

Resumen

El arroz es uno de los cultivos más importantes del mundo, ya que constituye la principal fuente de calorías para una gran parte de la población mundial. Los continuos cambios en la demanda del sector arrocero y la aparición de nuevas condiciones climáticas exigen el desarrollo de nuevas variedades mejoradas adaptadas a los entornos locales. Además, el cultivo del arroz debe hacer frente al doble y apremiante reto de reducir los insumos agroquímicos, en particular los herbicidas y los fertilizantes nitrogenados, que son factores clave de la degradación medioambiental en ecosistemas sensibles, sin dejar de garantizar una alta productividad. El mejoramiento genético del arroz se lleva a cabo a nivel local debido a la alta sensibilidad de las plantas de arroz a factores ambientales como el fotoperíodo y el clima. En España se cultiva arroz *japonica* templado, adaptado al clima mediterráneo.

Los recientes avances en las herramientas genómicas han modernizado el cultivo del arroz, haciéndolo más rápido y específico. Este progreso se ha visto respaldado por la creciente disponibilidad de poblaciones genéticas y nuevas variedades.

Esta tesis doctoral aborda estos retos mediante la integración de la secuenciación del genoma completo, la secuenciación del ARN (RNA-seq) y el fenotipado de campo utilizando dos recursos genéticos complementarios: una colección de 171 accesiones *japonica* templada y una población MAGIC (Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross) de 192 líneas. El trabajo se centra en descifrar las bases genéticas y moleculares de (i) la capacidad alelopática del arroz para supresión de malas hierbas, (ii) los caracteres agronómicos relacionados con la arquitectura y la fenología de las plantas, y (iii) la eficiencia en el uso del nitrógeno (NUE).

La alelopatía, la capacidad de algunas plantas para suprimir el crecimiento de las malas hierbas a través de compuestos liberados por las raíces, se evaluó mediante un estudio de asociación del genoma completo (GWAS) en la colección de variedades, utilizando 75,998 SNPs de alta calidad. Se observó una variación natural significativa en el potencial alelopático contra *Echinochloa crus-galli* y se identificaron cuatro QTLs asociados. Entre los genes candidatos dentro de estos loci se encontraban *OsPAL* y los factores de transcripción *OsMYB30* y *OsMYB52*. El análisis de RNA-seq de las raíces en dos variedades contrastantes en cocultivo con *E. crus-galli* reveló que el genotipo alelopático activaba la vía biosintética de los fenilpropanoides, mientras que los genes asociados con la vía de los diterpenos no se inducían.

La población MAGIC se genotipó obteniendo 71,710 SNPs, y se utilizó para generar un mapa genético de alta resolución para múltiples caracteres. El GWAS identificó 35 QTL para la arquitectura y la fenología de la planta, incluidos genes canónicos como *SD1*, *RAE2*, *TAC1* y *Ghd8*, así como los loci pleiotrópicos qPL9 y qH9 en el cromosoma 9. La evaluación de las mismas líneas en condiciones de nitrógeno contrastantes mejoró la precisión fenotípica y permitió la identificación de 21 QTL relacionados con la NUE. Los genes candidatos incluyeron *ERF142/NGR5*, *OsAAP12A* y *OsGATA8*, implicados en la absorción de nitrógeno, la asimilación y la regulación de las panículas.

En conjunto, este trabajo demuestra la solidez de la integración de diversos recursos genéticos, GWAS, RNA-seq y fenotipado robusto en campo para estudiar rasgos complejos y apoyar el mejoramiento sostenible del arroz *japonica* templado.