



Valencia, 30 de mayo de 2012

Científicos valencianos participan en una investigación que logra secuenciar el ADN del tomate

- El tomate podría haber sobrevivido a las grandes extinciones gracias a las triplicaciones de su genoma. Su contenido genético se triplicó en numerosas ocasiones, lo que afectó a las características de su fruto
- Los resultados, publicados hoy en la portada de la prestigiosa revista *Nature*, permitirán mejorar el rendimiento de las producciones de tomate

Una investigación internacional en la que ha participado el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, centro mixto de la Universitat Politècnica de València y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha completado la secuenciación del genoma del tomate (*Solanum lycopersicum*) y la de su pariente silvestre (*S. pimpinellifolium*). El trabajo, en el que han trabajado más de 300 científicos de 13 países, aparece hoy en la portada de la revista *Nature*.

El análisis del contenido genético del tomate indica que este sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años. Según el investigador del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) Antonio Granell, que ha dirigido la parte española del trabajo, "este hecho fue el que podría haber salvado al tomate de la última gran extinción masiva" que acabó con el 75% de las especies del planeta, entre las que se incluyen los dinosaurios.

El ADN del tomate posee unos 35.000 genes que se expresan a lo largo de unos 900 millones de pares de bases. Entre sus diferentes cadenas de adenina, guanina, citosina y timina, el tomate presenta indicios de haber sufrido varias duplicaciones.

Según Granell, las duplicaciones del genoma "son un mecanismo para generar nuevas características". El investigador del IBMCP explica: "Si a partir de una tijera quieres crear una sierra, puedes alterar la tijera para que se parezca a una sierra, pero te quedarás sin la tijera; para evitar esta pérdida, lo que la naturaleza hace es duplicar la tijera y aplicar los cambios en una de las copias de forma que no pierdas la estructura original en caso de que dicho cambio no beneficie a la especie". Con el paso del tiempo, el contenido genético repetido y el que se ha quedado obsoleto a causa de las nuevas funciones se remodela poco a poco. En el caso del tomate, por ejemplo, algunos genes relacionados con su textura y su color son producto de este proceso de duplicación y especialización.

Pariente silvestre próximo

El origen del tomate comercial se remonta a unas pequeñas bayas que sólo crecían en algunas regiones de América del Sur. *S. pimpinellifolium* es el pariente vivo más cercano a este ancestro común. La secuenciación de esta especie ha revelado que solo existe una divergencia del 0,6% entre ambos genomas, lo que quiere decir que solo hay seis cambios por cada 1.000 nucleótidos, lo que indicaría que ambas especies se separaron



hace 1,3 millones de años, aproximadamente.

El hallazgo de estas diferencias, junto al mayor nivel de detalle en la genética del tomate común, permitirá mejorar su producción y cultivo. Granell considera el tomate como “un cultivo estratégico para nuestro país, por lo que la secuencia de su genoma podrá ser utilizada por la comunidad científica para entender su formación y maduración, así como para mejorar la calidad del fruto y su respuesta y adaptación frente al estrés biótico y abiótico.”

El análisis en profundidad del genoma del tomate se recoge hoy en *Nature*; no obstante, versiones previas de la secuencia han estado disponibles desde hace más de un año en una página web de acceso público (<http://solgenomics.net>). El investigador del IBMCP destaca la importancia de “difundir este tipo de avances lo antes posible, sobre todo cuando se trata de investigaciones públicas, de forma que se puedan devolver los beneficios a la sociedad cuanto antes”.

Dentro de este consorcio internacional de investigadores, la participación española se centró en la secuenciación del cromosoma 9 y en la introducción de nuevas tecnologías de secuenciación. El equipo de Granell también ha contado con la colaboración de investigadores del Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (centro mixto del CSIC y la Universidad de Málaga), el Centro Nacional de Análisis Genómico y las empresas Genome Bioinformatics y Sistemas Genómicos. Todo ello ha sido posible gracias a la ayuda del VII Programa Marco, la Fundación Genoma España, Cajamar, la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, la Fundación Séneca, la Fundación Manrique de Lara, el Instituto Nacional de Bioinformática, el Instituto Canario de Investigaciones Agrarias y el Instituto de Investigación Agraria y Pesquera.

Shusei Sato *et al.* **The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution.** *Nature*.
DOI: 10.1038/nature1119



*Miscelánea de tomates. Autor: Rafael Fernández Muñoz, CSIC.
"La variación genética natural del tomate se refleja en una gran diversidad de forma, tamaño y color de los frutos".*

Datos de contacto:

Luis Zurano Conches

Unidad de Comunicación Científica-CTT

Universitat Politècnica de València

ciencia@upv.es

647422347

- Anexos:

