

BV42. El rol de TGS1 en el procesamiento de ARNs durante el desarrollo reproductivo de *Paspalum notatum*

Colono, C.M.*; Podio, M.; Pessino, S.C.

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET, FCA UNR, Rosario, Argentina. *colono@iicar-conicet.gob.ar

Paspalum notatum, una especie forrajera nativa de interés agronómico, es un sistema modelo para el estudio de la apomixis apospórica, que está presente naturalmente en sus individuos tetraploides. Estudios previos demostraron que el gen TRIMETILGUANOSINA SINTASA (TGS1) está regulado negativamente en óvulos de *Paspalum* tetraploide apomíctico con respecto al control tetraploide sexual. Más aún, el silenciamiento de TGS1 en plantas tetraploides sexuales induce la formación de tricomas foliares y de sacos embrionarios supernumerarios similares a los apospóricos. Se sabe que en levaduras y animales TGS1 trimetila las caperuzas de varios tipos de snARNs que forman parte de la maquinaria de clivado y empalme, por lo que influye en el procesamiento de ARNm específicos. Además, interviene en la maduración de varios pri-miARNs, etapa indispensable para su exportación al citoplasma y posterior procesamiento. El objetivo de nuestro trabajo fue determinar si TGS1 influye en el procesamiento de ARNs en óvulos de *Paspalum notatum* e identificar blancos de acción del gen. Teniendo en cuenta que las plantas sexuales de *P. notatum* expresan concentraciones significativamente más altas de TGS1 que las apospóricas, seleccionamos 316 transcriptos diferencialmente representados en espiguillas de plantas apomícticas y sexuales, con valores FDR (False Discovery Rate) < 6,74E-10, y determinamos cuáles de ellos correspondían a posibles variantes de clivado y empalme. Por análisis de qPCR confirmamos que una variante no procesada de uno de los transcriptos seleccionados (CHLOROPHYLL A-B BINDING PROTEIN 1B-21, CAB1) estaba menos representada en espiguillas de plantas apomícticas respecto a las sexuales y de líneas sexuales antisentido *tgsl* respecto a los controles sexuales silvestres. Por otra parte, identificamos siete miARNs con mayor representación en bibliotecas florales de ARN pequeños (sARN) sexuales respecto a apomícticas. Haciendo experimentos de qPCR determinamos que uno de ellos (miARN2275) está menos representado en las líneas en antisentido *tgsl* en el estadio de premeiosis-meiosis, cuando se inicia el fenómeno de aposporía. Nuestros resultados indican que TGS1 influye en el clivado y empalme de al menos un ARNm (CAB1) y en el procesamiento de un miARN (miARN2275) en *Paspalum notatum*. CAB1, un componente del complejo fotosintético de captación de luz LHCII, fue recientemente incluido en el grupo de RBP (*RNA binding proteins*), que juegan un rol crucial en la regulación de la función y el destino de los ARNs. Por otra parte, el blanco predicho de

miR2275 en *Paspalum* es AGO1, una de las moléculas involucradas en el control de la identidad celular en el óvulo, lo que puede relacionarse con el fenotipo reproductivo alterado (similar a la aposporía) que presentan las plantas antisentido tgs1.