

Resumen

El arroz es uno de los cultivos más importantes para la humanidad siendo la principal fuente de calorías para una gran parte de la población mundial. Los continuos cambios en las demandas del sector arrocerero y las predicciones de nuevas condiciones climáticas requieren la adaptación del cultivo a través de nuevas variedades. Los avances en investigación en arroz y las herramientas genómicas desarrolladas en los últimos años han permitido la modernización de la mejora de variedades, haciéndola dirigida y rápida. Los programas de mejora suelen realizarse de manera local ya que las plantas de arroz son muy sensibles a las condiciones ambientales, como el fotoperiodo. Por ello se utilizan habitualmente parentales ya adaptados a las regiones de cultivo locales, es decir, variedades que se cultivan en regiones de clima templado. La mayoría de las variedades cultivadas en las zonas templadas son poco o nada sensibles a este. Las regiones de clima templado donde se cultiva arroz albergan suficiente diversidad fenotípica y genotípica por explotar, y su conocimiento y caracterización es conveniente para poder facilitar los programas de mejora que llevan a cabo en estas regiones. En esta tesis se ha generado una colección de 193 variedades de arroz de tipo *japonica templada* representativas de la diversidad de esta región. También se ha desarrollado un panel de SNPs apto para el genotipado de variedades de tipo *japonica* con el cual se ha genotipado dicha colección. El análisis de la estructura poblacional de esta colección indica que las variedades cultivadas en clima templado pueden dividirse en cuatro grupos, basándose en el tipo de grano y el origen geográfico. Un grupo está formado por variedades de grano largo, mientras que las de grano medio se dividen en otros tres subgrupos compuestos por un primer grupo de variedades americanas y australianas, un segundo grupo formado por variedades italianas y finalmente un tercer grupo de variedades de origen asiático y variedades antiguas europeas. El análisis de las relaciones genéticas puso de manifiesto que la estructura genética observada está ligada a la historia de la mejora del arroz. Los resultados del análisis de la estructura poblacional han sido de utilidad a la hora de realizar el estudio de asociación, ya que la fuerte estructura poblacional observada podría causar sesgos en las asociaciones llevando a falsos positivos. Se detectó una asociación de 43 SNPs, asociados a la variación en caracteres relacionados con el rendimiento y la floración.

Puesto que el fotoperiodo destaca como uno de los principales factores relacionado con la adaptación del cultivo a climas templados, como objetivo de la tesis se ha planteado la identificación de nuevos componentes reguladores de la floración. Con esta finalidad se ha generado, identificado y caracterizado fenotípica y genotípicamente una línea mutante de la variedad Gleva, ampliamente cultivada en nuestro territorio, que presenta un fenotipo de floración temprana. Mediante la combinación del uso de las técnicas Mutmap y Allinone, empleando la secuenciación de genoma completo de plantas en una generación F2 derivada del cruce entre el parental silvestre y el mutante, G123, se ha procedido además a la identificación de la mutación

candidata responsable de la variación en el tiempo de floración que resultó ser una delección en el cromosoma uno en la región en la que sitúa el gen PHOTSENSITIVITY 13. De este modo se ha encontrado una variación interesante para la mejora y se ha desarrollado una metodología para la rápida identificación de mutaciones.

Así pues, durante el desarrollo de esta tesis se han empleado técnicas genómicas para el estudio de caracteres de interés agronómico y su aplicación en la mejora de las variedades cultivadas en nuestra región.