

BV40. Efectos de las diferencias en metilación del ADN de inflorescencias en el modo reproductivo de *Eragrostis curvula*

Gallardo, J.A. (1,2); Carballo, J. (1,2); Zappacosta, D.C. (1,2); Marconi, G. (3); Di Marsico, M. (3); Gallo, C.A. (1); Caccamo, M. (4); Albertini, E. (3); Echenique, V.C. (1,2)*.

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina. (2) Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (3) Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, 06121 Perugia, Italy. (4) NIAB, 93 Lawrence Weaver Road, Cambridge CB3 0LE, UK. *echeniq@criba.edu.ar

Entre las modificaciones epigenéticas se encuentra la metilación del ADN, que se logra por la incorporación de un grupo metilo a citosinas y/o adeninas, lo cual modifica la expresión de los genes. En las plantas la epigenética puede considerarse un reflejo de la historia evolutiva, ya que pueden colonizar, crecer y reproducirse en ambientes muy diversos gracias a su plasticidad fenotípica. La apomixis es una forma de reproducción asexual a través de semillas, mediante la cual se generan progenies genéticamente idénticas a la planta madre. *Eragrostis curvula* (pasto llorón), es una gramínea forrajera que presenta genotipos sexuales y apomícticos (full y facultativos). Se ha demostrado que estos últimos pueden aumentar el porcentaje de sacos embrionarios sexuales ante situaciones de estrés, como cultivo in vitro, estrés hídrico e hibridación intraespecífica, evidenciando la existencia de cierto control epigenético sobre el proceso. El objetivo de este trabajo fue estudiar la asociación entre la metilación diferencial de genes o regiones genómicas y el modo reproductivo, utilizando genotipos con diferentes modos reproductivos. Para ello, plantas tetraploides y reproductivamente contrastantes (“Don Walter” apomíctico facultativo, “Tanganyika” full apomíctico y “OTA-S” sexual), fueron analizadas mediante la técnica de MCSeEd (*Methylation content sensitive enzyme ddRAD*), que consiste en realizar una doble digestión del ADN con una enzima insensible a la metilación (MseI) en combinación con una enzima sensible (AclI, PstI, EcoT22, DpnII) para inferir los diferentes contextos metilados (CG, CHG y CHH y 6mA, respectivamente). Luego de la digestión se incorporan secuencias cortas (barcode) y se realiza una amplificación. Las secuencias amplificadas fueron secuenciadas utilizando la plataforma Illumina HiSeq 2500. Se construyeron 36 bibliotecas y se obtuvo una media de 4.662.929 lecturas de 150 pb de longitud por biblioteca. Los niveles más altos de metilación del ADN se encontraron en genotipos apomícticos y, a su vez, en regiones regulatorias. Se identificaron diferencias de metilación entre los genotipos en dos de los principales genes involucrados en la desmetilación (ROS1 y ROS4). También se detectaron varios genes regulados por metilación que anteriormente se encontraban

diferencialmente expresados entre genotipos apomícticos y sexuales, lo que nos permite vincular la metilación del ADN con diferencias en el modo reproductivo.