


Segovia 14, 15 y 16 de junio 2012  
PARADOR DE TURISMO

# XIRBMAP



Reunión de Biología Molecular de Plantas 2012  
SEGOVIA

PROGRAMA CIENTÍFICO Y LIBRO DE RESÚMENES



P - 06 - 18

## EL GEN BDGAMYB CODIFICA UN FACTOR TRANSCRIPCIONAL EN BRACHYPODIUM DISTACHYON QUE SE INDUCE DURANTE LA GERMINACIÓN DE SEMILLAS.

Virginia González-de la Calle, Raquel Iglesias-Fernández, Cristina Barrero-Sicilia y Pilar Carbonero.

CBGP (Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas) ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid. Campus de Montegancedo, Pozuelo de Alarcón, 28223 Madrid.

El factor transcripcional (TF) de cebada, GAMYB (familia R2R3MYB), es un activador de la expresión de genes que codifican proteínas de reserva durante la maduración, así como hidrolasas que degradan almidón y proteínas durante la germinación de las semillas<sup>1, 2</sup>. GAMYB reconoce el elemento 5'-TAACAAA-3' (GARE, GA Responsive Element) presente en los promotores de los genes que codifican hidrolasas en aleurona. Los promotores de estos genes, contienen además un dominio 5'-T/AAAAG-3' que es reconocido por TFs de la familia DOF<sup>3, 4</sup>.

En la especie modelo de las Triticeae, recientemente secuenciada, *Brachypodium distachyon*, hemos identificado dos genes *BdGamyb* y *BdDof24* que codifican dos proteínas ortólogas de las de cebada GAMYB y DOF24 (BPBF), respectivamente. También hemos anotado el gen *BdCathB* ortólogo del gen *Al21* de cebada que codifica una proteasa (CathB-like). Se ha estudiado la actividad proteolítica y el patrón de expresión del gen *BdCathB* durante la germinación de la semilla, así como la expresión de los genes *BdDof24* y *BdGamyb* por RT-qPCR. La cinética de expresión de estos genes es compatible con un papel regulador de BdGAMYB y BdDOF24 sobre el gen *BdCathB*. Se ha comprobado que BdGAMYB y BdDOF24 interactúan entre sí, tanto en el sistema de dos híbridos de levadura como en ensayos de complementación bimolecular fluorescente.

Líneas knock-out por inserción de T-DNA en la secuencia del gen *BdGamyb*, llevadas a homocigosis, muestran notables retrasos en su desarrollo vegetativo, en el tiempo de floración y sus semillas son estériles. Se está generando la línea de sobreexpresión 35S::BdGamyb para paliar este inconveniente y poder estudiar mejor la función de este gen.

1 Gubler et al., (1995) Plant Cell 7, 1879-1891; 2 Díaz et al., (2002) Plant J. 29, 453-464; 3 Mena et al., (2002) Plant Physiol. 130, 111-119; 4 Moreno et al., (2007) Mol Genet Genomics 277:379-390.

P - 06 - 19

## CARACTERIZACIÓN DE ZFT1, UN NUEVO REGULADOR DE LA FLORACIÓN IMPLICADO EN EL CONTROL TRANSCRIPCIONAL DE TFL1.

José Alfredo Zambrano, Antonio Serrano-Mislata, Pedro Fernández-Nohales, Carla Méndez y Francisco Madueño.

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, CSIC-UPV. Ingeniero Fausto Elio s/n. 46022 Valencia.

El meristemo apical del tallo genera todos los órganos de la parte aérea de la planta. Tras la germinación, este meristemo es vegetativo y produce hojas y ramas. Con la transición floral, el meristemo apical cambia su identidad a inflorescente, generando las flores. La capacidad de florecer en el momento adecuado es clave para el éxito reproductivo de las plantas y, por tanto, la transición floral es un proceso muy regulado. En *Arabidopsis*, uno de los reguladores clave es el gen *TERMINAL FLOWER 1 (TFL1)*. Los mutantes *tfl1* adelantan la floración y muestran una reducción notable en la longitud de las diferentes fases del desarrollo de la inflorescencia. *TFL1* se expresa en el centro del meristemo apical del tallo y en el floema del tallo de la inflorescencia, un patrón de expresión que es esencial para su función.

En nuestro grupo hemos analizado la regulación transcripcional de *TFL1*, identificando varias regiones reguladoras clave en su promotor, así como factores de transcripción que se unen a estas regiones. Uno de ellos, al que hemos denominado *ZFT1*, es un factor de función desconocida con un dominio "Zn-finger". *ZFT1*, junto con su homólogo *ZFT2*, constituye una familia de factores de transcripción presente en todas las plantas vasculares. *ZFT1* se expresa en la vasculatura de los todos órganos de la planta, solapando con *TFL1* en el floema y en el meristemo apical del tallo. *ZFT1* actúa de forma redundante con *ZFT2* y, mientras que los mutantes simples no muestran un fenotipo aparente, el doble mutante *zft1; zft2* retrasa la floración, tanto en día largo como en día corto. En correspondencia, la sobreexpresión de *ZFT1* adelanta la floración en ambas condiciones. Mediante ChIP hemos comprobado que *ZFT1* se une in vivo al promotor de *TFL1* y nuestro análisis indica que actúa reprimiendo su expresión en la inflorescencia.

En resumen, hemos identificado un nuevo regulador de la floración en *Arabidopsis* que actúa como un regulador directo de *TFL1*.