**Análisis de un transcriptoma relacionado con el modo reproductivo en *E. curvula***

Pasten, M.C.1, Selva, J.P.1,2, Echenique, V.C.1,3, Garbus I.1,4

1 Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), 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. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. 4 Dpto. de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina.

El pasto llorón (*Eragrostis curvula*) es una gramínea perenne comúnmente utilizada como forrajera en Argentina dada su capacidad para resistir la sequía y adaptarse a zonas semiáridas. Presenta un número básico de cromosomas de x=10, e incluye citotipos con diferentes niveles de ploidía. Los escasos diploides existentes presentan reproducción sexual, mientras que los genotipos poliploides se reproducen mediante apomixis diplospórica, es decir que sus semillas son genéticamente idénticas a la madre. Nuestro grupo de trabajo generó un transcriptoma de referencia compuesto por RNAs de flores de plantas sexuales y apomícicas. Dos muestras de cada genotipo fueron colectadas (réplicas biológicas) constituídas por una mezcla de diferentes estadíos de desarrollo de la espiguilla. La secuenciación se realize en el INDEAR (Instituto de Agrobiotecnología de Rosario, Rosario, Argentina). El número total de lecturas del transcriptoma fue de 2.617.197, con un total de 952.693.285 bp y una lectura promedio de 364.01 bp. Los transcriptos fueron ensamblados *de novo* (Newbler software package) en 49.568 isotigs (~80.000.000 bp) y 133.782 singletons (~40.000.000 bp). La anotación se realizó usando el software BLAST2GO, que asigna términos de Gene Ontology, siendo las categorías más representadas procesos biológicos, biosintéticos y metabólicos, reproducción, respuesta a estrés y transporte. Un total de 27.806 trasncriptos se expresaron de igual manera en ambos genotipos, mientras que 3.384 y 6.366 transcriptos se encontraron diferencialmente expresados en los genotipos sexuales y apomicticos, respectivamente. Se están analizando más exhaustivamente estos candidatos.