

El gineceo es, probablemente, el órgano más complejo de la planta. Su papel es fundamental en la recepción y germinación del polen, asegurando la fertilización de los óvulos, y en el desarrollo del fruto y las semillas. Muchos genes están implicados en la diferenciación de los tejidos del gineceo de *Arabidopsis*, entre ellos, los genes *NGATHA* (*NGA*) y *HECATE* (*HEC*). Los *NGA* codifican factores de transcripción de tipo B3 implicados en el desarrollo del estilo (^{1,2}), mientras que los *HEC* son factores de transcripción de tipo bHLH esenciales para la formación de los tejidos transmisores (³).

Hemos observado que las líneas de sobreexpresión de *HEC1*, *HEC3* y *NGA3*, presentan fenotipos similares en el fruto: ovarios reducidos, regiones apicales aumentadas y ginóforos largos, fenotipos a su vez similares a los de mutantes afectados en la señalización de auxinas.

Mediante análisis genético y molecular hemos determinado que:

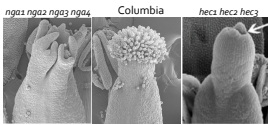
> Las mutaciones *hec* suprimen el fenotipo de sobreexpresión de *NGA3*. Del mismo modo, las mutaciones *nga* son capaces de suprimir el fenotipo de sobreexpresión de *HEC*.

> El patrón de expresión de los genes *HEC* en fondos con la función *NGA* alterada no varía.

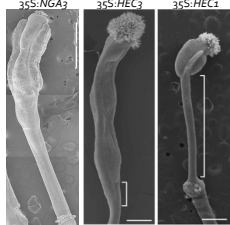
> Ambas proteínas son capaces de interactuar físicamente.

Todo esto sugiere un escenario en el que ambos factores formarían un complejo proteico que regularía dianas comunes. Evidencias adicionales indican que en este complejo podrían estar participando también los factores *INDEHISCENT* (*IND*) y *SPATULA* (*SPT*), ya identificados como reguladores directos de *PINOID* (*PID*) y *WAG2*, quinasas implicadas en el transporte de auxinas (⁴).

Tanto los fenotipos de sobreexpresión de *NGA* y *HEC* como los de pérdida de función son similares, lo cual sugiere una relación funcional entre ambos.



Los mutantes múltiples *NGA* y *HEC* presentan defectos en la formación de las regiones apicales del gineceo (^{1,2,3}).

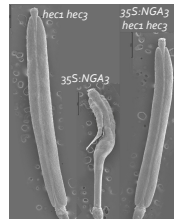


Las líneas de sobreexpresión de *NGA3*, *HEC1* y *HEC3* presentan carpelos con el estilo y el estigma aumentados, replum ancho, ovarios reducidos y ginóforos alargados (^{2,3}).

Distintas hipótesis alternativas pueden explicar la relación funcional entre los genes *NGA* y *HEC*.

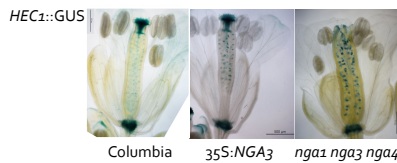


El fenotipo de sobreexpresión de *NGA3* depende de la presencia de *HEC*.



El fenotipo de *35S:NGA3* se suprime totalmente en el fondo mutante *hec1 hec3*.

No observamos cambios en el patrón de expresión de los genes *HEC*, con independencia del nivel de expresión de los genes *NGA*.



El patrón de expresión de *HEC1::GUS*, en fondo *35S:NGA3* y *nga1 nga3 nga4*, no cambia significativamente respecto al silvestre, y se sigue expresando en los óvulos y en la zona apical y basal del gineceo en todos los casos. Resultados similares se obtienen cuando se analiza la expresión de *HEC2::GUS* y *HEC3::GUS*.

El fenotipo de sobreexpresión de *HEC* también depende de la presencia de *NGA*.

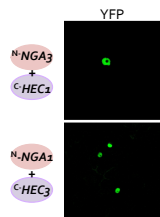


Fenotipos más frecuentes en *35S:HEC1* y *35S:HEC3*.



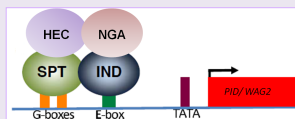
El fenotipo de *35S:HEC* se suprime en el fondo mutante *nga1 nga3 nga4*.

Las proteínas *NGA* y *HEC* son capaces de interactuar en planta.



Mediante experimentos de BiFC como los mostrados en los paneles de la izquierda hemos demostrado todas las interacciones que se muestran en el esquema.

Un posible modelo para la función de *HEC* y *NGA*:

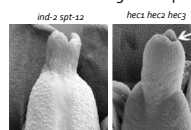


Estos 4 factores formarían un complejo proteico que regularía la expresión de las quinasas *PID* y *WAG2* y así, indirectamente, el transporte de auxinas.

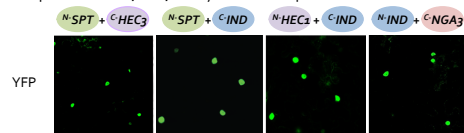
Estamos realizando ensayos de inmunoprecipitación de cromatina, análisis de expresión y análisis genético para corroborar esta hipótesis.

Distintas evidencias sugieren que *IND* y *SPT* podrían ser necesarios para la función conjunta de *HEC* y *NGA*.

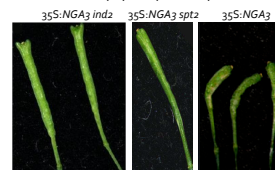
1- El desarrollo de las regiones apicales del gineceo es muy similar en *ind spt* y *hec* (^{3,4}).



2- Las proteínas *IND*, *SPT*, *HEC* y *NGA* son capaces de interactuar físicamente



3- Las mutaciones *ind* y *spt* suprimen parcialmente los fenotipos *35S:NGA3*



4- Se ha demostrado que el dímero *IND/SPT* regula el transporte de auxinas a través de las quinasas *PID* y *WAG2* (⁴).

Bibliografía

- 1- Álvarez et al., (2009). *Plant Cell*, 21, 1373-93.
- 3- Gremski et al., (2007). *Development*, 134, 3593-601.

- 2- Trigueros et al., (2009). *Plant Cell*, 21, 1394-409.
- 4- Girin et al., (2011). *Plant Cell*, 23, 3641-53.