

Press Release - Spain

UN CONSORCIO INTERNACIONAL SECUENCIA EL GENOMA DEL TOMATE

May 31, 2012 – El genoma del tomate cultivado y el de su pariente silvestre más próximo, *Solanum pimpinellifolium*, ha sido secuenciado por el Consorcio del Genoma del Tomate (TGC), un grupo de más de 300 científicos de catorce países. Este importante logro, que permitirá reducir los costes y afinar los esfuerzos para mejorar la producción del tomate, combatir sus enfermedades y mejorar su tolerancia a los estreses, se publica esta semana como portada de la revista Nature

Los científicos españoles han participado en este esfuerzo desde el principio, primero secuenciando el cromosoma nueve y más tarde incorporando las tecnologías de secuenciación de nueva generación, y participando en el ensamblado y la anotación del genoma. La participación española ha estado coordinada por Antonio Granell del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV) en Valencia y ha supuesto la participación de científicos de este instituto y de la empresa valenciana de secuenciación Sistemas Genómicos y también la de científicos del Centro Nacional de Análisis Genómico, Genome Bioinformatics Laboratory, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC), Joint IRB-BSC program on Computational Biology. Todo ello ha sido posible gracias a la ayuda del proyecto ESPSOL financiado por Genoma España, Cajamar; FEPPEX; Fundación Séneca; ICIA; IFAPA; Fundación Manrique de Lara; del Instituto Nacional de Bioinformática y del Séptimo Programa Marco de la UE (EUSOL).

La secuencia proporciona una visión detallada de las porciones funcionales del genoma del tomate y de su pariente más próximo, revelando el orden y estructura de sus 35000 genes. El tomate pertenece a la familia de las Solanáceas., que incluye a las patatas, pimientos, berenjenas, así como plantas ornamentales y medicinales como la petunia, el tabaco la belladona o la mandrágora. Los miembros de esa familia se han adaptado a diferentes ecosistemas desde la pluviselva hasta el desierto de Atacama.

El análisis de la secuencia nos muestra que el genoma del tomate se “triplicó” de repente hace unos 60 millones de años, más o menos cuando se produjo la extinción masiva que acabó con los dinosaurios. Posteriormente, la mayor parte de los genes triplicados se perdieron, mientras que aquellos que sobrevivieron se especializaron con el tiempo y ahora controlan importantes características, como el tiempo de maduración, la firmeza de los frutos y la pigmentación roja característica de los tomates

La secuencia servirá como referencia para otras especies de Solanáceas y para estudios de genómica comparativa dentro de las Solanáceas y con otros taxones de plantas. El TGC se fundó en 2003 en Washington e incluye científicos de Argentina, Bélgica, China, Francia, Alemania, India, Israel, Italia, Japón, Corea, Holanda, Reino

Unido, Estados Unidos y España. La secuencia del tomate y recursos relacionados estan accesibles en <http://solgenomics.net> and <http://mips.helmholtz-muenchen.de/plant/tomato/index.jsp>.

Contacts:

Antonio Granell

agranell@ibmcv.upv.es

El tomate sobrevivió a las grandes extinciones gracias a triplicaciones de su genoma que afectaron también las características del fruto

- El CSIC ha participado en una investigación internacional que ha logrado secuenciar el genoma del tomate
- Los resultados, publicados hoy en la portada de la revista 'Nature', indican que su contenido genético se triplicó en numerosas ocasiones
- El avance permitirá mejorar el rendimiento de las producciones de tomate

Una investigación internacional en la que ha participado el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha completado la secuenciación del genoma del tomate (*Solanum lycopersicum*) y la de su ancestro silvestre (*S. pimpinellifolium*). Los resultados, en los que han trabajado más de 300 científicos de 13 países, aparecen recogidos 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 CSIC en el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas 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. El genoma humano, con sus casi 3.000 millones de pases de bases, sólo alcanza los 27.000 genes.

Entre sus diferentes cadenas de adenina, guanina, citosina y timina, el tomate presenta indicios de que ha habido varias duplicaciones. Según Granell, las duplicaciones del genoma "son un mecanismo para generar nuevas características". El investigador del CSIC 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 va remodelandose 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 parente vivo más cercano a este ancestro común. La secuenciación de esta especie ha revelado que sólo existe una divergencia del 0,6% entre ambos genomas, lo que quiere decir sólo hay seis cambios por cada 1.000 nucleótidos, lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años.

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 al tomate como “un cultivo estratégico para nuestro país, por lo que su secuencia podrá ser utilizada por la comunidad científica para entender los procesos de desarrollo y maduración, así como mejorar la calidad del fruto y su respuesta y adaptación frente a estreses bióticos y abióticos.”

El análisis en profundidad sobre el genoma del tomate se recoge hoy en Nature, no obstante versiones de la secuencia ha estado disponible desde hace más de un año en una página web de acceso público (<http://solgenomics.net>). El investigador 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 pueda devolver a la sociedad los beneficios cuanto antes”.

Dentro de este consorcio internacional de investigadores, la participación española se centró inicialmente en la secuenciación y anotación del cromosoma 9 pero se extendió a todo el genoma con la introducción de nuevas tecnologías de secuenciación. En el proyecto han participado además de investigadores del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV) en Valencia, la empresa valenciana de secuenciación Sistemas Genómicos y también científicos del Centro Nacional de Análisis Genómico, Genome Bioinformatics Laboratory, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC), Joint IRB-BSC program on Computational Biology. Todo ello ha sido posible gracias a la ayuda de la Fundación Genoma España, Cajamar; FEPPEX; Fundación Séneca; ICIA; IFAPA; Fundación Manrique de Lara; Instituto Nacional de Bioinformática y del Séptimo Programa Marco de la UE