

Resumen

Las proteínas DELLA son elementos centrales de la ruta de señalización por giberelinas (GAs), donde actúan como represores de las respuestas a GAs. En angiospermas, se ha observado que las DELLAs interactúan con cientos de factores de transcripción y otros reguladores transcripcionales, modulando de este modo la expresión génica. Por lo tanto, la participación generalizada de las GAs a lo largo del ciclo vital de las plantas es una consecuencia directa de la promiscuidad de las proteínas DELLA y de su rol como reguladores transcripcionales clave. Aunque las DELLAs se encuentran en todas las plantas terrestres, solo son reguladas por GAs en traqueofitas, en las cuales se han centrado la mayoría de los estudios previos. El trabajo aquí presentado pretende descifrar en qué punto de la evolución las DELLAs adquirieron las características moleculares que las convierten en “hubs”, y qué ventajas biológicas podrían estar relacionadas con la evolución de las DELLAs. En el primer capítulo, describimos análisis comparativos de redes de co-expresión génicas asociadas a DELLA en especies vasculares y no vasculares, y proponemos que las DELLAs tienen un papel crítico en la conformación de panoramas transcripcionales. Desde su aparición en el ancestro de las plantas terrestres, conectaron múltiples programas transcripcionales que serían independientes sin ellas, mejoraron la eficiencia de la transmisión de información y aumentaron el nivel de complejidad en la regulación transcripcional. También observamos que este efecto se incrementó tras su integración en la señalización por GAs. En el segundo capítulo, proporcionamos pruebas experimentales más sólidas que extienden esta conclusión. Usando una combinación de rastreos de doble híbrido en levadura dirigidos, con DELLAs de diferentes posiciones en el linaje vegetal, y complementación heteróloga en plantas de *Arabidopsis*, mostramos que la promiscuidad es una característica conservada en todas las proteínas DELLA examinadas; lo cual sugiere que esta propiedad puede haber estado codificada en la DELLA ancestral, y después se mantuvo a lo largo de la evolución, con episodios de co-evolución entre las DELLAs y sus interactores. Finalmente, la comparación de dianas transcripcionales de las DELLAs en diferentes especies muestra la llamativa conservación de un pequeño conjunto de funciones reguladas por DELLAs en plantas vasculares y no vasculares -incluyendo la respuesta a factores de estrés-, mientras que análisis comparativos de promotores indican que las dianas específicas de cada especie aparecen mediante al menos dos mecanismos: el establecimiento de nuevas interacciones de la DELLA, y el acceso a nuevos promotores diana a través de interactores conservados.

En resumen, proponemos que las DELLAs son proteínas intrínsecamente promiscuas, con propiedades de “hub” en virtualmente todas las plantas, y la conservación de sus dianas transcripcionales depende en gran medida de la evolución de sus interactores. La conservación de las propiedades de “hub” de las proteínas DELLA las convierte en dianas biotecnológicas ideales, ya que la mayoría del conocimiento generado en una especie podría ser fácilmente adaptado a otras especies relativamente lejanas.