

# SeedQuest®

home news forum careers events suppliers solutions markets resources directories adverti

## NEWS SECTION

### News Page

Index of news sources All Africa Asia/Pacific Europe Latin America Middle East North America

#### ▼ Topics

Alliances / M & A  
 Biodiversity  
 Biologicals & inoculants  
 Biotechnology  
 Cereal crops  
 Climate change  
 Coexistence  
 Crop protection  
 Data management  
 Drought tolerance  
 Education & careers  
 Financial  
 Food safety  
 Forage crops  
 Fungicide resistance  
 Genomics  
 Herbicide resistance  
 Insecticide resistance  
 Intellectual property protection  
 Legal & regulatory  
 Machinery  
 Marker-assisted breeding  
 Market data  
 Molecular breeding  
 New products  
 New services  
 New technologies  
 Non-food agriculture  
 Oilseed crops  
 Organic  
 Ornamentals  
 People  
 Plant breeding  
 Plant health  
 Post-harvest science  
 Published in print  
 Pulse crops  
 Research  
 Root health  
 Seed analysis  
 Seed colorants & polymers  
 Seed enhancement



## Tomato genome explains evolutionary success of fleshy-fruited plants

***El genoma del tomate aporta nueva información sobre la evolución de las plantas con fruto carnoso***

***El genoma del tomàquet aporta nova informació sobre l'evolució de les plantes amb fruit carnos***




Powered by [Google Translate](#)

Spain  
 May 30, 2012

- *Researchers from the Centre for Genomic Regulation (CRG) have participated in the sequencing of the tomato genome.*
- *The results of the work will be published in the journal Nature and describe the main characteristics of the genome of cultivated tomatoes compared with the wild tomato and the potato.*
- *The functional analysis of the tomato genome reveals that the repeated genes present in the tomato explain some of the features of this fruit, as well as their evolutionary success.*

Researchers at the Centre for Genomic Regulation (CRG) have participated in the sequencing of the tomato genome. This project was conducted by an international consortium with the principal aim of providing the tomato genome sequence to public and private research groups in order to gain a better understanding of the biology of this agriculturally essential plant. The results obtained by the consortium are presented in the journal Nature and describe the regions of the tomato genome that have been key to its evolution and specialisation. The study compares the genome of the cultivated tomato (*Solanum lycopersicum*) with two species of the same genus, the wild tomato (*Solanum pimpinellifolium*) and the potato (*Solanum tuberosum*).

By comparing the genomes of these species, researchers have observed that the genomes of the cultivated and wild tomatoes differ by only 0.6%. However, the divergence between the genomes of the tomato and potato is more than 8%. This is because, throughout their evolution, they have inverted and triplicated long fragments of their genome. These genomic reorganisations explain evolutionary changes that occurred millions of years ago and contributed to the emergence of new species of plants with fruits and their subsequent diversification. Moreover, it has been seen that some repeated fragments include genes that would be responsible for, among other things, the control of certain characteristics of the texture of the fruit such as the formation of the skin. These repetitions have helped to form a tougher skin in order to preserve the fruit better.

"The tomato is one of the most common and most exploited crop plants. Getting to know its genome in detail allows us, on one hand, to have a better understanding of the evolution of higher plants thanks to controlled populations such as cultivated ones, and it also provides new tools for future agriculture", explains Francisco Cámara at the CRG Bioinformatics and Genomics lab, led by Roderic Guigó.

Dr. Guigó was one of the researchers who participated in the first sequencing of the human genome and he has been involved in numerous sequencing projects. His lab contributed to the tomato genome project by developing software to identify genes in the genome sequence of the

Seed health  
 Seed processing  
 Seed technology  
 Seed testing  
 Seed treatment  
 Stress tolerance  
 Sustainable ag  
 Turf grasses  
 Vegetable crops  
 Web & IT solutions  
 Weed control

► **Species**

**Archives**

News archive  
 1997-2008

tomato. Genes are the basic units of information and generally constitute a very small percentage of the genome sequence of a species. "The identification of genes is the first step in converting the genome sequence of a species into biologically relevant information", adds Guigó.

This project was conducted by an international consortium with the involvement of several European research groups from the UK, Belgium, Germany, Italy, the Netherlands and Spain, along with other international groups in China, Japan, Korea, Taiwan, India, Argentina and the United States.

In Spain, as well as the Centre for Genomic Regulation (CRG), the Institute of Molecular and Cellular Biology of Plants-UPV-CSIC, the Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG), the "La Mayora" Subtropical and Mediterranean Horticulture Institute UMA-CSIC, the Barcelona Supercomputing Centre, the Institute for Biomedical Research (IRB) and the company Sistemas Genómicos in the Technology Park of Valencia also all took part.

Reference work:

Sato S. et al. "The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution" Nature 31 May 2012.

---

## El genoma del tomate aporta nueva información sobre la evolución de las plantas con fruto carnoso

- Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han participado en la secuenciación del genoma del tomate.
- Los resultados de su trabajo se publican en Nature el 31 de mayo y describen las principales características del genoma del tomate de cultivo en comparación con el tomate silvestre y la patata.
- El estudio funcional del genoma del tomate concluye que los genes repetidos que presenta el tomate explicarían algunas de las características de este fruto así como también su éxito evolutivo.

Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) participan en la secuenciación del genoma del tomate. Este proyecto, se ha llevado a cabo por un consorcio internacional cuyo objetivo principal es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación públicos y privados para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura. Los resultados obtenidos por este consorcio se presentan en la revista Nature y describen las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización. El trabajo compara el genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) con el de dos especies más del mismo género: el tomate silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

Al comparar los genomas de estas especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen un 0,6%. En cambio, la divergencia entre el genoma del tomate y el de la patata es de más del 8%. Ello es debido a que, durante la evolución, se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma. Estas reorganizaciones genómicas explicarían cambios evolutivos que sucedieron hace millones de años y que contribuyeron a la aparición de nuevas especies de plantas con frutos y a la diversificación de estas. Por otro lado, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos incluyen genes que serían responsables, entre otras cosas, del control de algunas características del fruto como por ejemplo la formación de la piel. Así, dichas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

"El tomate es una de las plantas de cultivo más comunes y con mayor explotación. Conocer su genoma al detalle nos permite, por un lado, entender mejor la evolución de las plantas superiores gracias a poblaciones controladas como son las cultivadas y, por otro, nos ofrece nuevas herramientas para la agricultura en el futuro" explica Francisco Cámara, uno de los investigadores que ha participado en el proyecto del genoma del tomate en el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG liderado por Roderic Guigó.

El Dr. Guigó fue uno de los investigadores españoles que participó en la secuenciación del primer genoma humano y ha participado en numerosos proyectos de secuenciación. La aportación de su laboratorio al proyecto del genoma del tomate ha consistido en el desarrollo de software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate. Los genes son las unidades básicas de información y constituyen, en general, un porcentaje muy pequeño de la secuencia del genoma de una especie.. "La identificación de genes es el primer paso para convertir la secuencia del genoma de una especie en información relevante desde el punto de vista biológico" añade Guigó.

Este proyecto, se ha llevado a cabo por un consorcio internacional con la participación de diversos grupos de investigación europeos en Reino Unido, Bélgica, Alemania, Italia, Países Bajos y España; junto con otros grupos internacionales en China, Japón, Corea, Taiwan, India, Argentina y Estados Unidos.

En España además del Centro de Regulación Genómica (CRG) también han participado el Instituto

de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC que ha coordinado la participación española, el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG), el Instituto Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora UMA-CSIC, el Barcelona Supercomputing Center, el Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona (IRB) y la empresa Sistemas Genómicos de Parque tecnológico de Valencia.

Trabajo de referencia:

Sato S. Et al. "The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution" Nature 31 May 2012.

---

## **El genoma del tomàquet aporta nova informació sobre l'evolució de les plantes amb fruit carnós**

• Investigadors del Centre de Regulació Genòmica (CRG) han participat en la seqüenciació del genoma del tomàquet.

• Els resultats del treball els publica la revista Nature el 31 de maig i descriuen les principals característiques del genoma del tomàquet de cultiu en comparació amb el tomàquet silvestre i la patata.

• L'estudi funcional del genoma del tomàquet conclou que els gens repetits que presenta el tomàquet explicarien algunes de les característiques d'aquest fruit així com també el seu èxit evolutiu.

Investigadors del Centre de Regulació Genòmica (CRG) participen en la seqüenciació del genoma del tomàquet. Aquest projecte, s'ha dut a terme per un consorci internacional amb l'objectiu principal d'oferir la seqüenciació del genoma del tomàquet a grups de recerca públics i privats per a tenir un millor coneixement de la biologia d'aquest vegetal que és essencial en l'agricultura. Els resultats obtinguts per aquest consorci es presenten a la revista Nature i descriuen les regions del genoma del tomàquet que han estat clau per la seva evolució i especialització. El treball compara el genoma del tomàquet de cultiu (*Solanum lycopersicum*) amb el de dues espècies del mateix gènere: el tomàquet silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) i la patata (*Solanum tuberosum*).

En comparar els genomes d'aquestes espècies, els investigadors han observat que el genoma del tomàquet de cultiu i el silvestre només divergeixen un 0,6%. En canvi, la divergència entre el genoma del tomàquet i el de la patata és de més del 8%. Això es deu a que, durant l'evolució, s'han invertit i triplicat fragments llargs del genoma. Aquestes reorganitzacions genòmiques explicarien canvis evolutius que van succeir fa milions d'anys i que van contribuir a l'aparició de noves espècies de plantes amb fruits i a la diversificació d'aquestes. D'altra banda, s'ha vist que alguns dels fragments repetits inclouen gens que serien responsables, entre d'altres coses, del control d'algunes característiques de la textura del fruit com, per exemple, la formació de la pell. Així, aquestes repeticions haurien contribuït a formar una pell més resistent per a conservar millor el fruit.

"El tomàquet és una de les plantes de cultiu més comuns i amb major explotació. Conèixer el seu genoma al detall ens permet, d'una banda entendre millor l'evolució de les plantes superiors gràcies a poblacions controlades com són les cultivades i, d'altra banda, ens ofereix noves eines per a l'agricultura en el futur" explica Francisco Cámara, un dels investigadors que ha participat en el projecte del genoma del tomàquet al laboratori Bioinformàtica i Genòmica del CRG liderat per en Roderic Guigó.

El Dr. Guigó va ser un dels investigadors que va participar en la seqüenciació del primer genoma humà i ha participat en la nombrosos projectes de seqüenciació. L'aportació del seu laboratori al projecte del genoma del tomàquet ha consistit en el desenvolupament de software per identificar gens en la seqüència del genoma del tomàquet. Els gens són les unitats bàsiques d'informació i constitueixen, en general, un percentatge molt petit de la seqüència del genoma d'una espècie. "La identificació de gens és el primer pas per convertir la seqüència del genoma d'una espècie en informació rellevant des del punt de vista biològic" afegeix Guigó.

Aquest projecte s'ha dut a terme per un consorci internacional amb la participació de diversos grups de recerca europeus al Regne Unit, Bèlgica, Alemanya, Itàlia, Països Baixos y Espanya; juntament amb altres grups internacionals a Xina, Japó, Corea, Taiwan, Índia, Argentina i Estats Units.

A Espanya a banda del Centre de Regulació Genòmica (CRG) també hi han participat l'Institut de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC - que ha coordinat la participació espanyola en el projecte-, el Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica (CNAG), l'Institut de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" UMA-CSIC, el Barcelona Supercomputing Center, l'Institut de Recerca Biomèdica de Barcelona (IRB) i l'empresa Sistemas Genómicos del Parc Tecnològic de València.

Treball de referència:

Sato S. Et al. "The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution" Nature 31 May 2012.

**More news from:** [Centre for Genomic Regulation](#)

**Website:** <http://www.crg.eu/>

**Published:** May 30, 2012

The news item on this page is copyright by the organization where it originated  
[Fair use notice](#)

Copy