

Plan de Gestión de Datos

INFORMACION SOBRE EL PROYECTO

1. – Título del Proyecto

- Título del Proyecto (en castellano)

Mecanismos moleculares involucrados en la adaptación de *Arabidopsis thaliana* al estrés abiótico

- Título del Proyecto (en inglés)

Molecular mechanisms involved in the adaptation of *Arabidopsis thaliana* to abiotic stress

-Descripción del Proyecto (en castellano) Resumen

El estrés abiótico es una de las principales causas de pérdidas económicas en la agricultura ya que sus efectos conducen a una baja productividad de los cultivos. Por este motivo, dilucidar los mecanismos de percepción, señalización y respuestas al estrés en plantas resulta esencial para diseñar estrategias eficientes para el mejoramiento y la obtención de cultivos capaces de crecer bajo condiciones ambientales desfavorables. Dado que la mayoría de estas respuestas implican una regulación de la expresión génica, los factores de transcripción juegan un papel importante en la respuesta al estrés. Las proteínas de la familia TCP son factores de transcripción exclusivos de plantas que ejercen efectos sobre múltiples aspectos del desarrollo vegetal. Estas proteínas forman parte de complejas redes moleculares que les permiten actuar como reguladores cruciales del crecimiento y traducir diversas señales endógenas y ambientales en respuestas de crecimiento que permiten a las plantas desarrollarse óptimamente. Su accionar ocurre a través de la modulación de diferentes vías hormonales y la interacción con otras proteínas. Además, su actividad está modulada por miRNA y degradación proteica, entre otros factores. Las proteínas TCP se dividen en dos clases. Hemos encontrado que las proteínas de la clase I de *Arabidopsis thaliana* modulan la respuesta de las plantas a temperatura y alta intensidad de luz. Además, hemos demostrado que la capacidad de interaccionar con el ADN y la actividad de estas proteínas está modulada por el estado redox celular y tenemos evidencias que indican que participarían en la respuesta a estreses abióticos que generan cambios redox. En base a esto, en este proyecto se profundizará el estudio del papel de las proteínas TCP de *A. thaliana* frente al crecimiento en condiciones de estrés por salinidad y alta intensidad de luz y se analizará su relación con la hormona ácido abscísico, involucrada en la respuesta adaptativa a estrés abiótico, a fin de comprender los mecanismos moleculares a través de los cuales las proteínas TCP regulan el desarrollo vegetal frente a condiciones ambientales adversas. La idea es dilucidar las redes de interacciones proteína-ADN y proteína-proteína mediante las cuales estas proteínas cumplen su función y su relación con diferentes vías hormonales durante estos procesos, conocimientos que podrían ser de utilidad para la obtención de plantas con mayor tolerancia a condiciones ambientales adversas.

-Descripción del Proyecto (en inglés) Resumen

Abiotic stress is one of the main causes of economic losses in agriculture, as its effects lead to low crop productivity. Stresses such as drought, salinity, and heat cause phenotypic and physiological alterations in plants that affect their growth and development, resulting in a reduction in biomass, size, number, and quality of fruits, among other production parameters. Therefore, elucidating the mechanisms of perception,

signaling, and responses to stress in plants is essential for designing efficient strategies for the improvement and development of crops capable of growing under unfavorable environmental conditions. Among the abiotic stresses that affect plants, salinity has a negative impact on a large number of cultivated plants, and its impact has expanded over large areas of the world in the last 35 years due to the expansion of dry areas and increased soil desiccation as a consequence of climate change.

TCP family proteins are plant-exclusive transcription factors that exert effects on multiple aspects of plant development, both at the meristem level and in the development of lateral organs and reproductive structures. These proteins are part of complex molecular networks that allow them to act as crucial regulators of growth, translating various endogenous and environmental signals into growth responses that enable plants to develop optimally. Their action occurs through the modulation of the synthesis and transduction of signals from different hormonal pathways, such as auxins, cytokinins, and gibberellins, and interaction with other proteins. Additionally, their activity is modulated at both the transcriptional and post-transcriptional levels through regulation by miRNA, oxidation, and protein degradation, among others. These proteins are divided into two classes, named I and II. Through various studies, we have found that class I proteins of *Arabidopsis thaliana* modulate the plant's response to temperature and high light intensity. Furthermore, we have demonstrated that the ability to interact with DNA and the activity of these proteins is modulated by the cellular redox state, and we have evidence indicating that they participate in the response to abiotic stresses that generate redox changes. Based on this, this project will deepen the study of the role of TCP proteins in *Arabidopsis thaliana* in growth under conditions of salinity stress and high light intensity, and analyze their relationship with the hormone Absciscic Acid, involved in the adaptive response to abiotic stress, to understand the molecular mechanisms through which TCP proteins regulate plant development under adverse environmental conditions. The idea is to elucidate the protein-DNA and protein-protein interaction networks through which they perform their function and their relationship with different hormonal pathways during these processes, knowledge that in the future could be useful for obtaining plants with greater tolerance to adverse environmental conditions.

-Palabras Clave descriptivas del Proyecto (en castellano)

Factores de transcripción	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Estrés abiótico
---------------------------	-----------------------------	-----------------

- Palabras Clave descriptivas del Proyecto (en inglés)

Transcription factors	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Abiotic stress
-----------------------	-----------------------------	----------------

2 – Datos del Director/ar del Proyecto

- Nombre y Apellido

Ivana Lorena Viola

- Unidad Académica

Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas

- Teléfono oficial de contacto

54 342 4511370

-Teléfono móvil de contacto

54 342 4450812

-E-mail del Director/a del Proyecto

iviola@fbc.b.unl.edu.ar

DATOS RESULTANTES DE LA EJECUCIÓN DEL PROYECTO

-Describa la toma de muestras / datos a realizar

Para la puesta en marcha de este proyecto se cuenta con el material biológico y todo el equipamiento necesario para realizar los experimentos programados. Además, como lo demuestran las publicaciones científicas y/o presentaciones en congresos de nuestro grupo, todas las metodologías y técnicas a emplear son de uso habitual en nuestro laboratorio y los recursos humanos abocados a este proyecto poseen una amplia experiencia en la realización de experimentos de clonado molecular, obtención de plantas transgénicas, cruza genéticas, RT-qPCR, y ChIP-qPCR.

Todas las líneas mutantes y sobreexpresantes generadas por nuestro grupo que se utilizarán en este proyecto han sido caracterizadas a nivel fenotípico y molecular. Las nuevas líneas serán generadas siguiendo una metodología similar: clonado molecular y transformación estable de *Arabidopsis* mediante el método de inmersión floral o bien mediante cruza genéticas. Estas técnicas que son de uso habitual en nuestro laboratorio.

Las condiciones de crecimiento y los tratamientos con NaCl y ABA a utilizar se han seleccionado a partir de los estudios que hemos realizado en el laboratorio y eventualmente podrán modificarse en base a los resultados que arrojen los genotipos estudiados. El análisis de la longitud del hipocotilo, el ángulo de apertura y expansión de cotiledones se realizará de acuerdo a la metodología utilizada previamente en nuestro laboratorio.

Los ensayos de actividad del gen reportero GUS (mediante histoquímica) y del gen reportero GFP (mediante microscopía de fluorescencia) se realizarán siguiendo la metodología descrita en las publicaciones del grupo.

Para la realización de los ensayos ChIP-qPCR se utilizarán anticuerpos comerciales específicos contra GFP utilizando metodología estándar y siguiendo los protocolos empleados en forma habitual en nuestro laboratorio.

- Datos: ¿Existe alguna razón por la cual los datos declarados no deban ser puestos a disposición de la comunidad / ser de acceso público? (marque X)

	NO
X	SI. Elija una de las opciones: ☐ se encuentra en evaluación de protección por medio de patentes ☐ no se inició el proceso de evaluación de patentabilidad, pero podría ser protegible ☐ existe un contrato con un tercero que impide la divulgación ☒ Otro. Justifique: <i>los datos y resultados no deben estar a disposición de la comunidad para que puedan ser publicados en revistas científicas internacionales</i>



– **Período de Confidencialidad:** Es el periodo durante el cual los datos no deberían ser publicados, contado a partir del momento de la toma de los mismos. El periodo máximo para la no publicación es de 5 (CINCO) años posteriores a su obtención. Luego de este periodo, los datos estarán disponibles para la comunidad / serán de acceso público.

Si Ud. considera que este tiempo es insuficiente, y necesita prorrogar el período de confidencialidad, indique sus motivos y la cantidad de años adicionales que considera necesarios. Marque su opción con “X”.

	1 (UN) año
	2 (DOS) años
	3 (TRES) años
	4 (CUATRO) año
X	5 (CINCO) años
	Otro.
	Motivos: