

Resumen

El desarrollo de las plantas es un proceso iterativo de formación de órganos a partir de los meristemas primarios de la planta. La actividad meristemática está dirigida por programas transcripcionales dinámicos que determinan el destino y la identidad celular conforme las células son desplazadas a través del tejido meristemático para iniciar el primordio del órgano. Esta red regulatoria incluye miembros de las familias de factores de transcripción TCP y KNOX, e integra señales externas e intrínsecas para adaptar eficientemente la actividad meristemática al medio ambiente, siempre cambiante. Sin embargo, la manera en que esta integración ocurre no se ha desvelado todavía.

Se ha propuesto que en plantas, las proteínas DELLA modulan los circuitos transcripcionales en respuesta a señales medioambientales. Aunque no muestran capacidad de unión al ADN, las DELLAs regulan la transcripción a través de su interacción física con un gran número de factores de transcripción capaces de unirse al ADN y otros reguladores transcripcionales. Dada la interacción observada entre las DELLA y varios miembros de la familia de factores de transcripción TCP, hemos explorado la relevancia de esta interacción en la regulación de los meristemas primarios. Hemos confirmado que las DELLA interactúan con miembros de las dos clases de TCPs (Clase I y Clase II) e impiden su capacidad de regular dianas aguas abajo. En la raíz del embrión, las DELLAs mantienen el meristemo durmiente al impedir la activación de los genes de ciclo celular dependiente del módulo TCP14/15. Por otro lado, las DELLAs participan en el establecimiento del meristemo apical del tallo, que mantiene un estado indiferenciado, a través del control del módulo TCP2/4-AS1, el cual regula la expresión del gen *KNAT1*. En resumen, esta Tesis aporta un marco mecanístico para explicar, con el tiempo, la regulación medioambiental de la actividad meristemática.