

Resumen

Las leguminosas son un grupo de plantas consideradas de gran importancia por su valor nutricional para la alimentación humana y ganadera. Además, las familias de leguminosas se caracterizan por rasgos distintivos de desarrollo como su inflorescencia compuesta y su compleja ontogenia floral. Para comprender mejor estas características distintivas, es importante estudiar los genes reguladores clave involucrados en el desarrollo de la inflorescencia y la flor. El gen *SUPERMAN* (*SUP*) es un factor transcripcional de dedos de zinc (Cys₂-Hys₂) considerado como un represor activo que controla el número de estambres y carpelos en *A. thaliana*. Además, *SUP* está involucrado en la terminación del meristemo floral y el desarrollo de los tejidos derivados del carpelo. El objetivo principal de este trabajo fue la caracterización funcional del ortólogo de *SUP* en la leguminosa modelo *Medicago truncatula* (*MtSUP*). Logramos este objetivo en base a un enfoque de genética reversa, análisis de expresión génica y ensayos de complementación y sobreexpresión. Nuestros resultados muestran que *MtSUP* es el gen ortólogo de *SUP* en *M. truncatula*. *MtSUP* comparte algunos de los roles ya descritos para *SUP* con algunas variaciones. Curiosamente, *MtSUP* controla la determinación del meristemo inflorescente secundario (I2) y de los primordios comunes (CP) a pétalos y estambres. Por tanto, *MtSUP* controla el número de flores y de pétalos-estambres que producen el meristemo I2 y los primordios comunes, respectivamente. *MtSUP* muestra funciones novedosas para un gen de tipo *SUP*, desempeñando papeles clave en los meristemos que confieren complejidad de desarrollo a esta familia de angiospermas. Este trabajo permitió identificar a *MtSUP*, un gen clave que forma parte de la red reguladora genética que subyace al desarrollo de la inflorescencia compuesta y de las flores en la leguminosa modelo *M. truncatula*.