

Jueves, 31 de mayo 2012

**LAVANGUARDIA.COM** | Ciencia

SEGÚN UN ESTUDIO

## La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción

Superó una etapa en la que perecieron el 75% de las especies, entre ellas los dinosaurios

Ciencia | 30/05/2012 - 19:47h



El tomate, todo uno superviviente GYI

Barcelona. (Efe).- La **secuenciación del ADN del tomate**, una investigación internacional en la que han participado grupos españoles, refleja que este fruto **logró salvarse** de la "**extinción masiva**" que acabó con el 75% de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la **triplicación** de su **genoma**.

Este trabajo, cuyos resultados se publican este jueves en la revista *Nature* y que ha sido desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que ha dirigido la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El **ADN del tomate** posee unos 35.000 genes que se expresan en unos 900 millones de pares de bases y entre sus diferentes cadenas de adenina, guanina, citosina, y timina, el tomate presenta indicios del haber sufrido varias duplicaciones, "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen un 0,6% (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años) mientras que la divergencia con la patata es de más del 8%, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es una de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara, que ha participado en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se ha encargado de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate. En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, han participado en el proyecto 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.

El proyecto ha contado con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, la Fundación Séneca, entre otros organismos.



Actualizado 8:50

[PORTADA](#)  
[IMPRESA](#) [Edición en PDF](#)

[31-MAY-12](#)

- [Gente](#)
- [COMUNICACIÓN](#)
- [RELIGIÓN](#)
- [LA RED](#)
- [LOS TOROS](#)
- [VERDE](#)
- [CIENCIA](#)
- [VD VIAJES](#)
- [MOTOR](#)
- [L'OSSERVATORE](#)
- [SUPLEMENTOS](#)

• Síguenos en: [f](#) [t](#) [g+](#) [p](#) [w](#)

Forex conlleva el riesgo de pérdidas sustanciales

**Regístrate  
ahora**

**easy forex\***  
ready.trade

Estudio de la revista Nature

## La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción masiva de especies

La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que han participado grupos españoles, refleja que este fruto logró salvarse de la "extinción masiva" que acabó con el 75 % de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

- 0
- 1
- 
- 

[0](#)

- 
- 

- 
- 
- 
- 
- 
- 



 Doble clic sobre cualquier palabra para ver significado

30 Mayo 12 - Barcelona - Efe

Este trabajo, cuyos resultados se publican mañana en la revista Nature y que ha sido desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste **sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años**- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que ha dirigido la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El ADN del tomate **posee unos 35.000 genes** que se expresan en unos 900 millones de pares de bases y entre sus diferentes cadenas de adenina, guanina, citosina, y timina, el tomate presenta indicios del haber sufrido varias duplicaciones, "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado

que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen un 0,6 % (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años) mientras que la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es una de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara, que ha participado en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se ha encargado de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate.

En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, han participado en el proyecto 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.

El proyecto ha contado con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, la Fundación Séneca, entre otros organismos.

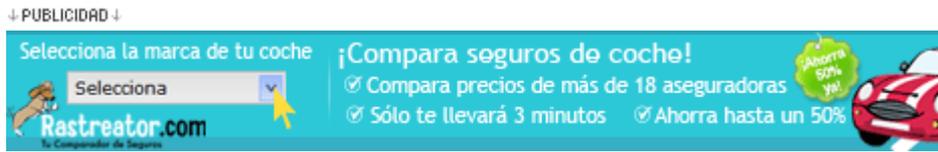
- 0
- 1
- 
- 

0

- 
- 

- 
- 
- 
- 
- 
- 

↓ PUBLICIDAD ↓



Selecciona la marca de tu coche

Selecciona

Rastreator.com

¡Compara seguros de coche!

- ✓ Compara precios de más de 18 aseguradoras
- ✓ Sólo te llevará 3 minutos
- ✓ Ahorra hasta un 50%

¡Ahorra 50% ya!

© Copyright 2012, La Razón C/ Josefa Valcárcel 42, 28027 Madrid (España)



»

## La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción masiva de especies

30 de mayo de 2012 • 13:14

La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que participan grupos españoles, refleja que este fruto logró salvarse de la "extinción masiva" que acabó con el 75 % de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

Este trabajo, cuyos resultados se publican mañana en la revista Nature y que fue desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que dirigió la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El ADN del tomate posee unos 35.000 genes y cerca de 900 millones de pares de bases, que muestran evidencias de que esta planta ha sufrido varias duplicaciones, lo que se considera "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos del ADN incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto, como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen en un 0,6 % (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, -las unidades más elementales del ADN- lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años).

Mientras, la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es uno de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara.

Cámara participó en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se encargó de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del

---

Conéctate y comparte

proyecto 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.

El proyecto contó con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, y la Fundación Séneca, entre otros organismos.



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

---

## enlaces relacionados

- **Los osos polares, cinco veces más antiguos de lo que se...**  
<http://noticias.terra.com.co/ciencia/los-osos-polares-cinco-veces-mas-antiguos-de-lo-que-se-creia,cf4a3e413cbc6310VgnVCM10000098cceb0aRCRD.html>
- **Descubren un nuevo mecanismo del reloj biológico de las...**  
<http://noticias.terra.com.co/ciencia/descubren-un-nuevo-mecanismo-del-reloj-biologico-de-las-plantas,c0ac38299b7f5310VgnVCM4000009bf154d0RCRD.html>
- **Identifican el gen "interruptor" que hace florecer a las...**  
<http://noticias.terra.com.co/ciencia/identifican-el-gen-interruptor-que-hace-florece-a-las-plantas,1e679ad680a36310VgnVCM5000009ccceb0aRCRD.html>
- **El calentamiento del Mediterráneo extinguirá el 90% de...**  
<http://noticias.terra.com.co/calentamiento-global/el-calentamiento-del-mediterraneo-extinguira-el-90-de-posidonias-en-40-anos,8a335e4a71b67310VgnVCM5000009ccceb0aRCRD.html>

---

Ver esta noticia en:

Terra -

<http://noticias.terra.com.co/ciencia/la-triplicacion-del-genoma-libro-al-tomate-de-la-extincion-masiva-de-especies,02f01fddcee97310VgnVCM3000009acceb0aRCRD.html>

# La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción masiva de especies

Tiempo de lectura: 3' 57" | No. de palabras: 618

**EFE, Barcelona**

**15:05** | MIÉRCOLES 30/05/12

La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que participan grupos españoles, refleja que **este fruto logró salvarse de la "extinción masiva"** que acabó con el 75 % de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

Este trabajo, cuyos resultados se publican mañana en la **revista Nature** y que fue desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que dirigió la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

**El ADN del tomate posee unos 35 000 genes y cerca de 900 millones de pares de bases**, que muestran evidencias de que esta planta ha sufrido varias duplicaciones, lo que se considera "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos del ADN incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto, como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen en un 0,6 % (sólo seis cambios cada 1 000 nucleótidos, -las unidades mas elementales del ADN- lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años).

Mientras, la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es uno de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara.

Cámara participó en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se encargó de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate.

En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, participaron en el proyecto 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.

El proyecto contó con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, y la Fundación Séneca, entre otros organismos.



Derechos reservados ® 2011 GRUPO EL COMERCIO C.A.  
Prohibida la reproducción total o parcial de este  
contenido sin autorización de GRUPO EL COMERCIO C.A

## La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción masiva de especies

Barcelona, 30 may (EFE).- La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que participan grupos españoles, refleja que este fruto logró salvarse de la "extinción masiva" que acabó con el 75 % de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

Este trabajo, cuyos resultados se publican mañana en la revista Nature y que fue desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que dirigió la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El ADN del tomate posee unos 35.000 genes y cerca de 900 millones de pares de bases, que muestran evidencias de que esta planta ha sufrido varias duplicaciones, lo que se considera "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos del ADN incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto, como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen en un 0,6 % (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, -las unidades más elementales del ADN- lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años).

Mientras, la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es uno de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara.

Cámara participó en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se encargó de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate.

En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, participaron en el proyecto 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.

El proyecto contó con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, y la Fundación Séneca, entre otros organismos.



# La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción masiva de especies

EFE, 30/05 20:18 CET

Barcelona, 30 may (EFE).- La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que han participado grupos españoles, refleja que este fruto logró salvarse de la "extinción masiva" que acabó con el 75 % de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

Este trabajo, cuyos resultados se publican mañana en la revista Nature y que ha sido desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que ha dirigido la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El ADN del tomate posee unos 35.000 genes y cerca de 900 millones de pares de bases, que muestran evidencias de que esta planta ha sufrido varias duplicaciones, lo que se considera "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos del ADN incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto, como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen en un 0,6 % (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, -las unidades más elementales del ADN- lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años) mientras que la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

"El tomate es una de las plantas más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara, que ha participado en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

Este laboratorio del CRG se ha encargado de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate.

En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, han participado en el proyecto 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.

El proyecto ha contado con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, la Fundación Séneca, entre otros organismos.

*euronews publica los teletipos de EFE, pero no interviene en los artículos publicados.*

*Copyright 2012 EFE.*

# La triplicación del genoma libró al tomate de la extinción

• BlogsCartelesLibrosEl tiempoVideos

Efe | 30/05/2012 - 20:11



Foto: Reuters

La secuenciación del ADN del tomate, una investigación internacional en la que han participado grupos españoles, refleja que este fruto logró salvarse de la "extinción masiva" que acabó con el 75% de las especies del planeta, entre ellas los dinosaurios, gracias a la triplicación de su genoma.

Este trabajo, cuyos resultados se publican este jueves en la revista *Nature* y que ha sido desarrollado por un consorcio con la colaboración de más de 300 científicos de trece países, describe las principales características del genoma del tomate doméstico (*Solanum lycopersicum*) en comparación con el silvestre (*Solanum pimpinellifolium*) y la patata (*Solanum tuberosum*).

**El estudio concluye que los genes repetidos que presenta el tomate -el análisis genético indica que éste sufrió varias triplicaciones consecutivas hace unos 60 millones de años- explicarían algunas de las características de este fruto y su éxito evolutivo.**

Según explica el investigador Antonio Granell, del Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas Primo Yúfera (Centro del CSIC de la Universidad de Valencia), que ha dirigido la parte española de la investigación, esta triplicación hizo que la especie sobreviviera.

## Conocer el tomate a fondo

El objetivo de este trabajo, que describe las regiones del genoma del tomate que han sido claves para su evolución y especialización, es ofrecer el genoma del tomate a grupos de investigación para un mejor conocimiento de la biología de este vegetal, esencial en la agricultura.

El ADN del tomate posee unos 35.000 genes y cerca de 900 millones de pares de bases, que muestran evidencias de que esta planta ha sufrido varias duplicaciones, lo que se considera "un mecanismo para generar nuevas características", señala Granell.

Por ejemplo, **se ha visto que algunos de los fragmentos repetidos del ADN incluyen genes que serían responsables del control de ciertas características del fruto**, como la formación de la piel, por lo que estas repeticiones habrían contribuido a formar una piel más resistente para conservar mejor el fruto.

Al comparar los genomas de las especies, los investigadores han observado que el genoma del tomate de cultivo y el silvestre sólo divergen en un 0,6% (sólo seis cambios cada 1.000 nucleótidos, -las unidades más elementales del ADN- lo que indicaría que ambas especies se separaron hace unos 1,3 millones de años) mientras que la divergencia con la patata es de más del 8 %, porque durante la evolución se han invertido y repetido fragmentos largos del genoma.

## Más herramientas para la agricultura

"El tomate es una de los cultivos más comunes y de 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", explica el investigador Francisco Cámara, que ha participado en el proyecto desde el laboratorio Bioinformática y Genómica del CRG (Centro de Regulación Genómica) liderado por Roderic Guigó.

**Este laboratorio del CRG se ha encargado de desarrollar el software para identificar genes en la secuencia del genoma del tomate.**

En España, además del CRG y el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-UPV-CSIC, han participado en el proyecto 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.

El proyecto ha contado con el apoyo de la Fundación Genoma España, Cajamar la Federación Española de Productores Exportadores de Frutas y Hortalizas, la Fundación Séneca, entre otros organismos.



### Curso fotografía digital

Con este curso aprenderás los secretos y técnicas para ser un fotógrafo profesional.

» [Pincha aquí](#)



### Calcula seguro de coche

Con Acierto.com pagarás hasta 500€ menos. Encuentra el más barato en sólo 3 min.

» [Pincha aquí](#)



### Billetes avión baratos

Compare en 10 segundos entre más de 250 sites de viajes y encuentre el mejor precio.

» [Pincha aquí](#)



### ¡Gane un 81% en 1 hora!

Únase a la nueva revolución del trading online y podrá ganar un 81% en cada operación.

» [Pincha aquí](#)

Publicidad Ligatus

Ecoprensa S.A. - Todos los derechos reservados | Cloud Hosting en Acens