BV18

**Análisis de secuencias ortólogas al LOC\_Os12g40770 (proteína con repeticiones anquirina) expresadas en el trascriptoma floral de genotipos apomícticos y sexuales de *Paspalum notatum*.**

Azzaro, CA; Siena, LA; Stein, J; Pessino, SC; Ortiz, JPA

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET-UNR/Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

La apomixis es una forma natural de reproducción asexual por semillas presente en varias familias de angiospermas que origina progenies genéticamente idénticas a la planta madre. En este tipo de reproducción las semillas se desarrollan en ausencia de la meiosis de la célula arquesporial y la fertilización de la célula huevo. Se considera que la apomixis deriva de una desregulación de genes claves del proceso sexual. La transferencia del carácter a los cultivos extensivos puede tener un gran impacto en la agricultura debido a que permite la fijación y multiplicación de híbridos por semillas. En *P. notatum* la apomixis es controlada por un factor simple dominante con distorsión de la segregación. El locus responsable del carácter (ACL) presenta una fuerte restricción de la recombinación que está asociado a rearreglos cromosomales y mecanismos de eliminación de gametas. Estudios de mapeo comparativo demostraron que un segmento del cromosoma 12 de arroz es *sinténico* al ACL de *P. notatum*, *P. simplex*, *P. malacophyllum* y *P. procurrens*. La presencia de esta región genómica (5.8 cM) conservada en varias especies, sugiere que podría contener genes claves del proceso. Uno de los candidatos presentes en esta área es LOC\_Os12g40770 (OS12G0599900) que codifica para una proteína de 423 aa con seis repeticiones de anquirina (ANK) y dos tetratricopeptidicas (TPR), en las regiones N y C terminales, respectivamente. Este tipo de anquirina (ANK-TPR) presenta un solo miembro en Arabidopsis (AT3G04710) y 22 en arroz. Proteínas con repeticiones de ANK fueron asociadas a la regulación del ciclo celular, crecimiento y desarrollo. Asimismo, secuencias codificantes para ANK fueron asociadas a la apomixis en *Penissetum ciliare* y *Poa pratensis*. El objetivo de este trabajo fue investigar la expresión de genes ortólogos a OS12G0599900 en el transcriptoma floral de *P. notatum* y determinar los niveles de expresión en la accesión apomíctica Q4117 y el genotipo sexual C4-4x. La secuencia de cDNA de OS12G0599900 fue utilizada como *query* en un análisis de BLASTx sobre una base de datos del transcriptoma floral de *P. notatum* obtenida con el sistema Roche 454. La búsqueda arrojó diez secuencias nucleotídicas (isotigs) similares (%ID: 39.91 - 64.93%; E-values: e-39 -e-131, Score: 161 - 465) de entre 733 a 1969 pb. Los trascriptos fueron alineados utilizando el programa ClustalO. Cinco secuencias resultaron codificantes para proteínas del tipo ANK-TPR. De éstas, dos (isotig35667 y isotig32130) mostraron una representación diferencial en los transcriptomas de Q4117 y C4-4x (p < 0.01 y logFC > 3). Los niveles de expresión *in vivo* de estos dos transcriptos se analizaron mediante experimentos de qRT-PCR sobre una mezcla de cDNAs de cuatro estadios de desarrollo floral (pre-meiosis, meiosis, post-meiosis y antesis). Como genes de referencia fueron utilizados la alfa-tubulina y GPDH. En todos los casos los experimentos fueron realizados por duplicado e incluyendo tres replicas técnicas de cada gen. Las amplificaciones de qRT-PCR mostraron diferencias significativas de expresión entre Q4117 y C4-4X para ambos genes (menor expresión en Q4117). Los resultados obtenidos en este trabajo indican que al menos cinco genes codificantes para proteínas ANK-TPR son expresados durante el desarrollo floral de *P. notatum*. Dos de ellos muestran diferencias de expresión posiblemente asociadas al modo de reproducción. Se prevé realizar nuevos análisis de qRT-PCR sobre cDNA de cada estadio por separado para determinar los niveles de expresión en las diferentes etapas del desarrollo reproductivo.