

Resumen

El tiempo de floración es uno de los caracteres más importantes que influyen en la productividad y el rendimiento de los cultivos. La identificación de compuestos sintéticos que sean bioactivos en el control de la inducción floral es de gran interés. Su identificación podría permitirnos ajustar el tiempo de floración en los cultivos, adaptándolos a las condiciones ambientales más favorables. Para identificar estos compuestos, hemos tomado dos enfoques diferentes: un cribado genético químico y la caracterización del metaboloma de transición floral.

En primer lugar, realizamos un rastreo de genética química para identificar moléculas pequeñas que tengan el potencial de controlar la expresión del florigeno, *FLOWERING LOCUS T (FT)* o la actividad o señalización de FT en Arabidopsis. Para ello, hemos utilizado plantas transgénicas que expresan el gen β -*GLUCURONIDASE (GUS)* bajo el control del promotor *FT* para probar una librería de 360 moléculas preseleccionadas. Los resultados positivos obtenidos se volvieron a analizar mediante un cribado secundario basado en la expresión del gen reportero *LUCIFERASE (LUC)* bajo el control del promotor *FT*. Utilizando este enfoque, hemos identificado una molécula que induce con éxito la floración en condiciones de cultivo *in vitro*.

En segundo lugar, hemos caracterizado la función del ácido piperónico (Pip), una molécula previamente identificada como candidata a regular la floración. Hemos confirmado que las mutaciones en las enzimas responsables de la biosíntesis de Pip muestran una alteración en la respuesta del tiempo de floración. Además, hemos identificado un nuevo papel del Pip relacionado con el crecimiento y el tamaño de la roseta de Arabidopsis.

Finalmente, utilizamos un sistema inducible basado en el promotor de *CONSTANS (CO)* que controla la expresión del gen endógeno de *CO* fusionado con el receptor de glucocorticoides de rata (*CO::GR*). De manera que con un solo tratamiento con dexametasona podemos inducir la floración. Con este sistema, realizamos un estudio del metaboloma de muestras de ápices y hojas mediante técnicas de metabolómica dirigida, lipidómica, cuantificación hormonal y transcriptómica. La integración de estos conjuntos de datos ómicos nos ha permitido identificar rutas metabólicas que se encuentran alteradas durante la transición floral. A su vez, la caracterización de mutantes de pérdida

de función que codifican enzimas clave de esas vías metabólicas, reveló que algunos de estos mutantes mostraban un fenotipo afectado para el tiempo de floración. Entre ellos, nos enfocamos en la caracterización de los genes relacionados con el metabolismo de la rafinosa, un oligosacárido de reserva. Mutantes afectados en el gen *RAFFINOSE SYNTHASE 5 (RS5)* presentan un fenotipo de floración temprana y fertilidad reducida. En base a los resultados obtenidos, proponemos un modelo en el que, durante la transición floral, se produce una reestructuración de los ratios entre carbohidratos sencillos (monosacáridos y disacáridos) y de reserva, como la rafinosa. Estos cambios podrían ser modulados por el ácido abscísico (ABA) y por genes relacionados con la floración, desencadenando cambios en el metabolismo de la trehalosa y promoviendo una expresión temprana de *FT*.