

Resumen

El género *Rosa* pertenece a la familia de las rosáceas, la cual representa gran interés económico a nivel mundial. Las florícolas desarrollan nuevos cultivares de rosas con atributos florales mejorados cada año, con el fin de satisfacer la alta demanda y el mercado dinámico de la exportación de rosas. El presente proyecto de investigación propone un análisis de la actividad de los reguladores transcripcionales de los genes relacionados a la pigmentación en pétalos del género *Rosa* mediante un modelamiento matemático. A partir de 1 500 datos recolectados en una base de datos, se determinaron los metabolitos representativos: kaempferol y quercetina en flavonoides, pelargonidina y cianidina en antocianinas, β -caroteno y violaxantina en carotenoides. En los análisis estadísticos ($p < 0,05$) sobre las medias de las concentraciones de los metabolitos representativos, se determinó al color blanco como línea base para la generación de nuevos colores, por presentar la menor diferencia significativa. A partir de la línea base y las concentraciones de metabolitos se analizaron las rutas biosintéticas y se seleccionaron las enzimas DFR, FLS, F3'H, LCYB y ZEP, para determinar los inductores encargados de la regulación transcripcional. Del análisis de las regiones promotoras para la regulación transcripcional se obtuvo los factores de transcripción activadores AT1G29160 y AT2G06200 y represores AT1G51600 y AT1G09030. Finalmente, el análisis de la regulación transcripcional se realizó mediante el modelamiento matemático basado en la ecuación de Hill que permite simular las concentraciones de enzima a partir de la concentración de activadores o represores para la obtención de nuevas variedades de colores en rosas.

Palabras claves:

- **GÉNERO ROSA**
- **PIGMENTOS**
- **REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL**
- **MODELAMIENTO MATEMÁTICO**

Abstract

The genus *Rosa* belongs to the Rosaceae family, which has great economic interest worldwide. Floriculture companies develop new rose cultivars with improved floral attributes every year to meet the high demand and dynamic rose export market. The present research project proposes an analysis of the activity of the transcriptional regulators of the genes related to pigmentation in petals of the *Rosa* genus through mathematical modeling. From 1 500 data collected in a database, representative metabolites were determined: kaempferol and quercetin in flavonoids, pelargonidin and cyanidin in anthocyanins, β -carotene and violaxanthin in carotenoids. In the statistical analyses ($p < 0.05$) on the means of the concentrations of the representative metabolites, the white color was determined as the baseline for the generation of new colors, because it presented the smallest significant difference. From the baseline and metabolite concentrations, the biosynthetic pathways were analyzed and the enzymes DFR, FLS, F3'H, LCYB and ZEP were selected to determine the inducers responsible for transcriptional regulation. From the analysis of the promoter regions for transcriptional regulation, the activating transcription factors AT1G29160 and AT2G06200 and repressors AT1G51600 and AT1G09030 were obtained. Finally, the analysis of transcriptional regulation was performed by mathematical modeling based on the Hill equation that allows simulating enzyme concentrations from the concentration of activators or repressors to obtain new color varieties in roses.

Key words:

- **GENUS ROSA**
- **PIGMENTS**
- **TRANSCRIPTIONAL REGULATION**
- **MATHEMATICAL MODELING**