



INSTITUTO
NACIONAL DE
INVESTIGACIÓN
AGROPECUARIA

URUGUAY



**X ENCUENTRO
LATINOAMERICANO Y DEL
CARIBE DE BIOTECNOLOGÍA
AGROPECUARIA Y
XI SIMPOSIO REDBIO
ARGENTINA.
Libro de Resúmenes.**

Noviembre, 2019

SERIE
TÉCNICA

253

INIA

Título: X ENCUENTRO LATINOAMERICANO Y DEL CARIBE DE BIOTECNOLOGÍA AGROPECUARIA Y XI SIMPOSIO REDBIO ARGENTINA. Libro de Resúmenes.

Serie Técnica N° 253

© 2019, INIA

doi: <http://doi.org.10.35676/INIA/ST.253>

e-ISBN 978-9974-38-437-8

Editado por la Unidad de Comunicación y Transferencia de Tecnología del INIA
Andes 1365, Piso 12. Montevideo - Uruguay
<http://www.inia.uy>

Quedan reservados todos los derechos de la presente edición. Esta publicación no se podrá reproducir total o parcialmente sin expreso consentimiento del INIA.

IDENTIFICACIÓN DE REGIONES Y GENES RELACIONADOS CON LA APOMIXIS POR MEDIO DE LA SECUENCIACIÓN DE TRES GENOMAS DE *ERAGROSTIS CUVULA*

Carballo J.^{1,4}, Santos B.A.C.M.², Zappoacosta D.^{1,4}, Garbus I.¹, Selva J.P.¹, Albertini E.³, Caccamo M.⁵, Echenique V.^{1,4}

Apomixis es un modo de reproducción asexual por medio de semillas que produce individuos genéticamente idénticos a la planta madre. Esta característica ha sido definida como «el santo grial de la agricultura» debido a que su transferencia podría fijar el vigor híbrido por varias generaciones, manteniendo características deseables en los cultivos de mayor importancia económica.

Con el objetivo de identificar los genes y regiones que regulan la apomixis se secuenciaron tres genomas de *E. curuvula* un diploide sexual ($2n=2x=20$, ~600Mb) cv. Victoria y dos alotetraploides apomícticos ($2n=4x=40$ ~1200Mb), cvs Don Walter y Tanganyka-INTA. El genoma diploide fue secuenciado por las tecnologías PacBio, Chicago y Hi-C, mientras que Don Walter y Tanganyka-INTA POR Chromium 10X e Illumina, respectivamente. El cultivar Victoria fue originado por la reducción cromosómica de Tanganyka-INTA, resultando en un modelo único para el estudio de la apomixis diplospórica, donde el saco embrionario no reducido proviene de la célula madre de las megasporas.

Se identificaron 89.644 y 96.821 genes en los genomas de Tanganyka-INTA y Don Walter, respectivamente y 56.469 genes en Victoria. Como es de esperarse, los análisis de homología indican una mayor cercanía evolutiva entre Tanganyka-INTA y Victoria en relación a Don Walter. A fin de posicionar la/s regiones condicionantes de la apomixis, se mapearon *in silico* un grupo de marcadores ligados a este carácter. Un análisis de sintenia entre los tres materiales permitió comprobar que existen genes dentro de una región que se encuentran conservados mientras que algunos son exclusivos de los genomas tetraploides. En este grupo se encontraron transcritos diferencialmente expresados entre plantas sexuales y apomícticas que solo pudieron ser amplificados en individuos apomicticos indicando que estos genes estarían vinculados al modo reproductivo

Este nuevo hallazgo provee un avance significativo para entender la apomixis y los genes y regiones que la gobiernan.

¹. Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) y Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, CCT CONICET Bahía Blanca, Argentina

². NIAB, Cambridge, Reino Unido

³. Department of Agricultural, Food and Environmental Science, University of Perugia, Perugia, Italy

⁴. Depto Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS) Bahía Blanca, Argentina

jcarballo@cerzos-coicet.gob.ar