RESUMEN

El desarrollo de todos los órganos de la planta depende de la actividad de los meristemos y regiones adyacentes. El número de flores que llega a producir una planta monocárpica depende del tiempo durante el cual la actividad proliferativa del SAM permanece activa, antes de desencadenarse la parada global de la proliferación (GPA). Es por esto por lo que el estudio de los factores genéticos que controlan el cese de la actividad del SAM adquiere gran importancia. El conocimiento exacto de los genes que regulan el mantenimiento de las células meristemáticas ayudaría en los programas de mejora de los cultivos a la obtención de variedades más productivas.

La ruta FRUITFULL-APETALA2 (FUL-AP2) probablemente haya sido la primera ruta genética propuesta de regulación de la longevidad del meristemo en plantas monocárpicas. Esta ruta propone que conforme la planta va llegando al final de su ciclo de vida aumentan los niveles de expresión del *miR172* y de *FUL*, como consecuencia de la reducción del *miR156* y aumento de los factores de transcripción SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE (SPLs), que regulan la expresión de *FUL*. El aumento de la expresión de *FUL* y del *miR172* produce la reducción de los niveles de *AP2*, lo cual ocasionaría la interrupción en la expresión de *WUS* y por tanto el cese de la actividad meristemática, apareciendo el GPA.

En el capítulo 1 de esta tesis doctoral hemos pretendido profundizar en el estudio del control de la longevidad de los meristemos mediante la ruta FUL-AP2, identificando dianas moleculares o interactores de AP2.

En el capítulo 2 hemos llevado a cabo el rastreo de diferentes poblaciones mutageneizadas buscando mutantes que a pesar de ser estériles adelantaran el GPA, como punto de partida a la identificación de factores implicados en la vía de señalización entre semillas en desarrollo y meristemo apical, otra de las posibles rutas de regulación del GPA.

En el capítulo 3 hemos desarrollado una serie de estrategias biotecnológicas que permiten, aumentar la producción de frutos y semillas en *Arabidopsis thaliana*. Estas estrategias tratan de aplicar el conocimiento sobre la ruta FUL-AP2 de mantenimiento de la actividad meristemática para prolongar la actividad del SAM. Todas las estrategias convergen en elevar el nivel de expresión de *AP2* en el SAM, mediante el silenciamiento de *FUL* o la desregulación de la actividad del miR172 únicamente en el SAM gracias al empleo de promotores específicos de este tejido. Mediante estas estrategias hemos conseguido incrementar la producción de frutos en la inflorescencia principal de Arabidopsis hasta en un 40%.

Por último, en el capítulo 4 hemos analizado la conservación funcional de *FUL* en *Pisum sativum*. Tras la caracterización de los mutantes *fula* y *fulb*, observamos como el mutante *fulb* presenta un severo retraso en el GPA, incrementando la producción de nudos reproductivos, y por tanto de vainas, con la ventaja respecto a Arabidopsis de que en *Pisum sativum* las vainas no muestran defectos en su desarrollo, por lo que podría emplearse como recurso genético para incrementar la producción del cultivo de guisante.