

Caracterización del proceso de Parada Proliferativa (PA) en *Arabidopsis thaliana* y *Pisum sativum*.

Las plantas monocárpicas se definen como aquellas que florecen, producen semillas y mueren después de un solo ciclo reproductivo. Muchos cultivos de importancia agroeconómica siguen estrategia reproductiva. En estas plantas, después de producir un cierto número de semillas, el meristemo apical del tallo (SAM) cesa su actividad, siendo esta la antesala de su senescencia y muerte. Este fenómeno, estudiado en diferentes especies de plantas monocárpicas, se conoce como Parada Proliferativa (PA). Se encuentra influenciado por múltiples factores, que incluyen la influencia del desarrollo de frutos y semillas, así como las condiciones ambientales de luz, humedad, etc. Todos estos factores son finalmente integrados a nivel genético en la planta. En este contexto, en *Arabidopsis thaliana* se ha descrito una ruta dependiente de la edad encargada de la modulación del PA, la ruta *FUL-AP2*. Se ha demostrado que el miR172 y *FRUITFUL (FUL)* incrementan su expresión con la edad de la planta y regulan negativamente *APETALA2 (AP2)*, que es responsable de mantener la actividad meristemática a través de la acción de *WUSCHEL (WUS)*. En este sentido, se ha sugerido que otros miembros de la subfamilia euAP2, *TOE1*, *TOE2*, *TOE3*, *SMZ* y *SNZ*, conocidos colectivamente como *AP2-like* genes, también juegan un papel crucial en la modulación de la PA. No obstante, estos han sido definidos principalmente como reguladores de la transición floral, y su implicación en la modulación del PA no está bien establecida. Por otro lado, *Pisum sativum* ha sido, históricamente, una especie ampliamente estudiada a nivel fisiológico en lo que concierne a PA. Sin embargo, hoy aún existen numerosas cuestiones, ambigüedades y discrepancias acerca de la regulación del PA en esta especie.

En esta tesis doctoral, pretendemos profundizar en la caracterización de diversos aspectos del PA tanto en *Arabidopsis thaliana* como en *Pisum sativum*, con intención de determinar el grado de conservación que existe en este proceso entre estas dos especies monocárpicas.

En el Capítulo 1, hemos examinado el papel de todos los miembros de la subfamilia euAP2 en la modulación de la PA en *Arabidopsis thaliana*, así como su potencial para estrategias biotecnológicas dirigidas a la modulación de la PA. Nuestros resultados sugieren que, a excepción de *SMZ*, todos juegan un papel crítico en este proceso, siendo inductores de la actividad meristemática. Además, *AP2* y *SNZ* han demostrado tener el potencial para ser usados en estrategias biotecnológicas dirigidas a aumentar la producción de frutos en plantas monocárpicas. En el capítulo 2 se han revisitado los estudios fisiológicos que históricamente han tenido como objetivo determinar el papel de los frutos en desarrollo en la inducción del PA en *Pisum sativum*. Nuestros resultados sugieren que el desarrollo de semillas determina el momento del PA: cuando se ha producido una determinada biomasa de semillas, la SAM entra en un estado latente. Además, a nivel transcriptómico, *Arabidopsis thaliana* y *Pisum sativum* exhiben un comportamiento similar en cuanto a la influencia de las semillas en la actividad meristemática y el PA.

Finalmente, en el Capítulo 3, hemos generado herramientas para caracterizar los genes de la subfamilia euAP2 en la modulación de PA en *Pisum sativum*. Además, sentamos las bases para el estudio de nuevos moduladores de la ruta genética, como *Flowering Locus T (FT)*, postulándolo así como posible florigeno y anti-florigeno de las plantas.