

RESUMEN

En las leguminosas, la arquitectura de la inflorescencia es un racimo compuesto, en el cual el tallo principal (I1) origina inflorescencias secundarias (I2) que producen las flores, las cuales posteriormente forman vainas y semillas. El número de flores por I2 constituye un carácter potencialmente de gran relevancia agronómica, pues determina la capacidad reproductiva de la planta y, en consecuencia, su rendimiento. Sin embargo, a pesar su importancia, aún se conoce poco sobre los genes implicados en su control. El gen *SFL/CaRAX1/2a*, de garbanzo (*Cicer arietinum*), ha sido el primer gen aislado con un papel en la determinación del número de flores por I2, y se ha identificado como homólogo de los genes *RAX1* y *RAX2* de *Arabidopsis*, que codifican factores de transcripción de la familia R2R3 MYB. En *Arabidopsis*, *RAX1* actúa como activador del meristemo axilar, redundantemente con *RAX2* y *RAX3*, y también está implicado en la formación de meristemos florales. En este trabajo, mostramos que el gen *PsRAX1/2a*, de guisante (*Pisum sativum*), conserva la función de *SFL/CaRAX1/2a* en garbanzo, actuando como represor del meristemo I2. Esto pone de manifiesto una conservación funcional entre leguminosas relacionadas, y al mismo tiempo una diversificación evolutiva respecto de especies más distantes, como *Arabidopsis*, cuya inflorescencia es de tipo simple, sin ramificación secundaria.

Del mismo modo, el gen *PsRAX1/2b*, homólogo de *PsRAX1/2a*, también limita la actividad del meristemo I2. Las plantas mutantes *psrax1/2b-1* también muestran un aumento en el número de flores por I2, aunque siempre acompañado de una flor terminal anómala. La mutación en *PsRAX1/2b* causa un fenotipo pleiotrópico que afecta a la regulación de la inflorescencia y la ramificación. Nuestros datos sugieren un papel de *PsRAX1/2b* en la formación de límites entre el meristemo I2 y los meristemos adyacentes I1 y floral. En su ausencia, dichos límites se perderían, de modo que el I2 ve comprometida su identidad, derivando en la formación de flores terminales anómalas y estructuras vegetativas, tales como hojas o brácteas. Aunque los tres homólogos de guisante, *PsRAX1/2a*, *PsRAX1/2b* y *PsRAX1/2c*, se expresan en yemas axilares, solo se dispone de mutante para *PSRAX1/b*, en el que se observó ausencia total de ramificación, indicando que *PSRAX1/b* cumple también una función activadora de los

meristemos axilares en la que podrían estar también involucrados, de manera redundante, sus homólogos *PsRAX1/2b* y *PsRAX1/2c*, tal como ocurre en los genes *RAX* de *Arabidopsis*.

El análisis de genotipos multipod reveló que el número de flores/I2 en guisante está regulado por al menos tres genes distintos: *PsRAX1/2a* en el cromosoma 7, *Fn* en el cromosoma 6 y *Fna*, junto con *Neptune*, en el cromosoma 4. También reveló que el fenotipo multipod muestra una marcada sensibilidad a factores ambientales. Por lo tanto, el número de flores por I2 es un carácter poligénico y altamente condicionado por la interacción entre genotipo y ambiente. Temperaturas bajas (18°C) y fotoperiodo de día corto (SD) prolongan la actividad del meristemo I2 y favorecen la formación de más flores, tanto en líneas multipod como en genotipos de 1–2 flores, aunque con respuestas diferenciales según el genotipo, lo que sugiere la existencia de rutas genéticas distintas e indica la importancia de la plasticidad ambiental en la regulación del desarrollo de la inflorescencia. El marcado efecto de las condiciones ambientales también se observó en el silenciamiento de *PsRAX1/2a*-VIGS, donde bajo fotoperiodo SD y temperaturas de 21°C, el carácter de varias flores mostró mayor expresividad y penetrancia.

Finalmente, el análisis comparativo en soja resuelve la controversia sobre la arquitectura de su inflorescencia, demostrando que consiste en un racimo compuesto y que la red genética que define la identidad de los meristemos (I1, I2 y floral) se halla aparentemente conservada respecto a guisante y *Medicago*. En particular, *Dt2/GmFULc2* desempeña un papel equivalente al del gen *VEG1/PsFULc* de guisante, especificando la identidad del meristemo I2.

En conjunto, estos resultados muestran que la regulación de la actividad del meristemo I2 en leguminosas se sustenta en un sistema poligénico, con adaptaciones específicas que generan divergencia funcional y plasticidad en respuesta al ambiente. Esta visión integradora aporta un marco conceptual para comprender la regulación de la actividad del meristemo I2 y el número de flores que produce y sienta las bases para estrategias de mejora genética orientadas a optimizar el rendimiento en cultivos de leguminosas.