

Designação do projeto | VitiRoots: o papel dos miRNAs na resposta à seca de porta-enxertos de Vitis

Código do projeto | LISBOA-01-0145-FEDER-031907

Objetivo principal |

A presente proposta tem como objetivo contribuir para um uso racional e eficiente dos recursos hídricos, e fornecer informação aos produtores associações de produtores e viveiristas que lhes permita tomar decisões baseadas em conhecimento, nomeadamente na seleção e utilização de porta-enxertos melhor adaptados à seca.

Região de intervenção | 96,87 % Lisboa; 3,13%Centro

Entidade beneficiária | Universidade Nova de Lisboa; Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. (INIAV, I.P.)

Data da aprovação | 06/04/2018

Data de início | 18/10/2018

Data de conclusão | 17/10/2021

Custo total elegível | 232.890.50€; Custo elegível INIAV | 1.250,00€

Apoio financeiro total da União Europeia | FEDER – 93.437,45€ (INIAV-781,25€)

Apoio OE | 139.453,05€ (INIAV – 468,75€)

Objetivos, atividades e resultados esperados

O principal objetivo deste projeto é identificar as condicionantes fisiológicas e moleculares que determinam a resposta de porta-enxertos de videira a condições de falta de água.

Entre os vários objetivos específicos do projeto estão, para além da divulgação de conhecimento, através da publicação de artigos em revistas científicas nacionais e internacionais e da participação em reuniões científicas, o estabelecimento de parcerias que permitam a disseminação dos resultados junto do setor produtivo.

A **tarefa 1** inclui a preparação de material vegetal e a configuração do ensaio experimental.

A caracterização completa da ecofisiologia das plantas sob stress hídrico é crucial para o acesso ao efeito diferencial entre os porta-enxertos estudados. Na **tarefa 2**, as determinações serão realizadas ao longo dos ensaios: troca de gás das folhas e análise da temperatura juntamente com a avaliação do estado hídrico do porta-enxerto e medidas do sistema hidráulico radicular. Os dados fisiológicos serão integrados com os dados moleculares obtidos no âmbito das tarefas seguintes.

Na **Tarefa 3**, o RNA total será extraído das raízes em 3 pontos temporais chave: i) controlo; ii) stress moderado e iii) stress severo. Um total de 54 amostras (3 porta-enxertos x 2 regimes de água x 3 pontos temporais x 3 repetições) serão usadas para produzir as bibliotecas de miRNAs e sequenciadas numa plataforma *Illumina*. Os dados brutos obtidos para cada amostra através do processo de sequenciação de alto rendimento de miRNA serão analisados posteriormente. A identificação de miRNAs conservados e novos beneficiará não só dos dados da miRBase (<http://www.mirbase.org/>) como também do genoma de *Vitis* (<http://genomes.cribi.unipd.it/grape/>).

Na **Tarefa 4**, será feita a previsão de alvos e as atribuições funcionais de potenciais genes alvo.

O padrão de expressão dos miRNAs identificados e dos genes alvo será avaliado em mais detalhes: a PCR quantitativa em tempo real dos miRNAs e alvos selecionados será estendida a outros pontos de tempo dos ensaios de stress (**Tarefa 5**).

Os resultados obtidos serão partilhados com todos os grupos colaboradores e, sempre que necessário, serão disponibilizados para outros grupos que trabalham neste campo. Todos os resultados serão difundidos para a comunidade científica, principalmente através de publicações científicas internacionais, teses de mestrado e comunicações em conferências nacionais e internacionais. A acessibilidade para fins mais aplicados (por exemplo, reprodução) será garantida por contatos próximos e regulares com viveiristas e produtores