BV35

**Caracterización de un transcriptoma de inflorescencias de *Eragrostis curvula* de plantas sometidas a sequía en relación con el modo reproductivo.**

Carballo, J.1, Zappacosta, D.1,2, Rodrigo, J. M.1,2, Selva, J. P.1,3, Garbus, I.1,4, Echenique, V.1,2

1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) Universidad Nacional del Sur-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. 2) Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca - Argentina. 3) Dpto. de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. 4) Dpto. de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina

La apomixis representa un beneficio con enorme potencial para la agricultura ya que su introducción en cultivos mayores como maíz, arroz, sorgo y otros permitiría propagar a los híbridos en forma clonal perpetuando su vigor en forma indefinida. Este tipo de reproducción se encuentra distribuida en especies de menor interés que las mencionadas que son, sin embargo, modelos necesarios para la dilucidar el carácter. El pasto llorón, *Eragrostis curvula*, es una gramínea perenne C4 originaria del sur de África, se adapta a suelos arenosos y es tolerante a la sequía. Se reproduce por apomixis, proceso mediante el cual genera semillas con una carga genética idéntica a la madre ya que en su formación se evitan los mecanismos meiosis y fertilización. En trabajos anteriores se comprobó que el número de sacos embrionarios sexuales incrementa en los individuos apomícticos facultativos.

Con el fin de determinar las bases genéticas y epigenéticas de los cambios en la proporción de procesos apomíticos/sexuales en condiciones de estrés se sometieron a déficit hídrico plantas del apomíctico facultativo cv. Don Walter INTA generadas por división de macollos (clonales). Los tratamientos se realizaron desde un mes previo a la floración hasta un mes post-floración. El análisis citoembriológico en panojas en antesis mostró que en las plantas sometidas a estrés el porcentaje de procesos apomícticos fue del 75%, mientras que en el control fue de 93%. Para observar la ocurrencia de cambios epigenéticos entre plantas control y tratadas, se utilizó la técnica de MSAP, que evalúa cambios en la metilación del ADN. Si bien este análisis demostró que en las distintas muestras sometidas a estrés aparecen secuencias metiladas y demetiladas con respecto al control, esta variable no siguió un patrón definido en las plantas.

Para el análisis expresión, se realizó RNA-seq utilizando la tecnología Illumina Hi-seq. Como resultado de la secuenciación se obtuvieron más de 312 millones de lecturas de muy buena calidad que fueron ensambladas mediante el software Trinity en 190.474 contigs. Utilizando el criterio 5 TPM, se estableció que el trancriptoma del genotipo Don Walter consiste en ~30.000 transcriptos, entre los cuales se observaron algunas isoformas. Un análisis de expresión diferencial *in silico*, permitió identificar ~1.000 y ~3.000 transcriptos sobrexpresados en la muestra sometida a estrés hídrico y la condición control, respectivamente. Este transcriptoma posibilitará identificar y validar entre estos genes diferencialmente expresados a aquellos que están involucrados en los cambios observados en el incremento de sacos sexuales en *E. curvula* bajo condiciones de déficit hídrico.