

BV27. Caracterización de la región genómica ligada al locus determinante de la apomixis en *Eragrostis curvula*

Carballo, J. (1)*; Zappacosta D. (1); Gallardo, J. (1); Selva, J.P. (1,2); Gallo, C.A. (1,3); Garbus, I. (1,4); Albertini E. (5); Caccamo, M. (6); Echenique V. (2).

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) y Departamento de Agronomía - Universidad Nacional del Sur-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. (2) Dpto. de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (3) Dpto. de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (4) Dpto. de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (5) Department of Agricultural, Food and Environmental Science, University of Perugia, Perugia, Italy. (6) NIAB, Cambridge, Reino Unido. *jcarballo@cerzos-conicet.gob.ar

Eragrostis curvula es una gramínea forrajera, naturalizada en regiones semiáridas de Argentina, que se caracteriza por contar con genotipos sexuales, apomícticos obligados y apomícticos facultativos. La apomixis está condicionada por una región que regula el carácter, presente sólo en individuos apomícticos. Con el objetivo de identificar esta región y los genes que la componen se secuenciaron distintos genomas de *E. curvula*. El primer paso consistió en secuenciar y ensamblar genotipos con distintos modos reproductivos. Así, se secuenció el genoma del cultivar diploide sexual Victoria ($2n=2x=20$, 620 Mb), combinando las tecnologías PacBio, Chicago y Hi-C. También se secuenciaron los tetraploides apomícticos facultativos ($2n=4x=40$, 1200 Mb) Don Walter, utilizando las tecnologías Chormiun 10X y Oxford Nanopore, y Tanganyika INTA a través de la tecnología Illumina. De esta manera se obtuvo un genoma de excelente calidad en Victoria (N50: 43 Mb), de alta calidad en Don Walter (N50: 224.339 pb) y moderada en Tanganyika INTA (N50: 4.715 pb). Por otro lado, a través de la tecnología de genotipado por secuenciación (GBS) se construyó un mapa de ligamiento a partir de una población F1 proveniente de la cruce de un genotipo tetraploide apomíctico facultativo (donante de polen) y un genotipo sexual. En este mapa se identificaron 40 grupos de ligamiento en cada parental representando sus respectivos cromosomas. Dentro del grupo de ligamiento 3 del cultivar Don Walter se identificó una región ligada a la apomixis delimitada por cuatro marcadores. Combinando el genotipado por GBS con la secuenciación de los genomas fue posible identificar los marcadores ligados a la apomixis en cada uno de los genomas. De esta manera se comprobó que en los genomas apomícticos existen regiones que no están presentes en el genoma sexual. Dentro de esas regiones se encontraron genes vinculados a mecanismos epigenéticos, genes reguladores de las vías reproductivas y otros genes no caracterizados funcionalmente que podrían estar relacionados al desarrollo reproductivo. La validación funcional de estos genes indica

que estarían vinculados a mecanismo apomíticos, sin embargo se encuentran aún en estudio. La identificación de esta región y sus genes representa un avance en términos de este peculiar modo reproductivo. Finalmente se espera en el corto plazo mejorar el ensamblado de los genomas apomíticos para aumentar la resolución de la región condicionante del carácter, descubrir genes y regiones no codificantes y proponer un mecanismo de acción.