**A Haplotype Resolved Genome for Avocado cultivar Hass**

*Onkar Nath, Stephen J Fletcher, Alice Hayward, Lindsay M Shaw, Ardashir Kharabian Masouleh, Agnelo Furtado, Robert J Henry, Neena Mitter*

1Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, The University of Queensland, St Lucia, QLD 4072, Australia.

Here we present a second published iteration of the *Persea americana* cv. Hass genome resolved into 12 pseudo chromosome haplotypes using Pacific Biosciences HiFi reads. This genome totaled 913 Mb with N50 of 84 Mb and 62.6% repeat elements. 874Mb was assigned to the chromosomes and annotated with 48,915 genes covering 98.8 % of the known gene space (single-copy genes from embryophytes). Of these, 39,207 could be ascribed functions. The mitochondrial and plastid organellar genomes were also assembled using Illumina short reads and de novo annotated. The avocado genome appeared to have a limited number of translocations between homeologous chromosomes, despite having undergone multiple genome duplication events.

**Key words**: chromosome, gene, repeat elements, HiFi, Illumina

**Un genoma resuelto de haplotipo para Avocado cultivar Hass***Onkar Nath, Stephen J Fletcher, Alice Hayward, Lindsay M Shaw, Ardashir Kharabian Masouleh, Agnelo Furtado, Robert J Henry, Neena Mitter*

1Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, The University of Queensland, St Lucia, QLD 4072, Australia.

Aquí presentamos una segunda iteración publicada de Persea americana cv. El genoma de Hass se resolvió en 12 haplotipos pseudocromosómicos utilizando lecturas HiFi de Pacific Biosciences. Este genoma totalizó 913 Mb con N50 de 84 Mb y 62,6% de elementos repetidos. Se asignaron 874 Mb a los cromosomas y se anotaron con 48 915 genes que cubren el 98,8 % del espacio genético conocido (genes de copia única de embriofitos). De estos, 39.207 podrían tener funciones adscritas. Los genomas de organelos mitocondriales y plástidos también se ensamblaron utilizando lecturas cortas de Illumina y se anotaron de novo. El genoma del aguacate parecía tener un número limitado de translocaciones entre cromosomas homeólogos, a pesar de haber sufrido múltiples eventos de duplicación del genoma.

**Palabras clave:** cromosoma, gen, elementos repetidos, HiFi, Illumina