin de mejorar la calidad de los rasgos y desarrollar cultivos tolerantes al estrés y resistentes a las enfermedades, sin necesidad de transgenes, es un avance de gran valor en la agricultura. Asimismo, consideran que CRISPR/Cas9 es una poderosa herramienta para la edición genómica diri-

gida a cultivos, permitiendo la modificación de múltiples genes simultáneamente y facilitando el desarrollo de cultivares libres de transgenes.

En conclusión, el uso combinado de las tecnologías basadas en TADR, como la expresión heteróloga de genes, el ARNi y CRISPR-Cas9 tienen un gran potencial para mejorar la resistencia de las plantas frente a diversos estreses, aumentar el rendimiento de los cultivos y, de esta forma asegurar la sostenibilidad agrícola.

La tecnología del ADN recombinante y un sistema agrícola sostenible

El principio central de la sostenibilidad establece que debemos de poder satisfacer nuestras necesidades sin comprometer la capacidad de las futuras generaciones para hacer lo mismo. Los tres principios sobre los que se sostiene el principio de sostenibilidad son el ambiental, el social y el económico. De acuerdo con lo mencionado, la agricultura sostenible es una alternativa a la agricultura convencional, ya que integra las ciencias biológicas, económicas y sociales por lo que es claramente compatible con los principios de sostenibilidad, es de un uso más seguro y, por lo tanto, no impacta negativamente al ambiente (Lichtfouse et al., 2009).

Las pérdidas postcosecha de frutas a escala global se encuentran en un rango de 25 a 50% y se deben a varios factores entre lo que se pueden mencionar los daños mecánicos durante la cosecha y transporte, el almacenamiento en condiciones subóptimas, el empaque mal diseñado, la pérdida de agua, el estado fisiológico de maduración, la senescencia, desórdenes fisiológicos y el ataque de hongos (Bancal y Ray, 2022; Kitinoja et al., 2011). De estos últimos factores, la infección fúngica es el factor más importante, ya que es el más difícil de controlar y, adicionalmente, provoca contaminación por toxinas, lo cual es peligroso para la salud humana (Barkai-Golan y Paster, 2008; Klapac et al., 2022).

Tradicionalmente, se han utilizado compuestos químicos para el control de infecciones fúngicas postcosecha como parte de la agricultura convencional. Sin embargo, esto provoca contaminación tanto en el ambiente como en los alimentos, así como el desarrollo de cepas resistentes que ya no pue-

den ser controladas por los compuestos químicos (Sánchez-Torres, 2021). También implica potenciales efectos negativos en la salud de los consumidores debido a los residuos químicos. Se han desarrollado varias tecnologías alternativas para el control de hongos en postcosecha que se pueden clasificar en biológicas, químicas y físicas (Oyom et al., 2022; You et al., 2023). Sin embargo, la efectividad de estas tecnologías varía dependiendo de la especie, las condiciones climáticas precosecha, el periodo de tiempo del ciclo agrícola durante el cual se realizó la cosecha y el estado fisiológico del fruto al momento de la cosecha. Lo anterior provoca que el resultado de la aplicación de los tratamientos sea muy azaroso e ineficiente con lo que no se logra alcanzar las condiciones óptimas para controlar las infecciones fúngicas.

Esto trae como consecuencia que los peligros relacionados a las infecciones fúngicas nunca se logran reducir lo suficiente como para alcanzar la inocuidad alimentaria y la reducción de las pérdidas postcosecha. Debido a esto, se ha sugerido la necesidad de nuevas tecnologías (You et al., 2023).

Una alternativa viable es la TADR, ya que tiene el potencial de elucidar los mecanismos moleculares de defensa de los frutos en respuesta al ataque de hongos (García et al., 2023; Wang et al., 2024). Esta tecnología forma parte del manejo integrado de plagas, que se ha sugerido como una práctica novedosa para desarrollar la agricultura sostenible (Muhie, 2022). Aun cuando claramente se requiere de experimentación para demostrarlo, es muy probable que exista un mecanismo universal de defensa de las diferentes especies de frutas en respuesta al ataque de hongos. De acuerdo con lo mencionado, en la actualidad nuestro grupo de trabajo se encuentra generando evidencias científicas que sustentan la hipótesis que formulamos hace algunos años y que sostiene la existencia de un mecanismo universal de biosíntesis de cutícula en frutas (Valenzuela-Avilés et al., 2023). Asimismo, un estudio de los elementos de respuesta de los factores de transcripción de plantas encontró una alta conservación en especies con más de 125 millones de años de divergencia (Baumgart et al., 2024).

La demostración de un mecanismo molecular universal de respuesta de las frutas permitiría diseñar una estrategia óptima, inteligentemente dirigida y amigable con el ambiente con el fin de aumentar la resistencia de los frutos al ataque de hongos. Más aún, la estrategia en teoría funciona en todas

las especies de frutas, lo cual la convierte en un acercamiento óptimo, efectivo y de utilización sostenible. De acuerdo con esto, esta estrategia permitirá desarrollar la agricultura sostenible, ya que aumentaría la exportación de frutas, lo cual impacta de forma positiva a la economía y potenciaría la actividad agrícola mejorando el ingreso de los trabajadores. Asimismo, esto impacta positivamente al componente social al reducir los efectos negativos provocados por la utilización de químicos, lo cual tendría un impacto positivo en el ambiente y en la sociedad.

Mecanismo molecular de respuesta de las frutas a la infección fúngica

Mediante las modernas técnicas de secuenciación masiva es posible conocer la mayoría de los genes que se encuentran activos en respuesta a una infección fúngica. Esta posibilidad permite tener un panorama global de la bioquímica y los cambios en la regulación genética que ocurren en el núcleo.

Por medio de estas técnicas se ha obtenido el transcriptoma del patosistema de varias especies de frutos y hongos. De acuerdo con esto, se ha publicado el análisis de la interacción del tomate y el hongo *Colletotrichum gloeosporioides* (Alkan et al., 2015), la uva y el hongo *Talaromyces rugulosus* (Xu et al., 2021), la pera y el hongo *Alternaria alternata* (Kan et al., 2017), la fresa y el hongo *Botrytis cinerea* (Haile et al., 2019), el aguacate y el hongo *Colletotrichum gloeosporioides* (Djami-Tchatchou et al., 2012), el tomate y el componente quitina de la pared del hongo *Alternaria alternata* (García et al., 2023). Existen más estudios, sin embargo, es muy claro que en todos se encontró el mismo mecanismo de defensa del fruto, con algunas variaciones, por lo que no se citarán.

Debido a que este capítulo no está destinado a ser leído por un público experto en el área, los mecanismos moleculares complejos de defensa no serán descritos, y en su lugar se describirán de forma sencilla los hallazgos más recientes de la TADR.

El mecanismo molecular de la interacción fruta-hongo es muy complejo y se ha encontrado que la respuesta del fruto incluye genes que participan en diferentes respuestas como en el reconocimiento del patógeno y el

envío de la señal al núcleo, la biosíntesis de componentes cuticulares, la biosíntesis de fitoalexinas, glicoalcaloides y lignina, relacionados a la patogénesis, los genes de la pared celular, la generación de especies reactivas de oxígeno, los genes activados por fitohormonas, la activación de factores de transcripción, entre otros. Además, se han identificado elementos genéticos no codificantes como RNA de cadena larga que participan en la regulación de los genes involucrados en la defensa.

Los análisis de la respuesta molecular de frutos al ataque de hongos mediante la TADR claramente sugieren la existencia de un mecanismo común en las diferentes especies de frutas. En este contexto, sería factible pensar en la identificación de los elementos críticos del fenómeno y, con esta información, diseñar un protocolo mediante el cual sea posible alterar la respuesta para inducir un aumento en la resistencia del fruto al ataque de hongos. Esto provocaría menores pérdidas postcosecha, reduciría la contaminación por compuestos químicos y micotoxinas, aumentaría la entrada de divisas al país por concepto de exportaciones y una mayor generación de jornales, con lo que se impactaría en los tres pilares del desarrollo sustentable mencionados anteriormente.

Acercamiento metodológico para apoyar a la sostenibilidad de los sistemas agrícolas

En la actualidad no existen acercamientos comerciales desarrollados con base en la TADR, con excepción de las plantas transgénicas, lo cual se está tratando de obviar en este capítulo, como ya se mencionó. Sin embargo, existen aplicaciones que se utilizan desde hace tiempo, como la utilización de marcadores moleculares como apoyo a los programas de mejoramiento genético basados en la segregación mendeliana. Estos marcadores hacen posible acelerar el desarrollo de variedades con características fenotípicas mejoradas como una mejor resistencia al ataque de patógenos o a diferentes estreses, entre otros.

A continuación, se describe un posible acercamiento metodológico para utilizar la tecnología del ADN recombinante y apoyar a la sostenibilidad de los sistemas agroindustriales. Inicialmente, se requiere realizar una base

de datos con los genes que se han encontrado que participan en el mecanismo de defensa al ataque de hongos en los diferentes transcriptomas de la interacción fruta-hongo disponibles. Con la creación de esta base de datos, se realizará la búsqueda de estos genes en los genomas disponibles de las diferentes especies de frutas mediante herramientas de bioinformática. Es muy probable que se identifique la presencia de los genes en las diferentes especies. En el caso de estos genes, no se tendrá las evidencias experimentales de su activación durante el ataque de hongos, sin embargo, su presencia en el genoma claramente sugiere su función fisiológica. Asimismo, la identificación de genes comunes en diferentes especies permitirá especular, con bases más sólidas, acerca de la presencia de un mecanismo universal de respuesta al ataque de patógenos.

Posteriormente, se realizará el análisis de 1000 pares de bases de las regiones reguladoras, empezando desde el sitio de inicio de traducción de la proteína, con el fin de identificar la presencia de elementos de respuesta al ataque de patógenos. Este acercamiento permitirá generar evidencias *in silico* de que estos genes participan en la respuesta molecular al ataque de patógenos.

Además, permitirá identificar los diferentes factores de transcripción que participan en el mecanismo molecular de respuesta. Es importante identificar estos genes, ya que su función es la activación de grupos de genes de respuesta. De acuerdo con esto, es posible, en teoría, identificar al controlador principal del mecanismo de respuesta.

Es importante comentar que no podemos visualizar un acercamiento para el control del mecanismo molecular de respuesta a hongos en frutos sin la utilización de las técnicas modernas de edición genómica o la introducción de elementos genéticos, lo cual no se considera adecuado debido a la gran controversia que existe alrededor de los organismos transgénicos. Sin embargo, la información que se generaría mediante el acercamiento metodológico mencionado podría ser utilizado para la creación de marcadores moleculares que asistan programas de mejoramiento genético, utilizando como primer acercamiento al tomate, con el fin de evaluar la eficacia de dicho acercamiento. Existe la posibilidad de utilizar inhibidores suicidas (Hajizadeh et al., 2022), pero podría tener consecuencias negativas, considerando la cercanía filogenética de los frutos y los humanos.

Conclusiones

La utilización de la TADR es relativamente costosa y los reactivos, materiales y equipos que se necesitan no se producen en México. Sin embargo, es importante comentar que México ha invertido mucho tiempo y dinero en la formación de recursos humanos altamente especializados que se han entrenado en el extranjero, incluyendo al autor por correspondencia de este capítulo. Asimismo, se ha invertido en la creación de diferentes centros de investigación que cuenten con instalaciones adecuadas para realizar acercamientos experimentales con la tecnología del ADN recombinante. De acuerdo con lo anterior, existe el personal capacitado, el equipamiento y las instalaciones para que se puedan llevar a cabo acercamientos experimentales utilizando la TADR de forma inteligente y bien dirigida. Con base en esto, se puede argumentar que sí es posible desarrollar experimentación en México utilizando la TADR para apoyar la sostenibilidad de los sistemas agrícolas. Una vez desarrolladas las herramientas necesarias, no sería un problema llevar a cabo su aplicación en las diferentes regiones del país.

Relacionar a la tecnología del ADN recombinante únicamente con la creación de transgénicos implica una visión muy limitada de sus capacidades. En este contexto, las plantas transgénicas son, en parte, una herramienta para demostrar la función de las proteínas codificadas por los diferentes genes y, en este sentido, su rechazo es más bien de origen ideológico. Por otro lado, esta tecnología ha sido utilizada para la generación de medicinas con mayor seguridad y bajo costo, como la insulina, la hormona del crecimiento, los factores de la coagulación para los hemofílicos, las vacunas para el COVID que contienen virus recombinantes, entre otros. Asimismo, ha sido muy importante para la obtención de diferentes genomas incluyendo el del humano, lo cual tiene muchas aplicaciones potenciales. Asimismo, en la actualidad se está realizando la secuenciación de todos los genomas de virus, lo que va a permitir que podamos enfrentar la siguiente pandemia viral de forma más exitosa (Liachko, 2024).

La disponibilidad de varios genomas de plantas permite investigar la presencia de un mecanismo universal de respuesta a infecciones fúngicas, como se sugiere en el presente capítulo. Por otro lado, esta tecnología ofrece

la posibilidad de diseñar un protocolo para mejorar la resistencia de los frutos al ataque de hongos sin la utilización de compuestos químicos, lo cual puede causar un impacto positivo en los tres pilares de la sostenibilidad, contribuyendo así a un bienestar social que permanecerá sostenido en el tiempo. Esto, a su vez, puede inducir mejoras en muchos aspectos de la población como la educación, la salud, la esperanza de vida, el desarrollo de proyectos comunitarios, la mejora en las políticas públicas y más disponibilidad de trabajos mejor remunerados.

Referencias

- Alkan, N., G. Friedlander, D. Ment, D. Prusky y R. Fluhr. (2015). Simultaneous transcriptome analysis of *Colletotrichum gloeosporioides* and tomato fruit pathosystem reveals novel fungal pathogenicity and fruit defense strategies. *New Phytologist*, 205(2), 801-815. <https://doi.org/10.1111/nph.13087>
- Anaya-Dyck, J. M., M. Á. Hernández-Oñate, J. C. Tafolla-Arellano, R. Báez-Sañudo, P. Gutiérrez-Martínez y M. E. Tiznado-Hernández. (2021). La cadena productiva de guanábana: una opción para el desarrollo económico en Compostela, Nayarit. *Estudios sociales. Revista de alimentación contemporánea y desarrollo regional*, 31(57). <https://dx.doi.org/10.24836/es.v31i57.1048>
- Báez-Flores, M. A., R. Troncoso-Rojas, M. A. Islas-Osuna, M. Rivera-Domínguez, B. Pryor, y M. E. Tiznado-Hernández. (2011). Differentially expressed cDNAs in *Alternaria alternata* treated with 2-propenyl isothiocyanate. *Microbiological Research* 166(7), 566-577. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2010.11.004>
- Banani, H., D. Spadaro, D. Zhang, S. Matic, A. Garibaldi y M. L. Gullino. (2014). Biocontrol activity of an alkaline serine protease from *Aureobasidium pullulans* expressed in *Pichia pastoris* against four postharvest pathogens on apple. *International Journal of Food Microbiology*, 182-183, 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.05.001>
- Bancal, V., y R. C. Ray. (2022). Overview of food loss and waste in fruits and vegetables: From issue to resources. En: R. Ray, *Fruits and vegetable wastes: Valorization to bioproducts and platform chemicals* (pp. 3-29). Bhubaneswar: Springer.
- Barkai-Golan, R., y N. Paster. (2008). Mouldy fruits and vegetables as a source of mycotoxins: part 1. *World Mycotoxin Journal*, 1(2), 147-159. <https://doi.org/10.3920/WMJ2008.x018>
- Baumgart, A., A. Morales Cruz, S. Greenblum, P. Wang, Y. Zhang, L. Yang, A. C. Garretson, C. Chen, D. Dilworth, E. Savage, Y. Yoshinaga, C. Daum y R. O'Malley. (2024). Conservation of gene regulatory elements in plants. AGBT Agricultural Meeting 2024. Phoenix, Arizona, Estados Unidos. 14-18 abril.

- Bermúdez, G. P. (2022). *Biología molecular: ADN recombinante y sus aplicaciones*. Colombia: Editorial El Manual Moderno.
- Brundtland, G. H., y M. Khalid. (1987). *World Commission on Environment and Development: Our common future*. Oxford: Oxford University Press.
- Çakmakçi, R., M. A. Salik y S. Çakmakçi. (2023). Assessment and principles of environmentally sustainable food and agriculture systems. *Agriculture-Basel*, 13(5), 1073. <https://doi.org/10.3390/agriculture13051073>
- De la Peña, M. L. M., J. M. R. Parra, M. E. T. Hernández, M. P. Rodríguez, J. C. T. Arellano y K. M. Silva. (2022). Calidad como demanda intangible de mercado y organizaciones sustentables. *Revista Academia & Negocios*, 8(1), 111-124.
- Dixit, T., N. Dutta y A. Shukla. (2023). Negative impact of recombinant DNA technology on life. En: T.A. Bhat y J.M. Al-Khayri, *Genetic Engineering* (pp. 183-204). New York: Apple Academic Press.
- Djami-Tchatchou, A. T., C. J. Straker y F. Allie. (2012). 454 sequencing for the identification of genes differentially expressed in avocado fruit (cv. Fuerte) infected by *Colletotrichum gloeosporioides*. *Journal of Phytopathology*, 160(9), 449-460. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2012.01925.x>
- Domínguez, J. L., K. M. M. Sarmina, D. P. Sosa, D. y A. L. Monteon. (2017). Tecnología del ADN recombinante. *Kuxulkab'*, 23(47), 41-47. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a23n47.2627>
- Ervin, D. E., L. L. Glenna y R. A. Jussaume. (2010). Are biotechnology and sustainable agriculture compatible? *Renewable Agriculture and Food Systems*, 25(2), 143-157. <https://doi.org/10.1017/s1742170510000189>
- Farooq, M. (2023). Conservation agriculture and sustainable development goals. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences*, 60(3), 291-298. <https://doi.org/10.21162/pakjas/23.170>
- Felfernig, A., M. Wundara, T. N. T. Tran, S. Polat-Erdeniz, S. Lubos, M. El Mansi, D. Garber y V. M. Le. (2023). Recommender systems for sustainability: overview and research issues. *Frontiers in Big Data*, 6, Article 1284511. <https://doi.org/10.3389/fdata.2023.1284511>
- García-Coronado, H., R. Troncoso-Rojas, M. E. Tiznado-Hernández, M. C. de la Cruz Otero, S. P. Díaz Camacho y M. E. Báez-Flores. (2015). Analysis of a suppressive subtractive hybridization library of *Alternaria alternata* resistant to 2-propenyl isothiocyanate. *Electronic Journal of Biotechnology*, 18:320-326. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2015.06.002>
- García, Y. H., R. Troncoso-Rojas, M. E. Báez-Flores, M. A. Hernández-Oñate y M. E. Tiznado-Hernández. (2023). RNA-Seq of tomato fruit-*Alternaria* chitin oligomer interaction reveals genes encoding chitin membrane receptors and the activation of the defense response. *Horticulturae*, 9(10), Article 1064. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9101064>
- Gavrilescu, M., y Y. Chisti. (2005). Biotechnology - a sustainable alternative for chemical industry. *Biotechnology Advances*, 23(7-8), 471-499. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2005.03.004>
- Gebremichael, D.E., Z.M. Haile, F. Negrini, S. Sabbadini, L. Capriotti, B. Mezzetti y E. Ba-

- raldi. (2021). RNA interference strategies for future management of plant pathogenic fungi: Prospects and challenges. *Plants*, 10(4), 650. <https://doi.org/10.3390/plants10040650>
- Haberl, H., M. Fischer-Kowalski, F. Krausmann, H. Weisz y V. Winiwarter. (2004). Progress towards sustainability? What the conceptual framework of material and energy flow accounting (MEFA) can offer. *Land use policy*, 21(3), 199- 213. <https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2003.10.013>
- Haile, Z. M., E. G. Nagpala-De Guzmán, M. Moretto, P. Sonego, K. Engelen, L. Zoli, C. Moser y E. Baraldi. (2019). Transcriptome profiles of strawberry (*Fragaria vesca*) fruit interacting with *Botrytis cinerea* at different ripening stages. *Frontiers in Plant Science*, 10, Article 1131. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01131>
- Hajizadeh, M., Z. Moosavi-Movahedi, N. Sheibani y A. A. Moosavi-Movahedi. (2022). An outlook on suicide enzyme inhibition and drug design. *Journal of the Iranian Chemical Society*, 19(5), 1575-1592. <https://doi.org/10.1007/s13738-021-02416-4>
- Henry-García, Y., M. E. Tiznado-Hernández, M. E. Báez-Flores, E. Carvajal-Millán, A. Rascón-Chu, J. Lizardi-Mendoza, K.G. Martínez-Robinson y R. Troncoso-Rojas. (2018). Enzymatic treatments as alternative to produce chitin fragments of low molecular weight from *Alternaria alternata*. *Journal of Applied Polymer Science*, 136(15), 47339. <https://doi.org/10.1002/app.47339>
- Henry García, Y., R. Troncoso-Rojas, M. E. Báez-Flores, M. A. Hernández-Oñate y M. E. Tiznado-Hernández. (2023). RNA-Seq of tomato fruit-*Alternaria* chitin oligomer interaction reveals genes encoding chitin membrane receptors and the activation of the defense response. *Horticulturae*, 9(10), 1064 <https://doi.org/10.3390/horticulturae9101064>
- Huang, Q., B. Lin, Y. Cao, Y. Zhang, H. Song, C. Huang, T. Sun, C. Long, J. Liao, y K. Zhuo. (2023). CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the susceptibility gene OsHPP04 in rice confers enhanced resistance to rice root-knot nematode. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1134653. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1134653>
- Kan, J. L., T. L. Liu, N. Ma, H. Li, X.G. Li, J. Y. Wang, B. L. Zhang, Y. H. Chang, y J. Lin. (2017). Transcriptome analysis of callery pear (*Pyrus calleryana*) reveals a comprehensive signalling network in response to *Alternaria alternata*. *Plos One*, 12(9), Article e0184988. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184988>
- Khan, N., R. L. Ray, G. R. Sargani, M. Ihtisham, M. Khayyam y S. Ismail. (2021). Current progress and future prospects of agriculture technology: Gateway to sustainable agriculture. *Sustainability*, 13(9), Article 4883. <https://doi.org/10.3390/su13094883>
- Kitinoja, L., S. Saran, S. K. Roy y A. A. Kader. (2011). Postharvest technology for developing countries: challenges and opportunities in research, outreach and advocacy. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 91(4), 597-603. <https://doi.org/10.1002/jsfa.4295>
- Klapec, T., A. Wóciak-Fatla, E. Farian, K. Kowalczyk, G. Cholewa, A. Cholewa y J. Dutkiewicz. (2022). Mycobiota of berry fruits - levels of filamentous fungi and mycotoxins, composition of fungi and analysis of potential health risk for consumers. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 29(1), 28-37. <https://doi.org/10.26444/aaem/147297>

- Koch, A., D. Biedenkopf, A. Furch, L. Weber, O. Rossbach, E. Abdellatef, L. Linicus, J. Johannsmeier, L. Jelonek y A. Goesmann. (2016). An RNAi-based control of *Fusarium graminearum* infections through spraying of long dsRNAs involves a plant passage and is controlled by the fungal silencing machinery. *PLoS pathogens*, 12(10), e1005901. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005901>
- Liachko, I. (2024). Building the world's largest virome- and resistome-host interaction atlas for precision microbiomics. AGBT Agricultural Meeting 2024. Phoenix, Arizona, U.S.A. 14-18 Abril.
- Lichtfouse, E., M. Navarrete, P. Debaeke, V. Souchère, C. Alberola y J. Ménassieu. (2009). *Agronomy for Sustainable Agriculture: A Review*. 29(1), 1-6 https://doi.org/10.1007/978-90-481-2666-8_1
- Muhie, S.H. (2022). Novel approaches and practices to sustainable agriculture. *Journal of Agriculture and Food Research*, 10, Article 100446. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2022.100446>
- National Human Genome Research Institute. (abril 29, 2024). Recombinant DNA. ADN recombinante (rADN). <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/ADN-recombinante>
- Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. (2019). El estado mundial de la agricultura y la alimentación. Progresos en la lucha contra la pérdida y el desperdicio de alimentos. Roma. Licencia: CC BY-NC- SA 3.0 IGO.
- Oyom, W., Y. C. Li, D. Prusky, Z. Zhang, Y. Bi y R. Tahergorabi. (2022). Recent advances in postharvest technology of Asia pears fungi disease control: A review. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 117, Article 101771. <https://doi.org/10.1016/j.pmp.2021.101771>
- Rajput, M., K. Choudhary, M. Kumar, V. Vivekanand, A. Chawade, R. Ortiz y N. Pareek. (2021). RNA interference and CRISPR/Cas gene editing for crop improvement: Paradigm shift towards sustainable agriculture. *Plants*, 10(9), 1914. <https://doi.org/10.3390/plants10091914>
- Sánchez-Estrada, A., M. E. Tiznado-Hernández, J. Ojeda-Contreras y R. Troncoso- Rojas. (2009). Induction of enzymes and phenolic compounds related to the natural defense response of netted melon fruit by a bio-elicitor. *Journal of Phytopathology*, 157(1), 24-32. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2008.01440.x>
- Sánchez-Torres, P. (2021). Molecular mechanisms underlying fungicide resistance in citrus postharvest green mold. *Journal of Fungi*, 7(9), Article 783. <https://doi.org/10.3390/jof7090783>
- Secretaría del Bienestar. (2020). Se desperdician más de diez mil toneladas de alimentos cada año en México. <https://www.gob.mx/bienestar/prensa/se-desperdician-mas-de-diez-mil-toneladas-de-alimentos-cada-ano-en-mexico>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (2023). Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. <https://nube.siap.gob.mx/cierre-agricola/>
- Troncoso-Rojas R., A. Sánchez-Estrada, C. Ruelas, H. S. García y M. E. Tiznado-Hernández. (2005). Effect of benzyl isothiocyanate on tomato fruit infection development

- by *Alternaria alternata*. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 85(9),1427-1434. <https://doi.org/10.1002/jsfa.2129>
- Troncoso R., C. Espinoza, A. Sánchez-Estrada, M.E. Tiznado y H.S. García. (2005). Analysis of the isothiocyanates present in cabbage leaves extract and their potential application to control *Alternaria* rot in bell peppers. *Food Research International*, 38(6),701-708. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2005.02.004>
- Troncoso-Rojas, R., M. E. Báez-Flores, B. Pryor, H. S. García y M. E. Tiznado-Hernández. (2013). Inter simple sequence repeat polymorphism in *Alternaria* genomic DNA exposed to lethal concentrations of isothiocyanates. *African Journal of Microbiology Research*, 7(10), 838-852. <https://doi.org/10.5897/AJMR12.291>
- Valenzuela-Avilés, J. A., C. A. Contreras-Vergara, A. Cruz-Mendivil, C. A. Calderón- Vázquez, M. E. Tiznado-Hernández y M. A. Hernández-Oñate. (2023). Análisis genómico comparativo de la biosíntesis de cutícula en frutos carnosos. Congreso Interdisciplinario de Nutrición, Ciencia y Tecnología. Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. Hermosillo, Sonora, México. 22-24 noviembre.
- Wang, Y. X., B. Chen, C. Y. Cheng, B. K. Fu, M. X. Qi, H. S. Du, S. S. Geng y X. F. Zhang. (2024). Comparative transcriptomics analysis reveals the differences in transcription between resistant and susceptible pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties in response to anthracnose. *Plants-Basel*, 13(4), Article 527. <https://doi.org/10.3390/plants13040527>
- Wani, N. A., U. Wernery, F. Hassan, R. Wernery y J. Skidmore. (2010). Production of the first cloned camel by somatic cell nuclear transfer. *Biology of reproduction*, 82(2), 373-379. <https://doi.org/10.1095/biolreprod.109.081083>
- Xu, M., X. Zhang, D. Li, X. Gu, E. A. Godana, S. Dhanasekaran, L. Zhao y H. Zhang. (2021). Transcriptome analysis of postharvest grapes in response to *Talaromyces rugulosus* O1 infection. *Postharvest Biology and Technology*, 178, 111542. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2021.111542>
- You, Y., Y. Zhou, X. Duan, X. Mao y Y. Li. (2023). Research progress on the application of different preservation methods for controlling fungi and toxins in fruit and vegetables. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 63(33), 12441-12452. <https://doi.org/10.1080/10408398.2022.2101982>