



Secuenciado el genoma del tomate

Una investigación internacional, en la que participan científicos españoles, ha completado la secuenciación del genoma del tomate de cultivo y la de su pariente silvestre

Los resultados de este trabajo demuestran que los genomas de ambos solo divergen un 0,6%, mientras que la divergencia con la patata (*Solanum tuberosum*) es de más del 8%. El trabajo, en el que han trabajado más de 300 científicos de 13 países, aparece hoy en la portada de la revista Nature.

Según los autores los genes repetidos que han encontrado explicarían algunas propiedades de su piel. “El tomate es una de las plantas de cultivo más comunes y con mayor explotación. Conocer su genoma al detalle nos permite entender mejor la evolución de las plantas superiores y ofrece nuevas herramientas para la agricultura en el futuro”, explica el investigador Francisco Cámara, del Centro de Regulación Genómica (CRG).

Según los científicos las diferencias entre el genoma del tomate doméstico, el silvestre y la patata son debidos a que durante la evolución, se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

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 Primo Yúfera (centro mixto del CSIC y la Universidad Politécnica de Valencia) Antonio Granell, que ha dirigido la parte española del trabajo, “este hecho 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. Estas reorganizaciones explicarían cambios evolutivos que sucedieron hace millones de años y que contribuyeron a la aparición de nuevas especies de plantas con frutos y a su diversificación.

Además, algunos de los fragmentos repetidos incluyen genes que serían responsables de algunas propiedades del tomate, como, por ejemplo, la formación de una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Devolver los beneficios a la sociedad

”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 Roderic Guigó, del laboratorio de Bioinformática y Genómica del CRG. La aportación de su laboratorio a este estudio ha consistido en el desarrollo de un software para la detección de genes.

El proyecto se ha llevado a cabo por un consorcio internacional y pretende ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación públicos y privados para mejorar conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura. Versiones previas de la secuencia han estado disponibles desde hace más de un año en una página web de acceso público. Antonio Granell, del CSIC, 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 del consorcio internacional de investigadores, la participación española se centró en la secuenciación del cromosoma 9 y en la introducción de nuevas tecnologías de secuenciación. También han participado investigadores del Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (centro mixto del CSIC y la Universidad de Málaga) y las empresas Genome Bioinformatics y Sistemas Genómicos.