

## RESUMEN ACTUALIZADO EN CASTELLANO

La arquitectura de la inflorescencia determina la posición y el número de flores (y frutos) en la planta. Esto afecta a la forma de la planta, lo que contribuye a la diversidad morfológica e influye en la producción de semillas. Por lo tanto, comprender cómo funciona la genética que está detrás del desarrollo de la inflorescencia es relevante no solo para saber más sobre la biología del desarrollo de las plantas, sino también para la agricultura, con el fin de diseñar nuevas estrategias para la mejora de plantas.

La mayoría de las leguminosas tienen inflorescencias compuestas, en las que las flores no se forman en el tallo principal sino a partir de inflorescencias secundarias (I2) en los flancos de la inflorescencia primaria o principal (I1). Esto contrasta con las plantas con inflorescencias simples, como *Arabidopsis*, donde las flores se forman directamente a partir del I1. El guisante (*Pisum sativum*) pertenece a la familia de las Fabaceae y al clado galegoide de las leguminosas, y tiene una inflorescencia compuesta.

Es bien sabido que *VEGETATIVE1/ FULc (VEG1)* codifica un factor de transcripción que especifica la identidad del meristemo I2 en leguminosas, pero aún se desconoce cómo y a través de qué genes *VEG1* controla el desarrollo del I2 y las vías genéticas en las que está involucrado. En este trabajo, nuestro objetivo fue identificar las dianas regulatorias de *VEG1*. Para ello, comparamos los transcriptomas provenientes de ápices de inflorescencia del control silvestre (wild-type) con los de mutantes de guisante con defectos en el desarrollo de la inflorescencia: *proliferating inflorescence meristems (pim* - con múltiples meristemos I2), *veg1* y *vegetative2 (veg2* - ninguno de los cuales produce ni meristemos I2 ni flores). Usando este enfoque, hemos aislado algunos genes que se expresan en el I2 e identificado algunas posibles dianas de *VEG1*, entre ellas algunos genes que parecen prometedores para ser usados a modo de herramientas genéticas para la mejora del rendimiento en la producción en leguminosas.

*FLOWERING LOCUS T (FT)* es un regulador clave en la red genética del fotoperíodo que controla el tiempo de floración en *Arabidopsis*. En leguminosas, el clado *FT* se ha diversificado en tres subclados: *FTa*, *FTb* y *FTc*. En guisante, el gen *FTc* se encuentra distante filogenéticamente de los otros genes *FT* y tiene un patrón de expresión inusual, ya que solo se expresa en el ápice de la inflorescencia. En este trabajo hemos caracterizado mutantes *ftc* de guisante y los hemos utilizado para analizar las interacciones genéticas de *FTc* con *DETERMINATE* y *LATE FLOWERING*, que son los homólogos en guisante de *TERMINAL FLOWER 1* de *Arabidopsis*. Este análisis ha revelado una función de *FTc* en el control de la floración y, curiosamente, también en el desarrollo del meristemo I2, estando esta segunda función posiblemente mediada por la regulación de *FTc* en la expresión de *VEG1*.