

OFERTA DE PROYECTO DE TESIS DOCTORAL AYUDAS PARA LA FORMACIÓN DE PROFESORADO UNIVERSITARIO (FPU) 2018

APELLIDOS Y NOMBRE DEL DIRECTOR
Truniger Veronica, Aranda Miguel
TÍTULO DE LA TESIS
Traducción alternativa de genomas de virus de plantas
AREA CIENTÍFICA
Patología vegetal
CENTRO/INSTITUTO
CEBAS-CSIC
COMUNIDAD AUTÓNOMA/PROVINCIA
Murcia
CORREO ELECTRÓNICO DEL DIRECTOR
truniger@cebas.csic.es;
WEBSITE GRUPO DE INVESTIGACIÓN O CENTRO/INSTITUTO
http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/patologia/patolog%C3%ADa_lineas.html

MEMORIA DEL PROYECTO DE TESIS DOCTORAL (Entorno a 500 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 interacciones múltiples. Los mRNAs virales han evolucionado desarrollando diversos 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 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 de forma diferente a la traducción canónica de mensajeros celulares, es decir en ausencia de 5'-cap y cola poli(A). El grupo de investigación lleva años estudiando el mecanismo de traducción alternativo de los 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; Rodríguez-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 este virus identificando los factores del huésped involucrados y requeridos para completar su ciclo infectivo (factores de susceptibilidad). 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 transmisión, los pulgones, aplicando insecticidas.



Vicepresidencia Adjunta de Áreas Científico-Técnicas
DEPARTAMENTO DE POSGRADO Y ESPECIALIZACIÓN

Serrano 113
E-28006 MADRID; SPAIN