

Madrid, martes 24 de abril de 2012

## La floración del guisante, al desnudo

- Una investigación del CSIC en ‘Nature Communications’ desvela el mecanismo genético que produce las flores en esta especie
- El gen ‘VEGETATIVE1’ es el responsable de la formación de las estructuras florales
- El hallazgo podría tener aplicaciones en el sector agronómico para mejorar el rendimiento de los cultivos

Una investigación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha descubierto el mecanismo que regula la floración en guisantes (*Pisum sativum*). Según el trabajo, publicado hoy en la revista *Nature Communications*, el gen *VEGETATIVE1* (*VEG1*) es el responsable de este proceso.

El hallazgo se realizó gracias al estudio de una versión mutada de *VEG1*, que provoca el desarrollo de ramas vegetativas en lugar de flores. Este resultado pone de manifiesto su papel regulador en el proceso.

Otras plantas con mecanismos de floración simples y ampliamente conocidos como *Arabidopsis thaliana*, forman flores directamente en el tallo principal. Por el contrario, el guisante desarrolla dichas estructuras en tallos secundarios. El investigador del CSIC en el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (centro mixto del CSIC y de la Universidad Politécnica de Valencia) Francisco Madueño, que ha dirigido el estudio, afirma: “En este trabajo definimos un nuevo mecanismo, distinto a los ya descritos hasta la fecha, para generar inflorescencias complejas”.

Comprender las bases de la diversidad de formas de las plantas es uno de los principales retos de la biología del desarrollo. “Una característica clave que contribuye a tal diversidad es la variación en la arquitectura de las inflorescencias, las estructuras que soportan las flores” afirma uno de los miembros del equipo de investigación José Pío Beltrán.

El artículo establece que el control sobre el mecanismo de inflorescencia condiciona la producción de flores y frutos y, por tanto, el rendimiento de los cultivos. Por ello, Beltrán opina que “el hallazgo podría dar lugar a una herramienta para aumentar la producción de las cosechas”.

“Además, la identificación del gen *VEG1* proporciona una idea de cómo la expansión y las divergencias funcionales de las familias de genes reguladores contribuyen a la evolución de la morfología compleja de las plantas”, concluye la también investigadora del equipo Cristina Ferrándiz.

La investigación ha contado con la participación de investigadores de la Universidad de Tasmania (Australia), el Centro Nacional de Investigación Científica (Francia), el Instituto Danés de Ciencias Agrícolas (Dinamarca), el Centro John Innes (Reino Unido) y de la Universidad de Aberystwyth (Reino Unido).

Ana Berbel, Cristina Ferrándiz, Valérie Hecht, Marion Dalmais, Ole S. Lund, Frances C. Sussmilch, Scott A. Taylor, Abdelhafid Bendahmane, T.H. Noel Ellis, José P. Beltrán, James L. Weller, Francisco Madueño. **VEGETATIVE1 Controls Development of the Compound Inflorescence in Pea.** *Nature Communications*. DOI: 10.1038/ncomms1801