

Ficha de Projeto



Designação do projeto: ABA-RNA – Regulação pós-transcricional da resposta ao stress dependente de ABA durante o desenvolvimento vegetal precoce

Referência do projeto: LISBOA-01-0145-FEDER-031018

Código do projeto: 02/SAICT/2017

Objetivo principal: OT 1 – Reforçar a investigação, o desenvolvimento tecnológico e a inovação

Localização do projeto (NUTS II): Lisboa (100%)

Entidades Beneficiárias: Fundação Calouste Gulbenkian - Instituto Gulbenkian de Ciência

Data de aprovação: 13-03-2018

Data de início: 14-06-2018

Data de conclusão: 30-05-2022

Custo total elegível: 239.985,87 EUR

Apoio financeiro da União Europeia (FEEI): 95.994,35 EUR

Apoio financeiro publico nacional (orçamento de estado): 143.991,52 EUR

Descrição do projeto:

Os estádios iniciais do desenvolvimento vegetal, a germinação da semente e o alongamento do hipocótilo, são altamente suscetíveis ao stress ambiental e cruciais no estabelecimento de uma planta viável. O ácido abscísico (ABA), uma hormona vegetal que desempenha um papel fundamental na germinação da semente e no desenvolvimento vegetal precoce, medeia as respostas das plantas à seca, à salinidade e ao stress térmico, causas importantes da perda de culturas agrícolas a nível mundial. Uma compreensão aprofundada das respostas ao stress mediadas pelo ABA é, portanto, reconhecida como fundamental. Embora a importância da regulação transcricional e pós-tradução da sinalização do ABA esteja amplamente estudada, pouco se sabe sobre o envolvimento de processos pós-transcricionais. No entanto, estudos nossos e de outros sugerem um papel predominante para o "splicing" alternativo, um potente gerador de complexidade transcritómica, nas respostas mediadas pelo ABA. As proteínas ricas

em serina e arginina (SR) são fatores de ligação ao ARN altamente conservados e reguladores chave do "splicing" alternativo, que em metazoários afetam também outros aspectos do metabolismo do ARN. O nosso laboratório descobriu recentemente que várias proteínas SR de *Arabidopsis* controlam a sensibilidade ao ABA durante a germinação da semente e o alongamento do hipocótilo, revelando assim um nível inexplorado de regulação pós-transcricional da via do ABA. Este projeto propõe-se elucidar as funções moleculares de duas destas proteínas SR e revelar os mecanismos subjacentes ao controlo pós-transcricional da sinalização de ABA durante o crescimento vegetal precoce. Utilizaremos análises transcritômicas à escala global e "iCLIP" para identificar os alvos endógenos e as sequências de ARN a que se ligam as proteínas SR em resposta ao ABA. Usaremos ainda uma abordagem proteômica para investigar mecanismos de ativação das proteínas SR pelo ABA. Focar-nos-emos na fosforilação, uma vez que as proteínas SR são fosfoproteínas e a fosforilação é central para a sinalização do ABA. Dado que uma das proteínas SR não atua na fase de alongamento do hipocótilo, a comparação dos dados obtidos poderá também revelar determinantes da especificidade histológica/de desenvolvimento das respostas mediadas por ABA. Finalmente, serão empregues análises genéticas para validar funcionalmente os determinantes pós-transcricionais das respostas mediadas pelo ABA durante o crescimento vegetal precoce. Os resultados deste estudo irão esclarecer os mecanismos subjacentes ao controlo pós-transcricional da sinalização do ABA durante as fases iniciais do desenvolvimento, e poderão revelar um código de "splicing" e/ou fosforilação para a resposta ao stress mediado por ABA. Esta proposta tem o potencial de abrir não só uma nova perspectiva na biologia de stress e de ARN de plantas, mas também novas ferramentas biotecnológicas para melhorar a tolerância das plantas a condições ambientais adversas.



O prazo de execução de projeto ABA-RNA foi prolongado até 30 de maio de 2022.