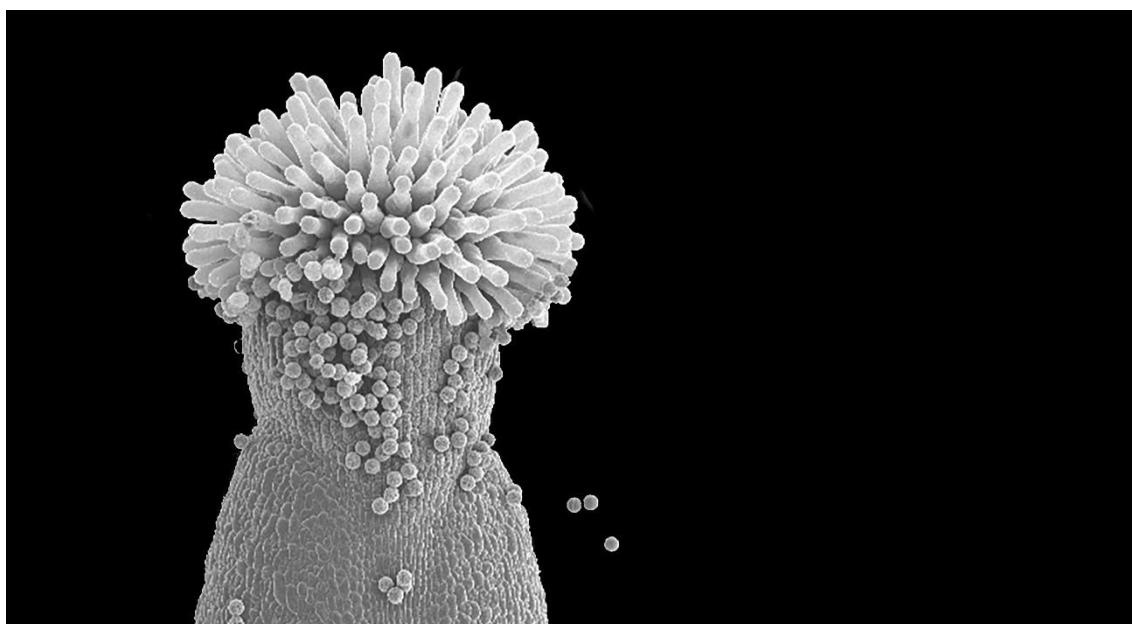


Valencia/Madrid, jueves 7 de octubre de 2021

Investigadoras del CSIC descubren cómo se forman los estigmas de las flores

- Un grupo de investigación de IBMCP publica las instrucciones genéticas que siguen las plantas con flores para formar el estigma, un tejido clave en la polinización
- Conocer el mecanismo que dirige la formación del estigma abre la puerta a controlar su crecimiento, lo que podría contribuir a paliar la falta de polinizadores naturales



Micrografía electrónica del estigma de un pistilo de *Arabidopsis*. / P. Ballester/C. Ferrandiz (IBMCP-CSIC-UPV)

El estigma es la puerta de entrada del polen a las plantas con flores. Este tejido se sitúa en el extremo de los pistilos y actúa atrapando el polen, permitiendo la polinización y fertilización de las semillas y la reproducción. Se conocían los genes implicados en la formación de este órgano, pero no el mecanismo por el que interactúan. Ahora, un grupo de investigación del [Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas](#) (IBMCP-CSIC-UPV), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universitat Politècnica de València (UPV), publica en [The Plant Cell](#) el puzzle que descifra

la relación de estos genes para permitir la formación del estigma en las plantas con flores, innovación que les dotó de una ventaja evolutiva frente a otras.

El estigma es un tejido especializado, característico de las angiospermas (plantas con flores), que se forma en la parte superior del pistilo, el órgano femenino de la flor. Es esencial para atrapar y germinar los granos de polen, y también actúa como una barrera para garantizar que sólo las especies de polen correctas entran en el pistilo para fertilizar los óvulos. El correcto desarrollo del estigma es clave para el éxito reproductivo de las plantas con flores y la producción de frutos y semillas en las plantas de cultivo, por lo que es importante comprender la genética detrás de este proceso.

Utilizando el modelo vegetal *Arabidopsis thaliana*, el grupo de investigación del IBMCP-CSIC-UPV ha realizado extensos análisis genéticos y moleculares para proponer un modelo que explique cómo varios genes interactúan cooperativamente para promover el desarrollo del estigma. Hasta ahora, no estaba claro cómo estos genes, que codifican factores de transcripción con papeles diversos en otros procesos, organizan la *cadena de mando* para formar específicamente el estigma y no otros tejidos, en el momento y el dominio espacial correctos del desarrollo.

“Hemos armado el puzzle de cómo interactúan entre sí los genes que se sabía estaban implicados en la formación del estigma en *Arabidopsis thaliana*”, explica **Cristina Ferrández Maestre**, investigadora del IBMCP-CSIC-UPV y responsable del trabajo. “Todos estos factores de transcripción forman un complejo cuando coinciden en un momento y un dominio espacial determinado, que da instrucciones para formar este tejido. Se conocen algunos otros pocos ejemplos en plantas con flores en los que variaciones combinatorias en la composición de complejos transcripcionales dan lugar al desarrollo de tejidos u órganos específicos”, asegura la investigadora.

“Nuestro objetivo ahora es dilucidar si complejos similares dirigen la formación del estigma en otras especies, y si esta novedad evolutiva podría estar relacionada con otros factores que ganaron la capacidad de combinarse para producir este nuevo tejido, característico y específico de las plantas con flores”, continúa Ferrández. “Además, queremos saber si diferentes combinaciones de estos y otros factores podrían dirigir la formación de otros tejidos del pistilo como el estilo o el ovario”, remarca la investigadora del CSIC.

Potenciales aplicaciones

Para Ferrández, entender este mecanismo de formación del estigma abre la puerta a comprender mejor el proceso de fertilización de las plantas con flores, pudiendo favorecer el mismo. “Se podrían desarrollar estigmas más extensos o funcionales por más tiempo, con mayor capacidad para atrapar polen, y así tratar de paliar la escasez de polinizadores naturales como las abejas que se observa hoy día”, apunta.

Patricia Ballester *et al.* A transcriptional complex of NGATHA and bHLH transcription factors directs stigma development in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*. DOI: [10.1093/plcell/koab236](https://doi.org/10.1093/plcell/koab236)