Oferta tema de investigación para la convocatoria de contratos predoctorales para la formación de profesores universitarios FPU 2020

Información General

Área de investigación
AGR
Instituto
CEBAS-CSIC
Grupo de investigación
Patología Vegetal
Tema de investigación del grupo
Resistencia genética a virus de plantas
Provincia
Murcia
Nombre del Contacto
Verónica Truniger
Correo electrónico de contacto
truniger@cebas.csic.es
Página Web de referencia
http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/patologia/patolog%C3%ADa_lineas.html

Detalles Sobre la Oferta

Referencia proyecto
Traducción virus de plantas
Título del proyecto
Estudio del mecanismo de traducción del genoma viral de CABYV y generación de plantas genéticamente resistentes
Área global CSIC (VIDA, SOCIEDAD, MATERIA)
VIDA
Palabras clave
virus, planta, vegetal, resistencia genética, traducción, biología molecular

MINISTERIO DE CIENCIA, INNOVACIÓN Y UNIVERSIDADES

CSIC

Resumen del proyecto (100-3000 palabras)

La mayor parte de los RNAs mensajeros (mRNAs) eucarióticos tienen una estructura cap en el extremo 5´ (5´-cap) y una cola de poli(A) (3´-poli(A)) en el extremo 3´, y ambos elementos actúan sinérgicamente para estimular la traducción del mRNA gracias a múltiples interacciones. Los mRNAs virales han evolucionado desarrollando diferentes mecanismos para reclutar la maquinaria de traducción del huésped, proporcionando a los virus la capacidad de competir con los mRNAs del huésped y evitar mecanismos de defensa que actúan al nivel de la iniciación de la traducción (Truniger y col., 2017, Miras y col., 2017). Sólo aproximadamente un 20% de los virus de RNA de cadena positiva que infectan plantas tienen RNAs genómicos y subgenómicos con 5´-cap y 3´-poli(A) típicos de los mRNAs eucarióticos y, así, lo más frecuente es que sólo tengan una, o no tengan ninguna, de estas estructuras. La caracterización de los mecanismos de traducción de los RNAs virales en la planta huésped tiene evidente interés fundamental, y puede proporcionar información sobre factores del huésped requeridos para la multiplicación de virus, siendo potenciales dianas antivirales.

Este trabajo pretende estudiar al Virus del amarilleo de las cucurbitáceas transmitido por pulgones (CABYV), identificado como el virus prevalente en cucurbitáceas del Sureste de España, siendo la provincia de Murcia líder en la producción a nivel nacional. Como hemos podido demostrar la traducción de su RNA viral en proteínas ocurre en ausencia de 5´-cap y cola poli(A), por tanto de forma diferente a la traducción canónica de mensajeros celulares. El grupo de investigación lleva años estudiando mecanismos de traducción alternativos de virus de plantas. Ha identificado diferentes elementos de RNA capaces de controlar la traducción del genoma viral y su mecanismo en diferentes virus (Truniger V. y col., 2008, 2009, 2017; Nieto C. y col., 2011; Rodriguez-Hernández A. y col., 2012; Miras M. y col., 2014, 2017, 2018). Por tanto, en este proyecto pretendemos profundizar en el estudio del mecanismo molecular de traducción cap-independiente utilizado por CABYV identificando los factores del huésped involucrados y requeridos para completar su ciclo infectivo (factores de susceptibilidad). Se utilizarán técnicas de biología molecular. Esta información fundamental servirá para diseñar en cucurbitáceas nuevos alelos de resistencia por pérdida de susceptibilidad utilizando los genes que codifican a estos factores como dianas. Aprovechando la técnica de CRISPR/Cas, se obtendrán plantas no transgénicas mutadas en estos factores que posiblemente sean resistentes. Cabe destacar que el conocimiento sobre la traducción de otro virus, Melon necrotic spot virus (MNSV) generado por nosotros sirvió para construir plantas de melón transgénicas silenciadas en eIF4E, que resultaron ser resistentes a este y adicionalmente a otros 3 virus de importancia agronómica. La obtención de plantas genéticamente resistentes a CABYV es esencial para los cultivos de cucurbitáceas, gravemente afectados por este virus. Actualmente no ha sido descrita ninguna resistencia efectiva a este virus y su control solo se puede llevar a cabo indirectamente a través del control de su vector de