BV36

**Secuenciación y ensamblado del genoma de *Eragrostis curvula* a fin de identificar genes relacionados con el modo reproductivo y calidad del forraje.**

Carballo, J.1, Garbus, I.1,2, Albertini, E., Selva, J.P.1,5, Santos, B.A.C.M.3, Caccamo, M.3, Echenique, V.1,3.

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

*Eragrostis curvula* (pasto llorón) es una gramínea C4 originaria del sur de África, adaptada a suelos arenosos y muy tolerante al estrés por sequía. Posee diferentes niveles de ploidía, desde 2x hasta 8x con x=10. Los individuos diploides son sexuales mientras que los tetraploides pueden ser sexuales o apomícticos con diferentes porcentajes de sacos sexuales.

Los genes que revisten mayor interés en *E. curvula* son los relacionados con calidad de forraje, resistencia a estrés abiótico y principalmente los genes presentes en la región condicionante de la apomixis. Contar con una secuencia genómica de buena calidad que permita dilucidar la arquitectura de esta gramínea constituye un paso fundamental para obtener un catálogo completo y ordenado de genes de esta especie.

Para llevar a cabo este propósito, ha sido seleccionado el cultivar diploide Victoria (2n=2x=20, ~1200 Mb), obtenido a partir de la reducción del número de cromosomas por cultivo in vitro de inflorescencias del cv. apomíctico Tanganyika (2n=4x=40). La secuenciación de ADN de alta calidad fue realizada mediante la tecnología de última generación PacBio sequel system. Este sistema permite la obtención de lecturas largas, las cuales luego de la corrección y ensamblado genera un alto grado de contigüidad y una precisión mayor a 99.99%. El resultado de la secuenciación de 2 librerías, una con protocolo de 10 kb y otra de 20 kb, arrojó 6.223.627 y 3.309.811 lecturas respectivamente, con una cobertura del haplotipo de 90X. El ensamblado se realizó en NIAB Cambridge RU, utilizando distintos softwares, siendo Falcon el que mayor performance tuvo con un N50 de 380026 pb y 3.118 contigs cubriendo más del 95% del tamaño estimado del genoma. Estos resultados fueron analizados con el software BUSCO para determinar la presencia de genes con una única copia ortólogos a especies relacionadas, contando con más de 97% de los genes.

El alto grado de contigüidad del genoma y el contenido de un gran porcentaje de los genes nos permite no solo la identificación de genes relacionados con el modo reproductivo y la calidad de forraje, si no también utilizarlo como punto inicial para la secuenciación de materiales tetraploides más complejos.