

# Índice de contenidos

AGRADECIMIENTOS.....	I
RESÚMENES.....	V
RESUMEN .....	VII
RESUM.....	IX
ABSTRACT .....	XI
ÍNDICE.....	XIII
ÍNDICE DE FIGURAS Y TABLAS.....	XVII
INTRODUCCIÓN.....	1
La parada de la proliferación en plantas monocárpicas.....	3
El final de la floración en Arabidopsis .....	4
Mantenimiento de la indeterminación del meristemo. ....	7
La ruta FUL/AP2.....	8
Antes de la ruta FUL/AP2: Los genes <i>SPL</i> .....	11
Después de la ruta FUL/AP2: dormancia, ácido abscísico y genes <i>HB</i> .....	16
OBJETIVOS .....	21
CAPÍTULO 1 .....	25
Los genes <i>SPL-ANQ</i> comparten patrón de expresión con <i>FUL</i> .....	27
Los genes <i>SPL-ANQ</i> son necesarios para el correcto desarrollo de la planta y el control de la parada proliferativa.....	30
Relación de los genes <i>SPL-ANQ</i> con el gen <i>FUL</i> .....	38
Los genes <i>SPL-ANQ</i> podrían estar regulando la parada de la proliferación afectando a la señalización por ABA .....	47
Los mutantes en los genes <i>SPL-ANQ</i> son insensibles al estrés por sacarosa .....	54
Discusión.....	59
CAPÍTULO 2 .....	67
<i>HB21</i> se acumula en el ápice floral cerca de la parada de la floración .....	69

<i>HB21</i> es capaz de inducir la parada del meristemo cuando se expresa en el SAM. .....	71
<i>HB21</i> controla la parada del meristemo de manera redundante con <i>HB40</i> y <i>HB53</i> . .....	74
<i>HB21</i> controla la parada del meristemo controlando la respuesta a ABA .....	82
Discusión.....	87
DISCUSIÓN GENERAL .....	91
CONCLUSIONES .....	97
MATERIAL Y MÉTODOS.....	101
Material biológico y condiciones de cultivo.....	103
Métodos de biología molecular .....	106
Transformación genética .....	114
Análisis fenotípico.....	116
Estudios relacionados con ácido abscísico .....	116
Inducción con Dexametasona.....	117
Estudios de expresión.....	117
Obtención de fotografías. ....	119
Análisis transcriptómico: RNAseq.....	120
Análisis estadístico.....	121
BIBLIOGRAFÍA .....	123
ANEXOS.....	135

## ÍNDICE DE FIGURAS Y TABLAS

### INTRODUCCIÓN

<b>Figura I.1.</b> Desarrollo de <i>Arabidopsis thaliana</i> .....	5
<b>Figura I.2.</b> La eliminación de frutos produce una flor indeterminada.....	6
<b>Figura I.3.</b> La mutación del gen <i>FUL</i> no produce flor terminal.....	10
<b>Figura I.4.</b> La inducción de <i>AP2</i> recupera la actividad del meristemo.....	10
<b>Figura I.5.</b> Modelo de la ruta <i>FUL-AP2</i> .....	11
<b>Figura I.6.</b> Árbol sin enraizar de 120 dominios SBP hecho por <i>máximum-likelihood</i> .....	12
<b>Figura I.7.</b> Los genes <i>SPL</i> de <i>Arabidopsis</i> .....	14
<b>Figura I.8.</b> Los genes <i>SPL-ANQ</i> se expresan al final de la proliferación y pueden activar el promotor de <i>FUL</i> .....	15
<b>Figura I.9.</b> Respuesta a la inducción de <i>AP2</i> en el meristemo inflorescente.....	17
<b>Figura I.10.</b> Árbol filogenético de la familia HD-ZIP en <i>Arabidopsis</i> .....	18
<b>Figura I.11.</b> Expresión de los genes HD-ZIP I en <i>Arabidopsis</i> .....	19

### CAPITULO 1

<b>Figura C1.1.</b> Patrón de expresión de <i>FUL</i> , <i>SPL1</i> y <i>SPL16</i> .....	28
<b>Figura C1.2.</b> Expresión relativa de <i>YFP</i> en inflorescencia apical en líneas <i>SPL16pro::SPL16-YFP</i> ...30	
<b>Figura C1.3.</b> Diagrama de la localización de la inserción de T-DNA en los genes <i>SPL1-ANQ</i> según la información disponible en el TAIR.....	31
<b>Figura C1.4.</b> Conteo de flores en Col-0 y <i>spl12/14/16</i> .....	32
<b>Figura C1.5.</b> Fenotipo de las plantas <i>spl-quad</i> .....	33
<b>Figura C1.6.</b> Conteo de flores en Col-0 y <i>spl-quad</i> .....	34
<b>Figura C1.7.</b> Comparación de los frutos <i>spl-quad</i> y <i>35S::FUL</i> .....	35
<b>Figura C1.8.</b> Diagrama del gen <i>OTU1</i> y conteo de flores producidas por sus mutantes.....	36
<b>Figura C1.9.</b> Diagrama de porcentaje de plantas según sus frutos producidos en Col-0, <i>otu1-1</i> y <i>otu1-2</i> .....	37
<b>Figura C1.10.</b> Patrón de expresión en distintos momentos del desarrollo vegetativo de plantas con el reportero <i>FULpro:GUS</i> en fondo Col-0 y <i>spl-quad</i> .....	38
<b>Figura C1.11.</b> Análisis por qRT-PCR de los niveles de transcrito de <i>FUL</i> en el meristemo apical del tallo a lo largo del desarrollo de Col-0 y <i>spl-quad</i> .....	40
<b>Figura C1.12.</b> Diagrama de la localización del CRISPR del gen <i>FUL</i> .....	40
<b>Figura C1.13.</b> Conteo de hojas de roseta y caulinares producidas y días tras la germinación necesarios en Col-0, <i>spl-quad</i> , <i>ful-2</i> y <i>spl-quad ful-cr</i> hasta el alzado y primera flor en antesis en día largo.....	42
<b>Figura C1.14.</b> Conteo de hojas de roseta y caulinares producidas y días tras la germinación necesarios en Col-0, <i>spl-quad</i> , <i>ful-2</i> y <i>spl-quad ful-cr</i> hasta el alzado y primera flor en antesis en día corto.....	43

<b>Figura C1.15.</b> Fenotipo de las plantas <i>spl-quad ful-cr</i> .....	45
<b>Figura C1.16.</b> Conteo de flores producidas en Col-0, <i>spl-quad</i> , <i>ful-2</i> y <i>spl-quad ful-cr</i> desde el alzado hasta la parada proliferativa.....	47
<b>Figura C1.17.</b> Categorías GO enriquecidas para los DEGs en meristemos del mutante <i>spl-quad</i> frente al genotipo silvestre a tres semanas del alzado.....	50
<b>Figura C1.18.</b> Categorías GO enriquecidas para los DEGs en meristemos del mutante <i>spl-quad</i> frente al genotipo silvestre que se mantienen a lo largo del desarrollo floral.....	51
<b>Figura C1.19.</b> Comparación de DEGs en <i>spl-quad</i> y AP2ind.....	53
<b>Figura C1.20.</b> Porcentaje de germinación y grado de desarrollo de plantas Col-0, <i>spl-quad</i> , 35S::SPL14 y <i>nced3-2</i> en placas suplementadas con distintas concentraciones de sacarosa.....	57
<b>Figura C1.21.</b> Crecimiento en placas MS con 250mM de sacarosa de plantas Col-0, <i>spl-quad</i> , 35S::SPL14 y <i>nced3-2</i> .....	58
<b>Figura D1.1.</b> Expresión de los genes <i>SPL</i> en meristemo apical.....	60
<b>Figura D1.2.</b> La represión del gen <i>TCP7</i> produce efectos similares en inflorescencias que el quintuple mutante <i>spl-quad ful-cr</i> .....	61
<b>Figura D1.3.</b> Modelo de ruta de <i>SPL-ANQ</i> en meristemo apical inflorescente.....	65
<b>Tabla C1.1.</b> Listado de DEGs activados en <i>spl-quad</i> y reprimidos en AP2ind relacionados con estrés.....	54
<b>Tabla C1.2.</b> Log2FC, padj y rpkms de genes de interés relacionados con <i>SPL-ANQ</i> .....	55

## CAPITULO 2

<b>Figura C2.1.</b> La expresión de <i>HB21</i> aumenta cerca del final de la floración.....	70
<b>Figura C2.2.</b> La acumulación de WUS correlaciona negativamente con la activación de <i>HB21</i> .....	71
<b>Figura C2.3.</b> La inducción de <i>HB21</i> induce la parada de flores y meristemo.....	73
<b>Figura C2.4.</b> La parada del meristemo depende de la intensidad de la inducción de <i>HB21</i> .....	74
<b>Figura C2.5.</b> Diagrama del gen <i>HB21</i> según la información disponible en TAIR.....	75
<b>Figura C2.6.</b> Conteo de flores producidas en la inflorescencia principal en Col-0, <i>hb21-1</i> y <i>hb21-2</i> una vez producida la parada proliferativa.....	76
<b>Figura C2.7.</b> Número de flores producidas por mutantes simples y combinación de mutantes <i>HB21</i> , <i>HB40</i> y <i>HB53</i> en el tiempo.....	77
<b>Figura C2.8.</b> La expresión relativa de <i>HB21</i> , <i>HB40</i> y <i>HB53</i> aumenta al final de la floración en el ápice de la inflorescencia principal.....	78
<b>Figura C2.9.</b> Diagrama de la localización de la inserción de T-DNA en los genes <i>HB40</i> y <i>HB53</i> según la información disponible en el TAIR.....	79
<b>Figura C2.10.</b> <i>HB21</i> , <i>HB40</i> y <i>HB53</i> actúan redundantemente en la parada de la actividad del meristemo.....	80
<b>Figura C2.11.</b> Fenotipo de las plantas Col-0, <i>hb21-3</i> , <i>hb40</i> , <i>hb53-1</i> , <i>hb21-3/hb53-1</i> y <i>hb21-3/hb40/hb53-1</i> .....	81

<b>Figura C2.12</b> Grupo de yemas florales en la inflorescencia principal con parada proliferativa en Col-0, <i>hb21-3</i> , <i>hb53-1</i> , <i>hb40</i> , <i>hb21-3 hb53-1</i> y <i>hb21-3 hb40 hb53-1</i> .....	82
<b>Figura C2.13.</b> Análisis de enriquecimiento funcional con las categorías GO sobrerrepresentadas correspondientes a proceso biológico.....	84
<b>Figura C2.14.</b> <i>HB21</i> induce la producción de ácido abscísico.....	85
<b>Figura C2.15.</b> El ácido abscísico detiene el desarrollo del ápice inflorescente principal.....	86
<b>Tabla C2.1.</b> Log <sub>2</sub> FC, padj y tpms de genes de interés relacionados con <i>HB21</i> , <i>HB40</i> y <i>HB53</i> .....	87

## DISCUSIÓN GENERAL

<b>Figura D.1.</b> Modelo de integración de la ruta de <i>SPL-ANQ</i> y <i>HB21</i> , <i>HB40</i> y <i>HB53</i> en el meristemo apical inflorescente.....	95
---	----

## MATERIALES y MÉTODOS

<b>Tabla M.1.</b> Cepas bacterianas utilizadas en esta tesis.....	103
<b>Tabla M.2.</b> Genotipos y líneas transgénicas de <i>Arabidopsis</i> utilizadas en este trabajo.....	104
<b>Tabla M.3.</b> Antibióticos y concentraciones utilizadas en medios bacterianos.....	105
<b>Tabla M.4.</b> Oligonucleótidos utilizados a lo largo de la tesis.....	109
<b>Tabla M.5.</b> Vectores utilizados y obtenidos en este trabajo.....	111

## ANEXOS

<b>ANEXO I.</b> Secuencia de aminoácidos de las proteínas FUL y FUL-cr.....	137
<b>ANEXO II.</b> Categorías GO de los DEGs activados y reprimidos en <i>spl-quad</i> vs Col-0 3sda.....	138
<b>ANEXO III.</b> Categorías GO de los DEGs en todo el desarrollo de <i>spl-quad</i> vs Col-0.....	144
<b>ANEXO IV.</b> Categorías GO de los DEGs activados y reprimidos en <i>spl-quad</i> 3 sda vs AP2ind.....	145
<b>ANEXO V.</b> Secuencia de aminoácidos de <i>HB21</i> y <i>HB21-3</i> .....	148
<b>ANEXO VI:</b> Categorías de los DEGs activados y reprimidos al inducir <i>HB21</i> .....	149
<b>ANEXO VII.</b> Categorías GO de DEGs inducidos en <i>HB21</i> ind y reprimidos en AP2ind.....	156
<b>ANEXO VIII.</b> Abreviaturas.....	158