

¿Cómo saben las plantas cuándo es tiempo de florecer?

Israel Colchado Flores*

Julio 27, 2017

No. 8/2017



Ilustración: Joram Patiño, 2017

Uno de los procesos más importantes en el crecimiento de una planta es la floración, pues marca el inicio de la etapa reproductiva. El meristemo apical aéreo vegetativo es la estructura responsable: comenzará a producir flores en lugar de hojas al transformarse sucesivamente en un meristemo de inflorescencia y, finalmente, en un meristemo floral.

Este patrón de transformaciones es el mismo en las casi [400 mil especies](#) de plantas que producen flores, lo que hace sospechar a los científicos que los genes juegan un papel fundamental en estas transiciones.

Se conoce el papel que desempeñan muchos de estos genes pero poco se sabe sobre cómo trabajan en conjunto para permitir la aparición de las características físicas (fenotipos) de cada transición o etapa.

Una pregunta crucial es cómo la planta sabe que ha llegado a su etapa adulta y es tiempo de reproducirse. “La floración es muy importante. Si no hay floración no se perpetúa la especie”, explica la estudiante de doctorado Elva Carolina Chávez, quien junto con investigadores del Centro de Ciencias de la Complejidad C3 y del Instituto de Ecología de la UNAM, busca responder esta pregunta.

Para ello, estudian cómo los genes de las plantas interactúan entre sí dando lugar a procesos más complejos como la diferenciación entre los distintos tipos celulares de la planta. Como modelo utilizan a la *Arabidopsis thaliana*, una hierba pequeña nativa de Europa, famosa por ser la primera planta en contar con un genoma completamente secuenciado además de ser la favorita para los estudios de laboratorio.

UN MODELO INCOMPLETO

En la literatura científica abundan estudios experimentales sobre las transiciones del meristemo apical aéreo vegetativo en *A. thaliana*. Esto se facilita ya que los cambios de cada fenotipo son obser-

vables y es muy fácil obtener mutantes de la planta. De esta forma es posible conocer qué genes se encuentran activos en cada transición y la relación de ciertos genes con otros, esto es, qué genes inhiben o activan a otros genes favoreciendo uno u otro fenotipo.

Chávez y sus colaboradores utilizan esta información para desarrollar modelos teóricos empleando funciones lógicas que permiten proponer qué genes pueden estar interactuando con otros de forma integral en redes complejas. Esta perspectiva desde las ciencias de la complejidad permite a los investigadores analizar el fenómeno completo, no diseccionando la información desde una visión tradicional comentó la científica Chávez.

Las interacciones entre los genes pueden representarse computacionalmente y es posible establecer reglas para que un gen se active debido a la presencia o ausencia de otros.

En [2015](#) las doctoras Elena Álvarez-Buylla y Berenice García-Ponce, junto con un equipo interinstitucional, dieron un primer paso al identificar con mucho mayor detalle la red de genes presentes en cada transición del meristemo apical aéreo. Las simulaciones del modelo computacional permitieron reproducir los fenotipos de inflorescencia y floral.

Sin embargo, para hacerlo manejable se requirió de cierta simplificación lo que redujo la cantidad de información que fue posible incorporar al modelo. En este caso, el modelo, llamado modelo discreto, sólo describe si un gen está activo, sobre-expresado (mayor actividad a la normal) o inactivo en una etapa, pero no permite explicar las interacciones entre genes en el proceso de diferenciación o el papel que juegan las condiciones ambientales en favorecer la producción de flores.

“Los modelos no son la realidad, son una herramienta” dice Chávez, quien busca mejorar el modelo computacional para poder explicar qué genes son los más importantes para que ocurran las transiciones. Con el fin de poder identificar los genes clave para los procesos de diferenciación, los investigadores han convertido el modelo discreto en un modelo continuo.

VER A LOS GENES COMO CONTROLES DE VOLUMEN

La diferencia entre ambos modelos es que en el primero los investigadores solamente pudieron establecer si un gen está actuando o no en la red, mientras que en el segundo lograron activar o desactivar la presencia del gen gradualmente, como si fuera una especie de control de volumen.

Para la maestra Chávez “el modelo continuo es más cercano a la realidad”, al permitir regular la actividad de los genes, lo que a su vez facilita una mejor representación de lo que ocurre en la naturaleza. Para lograrlo siguieron una metodología previamente [publicada](#).

Los resultados preliminares del nuevo modelo se presentaron durante el aniversario del C3 en octubre pasado. “Con este tipo de análisis, fue posible encontrar los genes que permiten los eventos de diferenciación, algo que no se había hecho”, comentó Chávez. Más importante aún, permitió identificar otros fenotipos no reportados experimentalmente hasta ahora. Con esta información, los científicos experimentales pueden ahora dirigir sus investigaciones para comprobar las predicciones del modelo teórico.

Mientras tanto, los investigadores siguen trabajando para mejorar el modelo continuo con el fin de poder incluir otras variables o factores externos, como la luz solar o la temperatura, que pueden influir en los procesos de diferenciación.