

Índice

Resúmenes:	página	VII
Resumen.		VII
Resum.		IX
Abstract		XI
1. Introducción.		1
1.1. Importancia económica del arroz.		2
1.2. El cultivo en España.		5
1.3. Origen, domesticación y diversificación.		7
1.3.1. Origen, domesticación y diversificación.		7
1.3.2. La regulación de la floración en el arroz y su papel en la diversificación.		10
1.4. El arroz como planta modelo.		16
1.4.1. Herramientas genómicas.		18
1.4.1.1. Mutmap.		18
1.4.1.2. RNA-seq.		20
1.4.2. Bases de datos de arroz.		22
1.5. La mejora del arroz.		23
1.5.1. La mutagénesis en la mejora.		24
1.5.2. Caracteres de interés en la mejora.		25
2. Objetivos.		27
3. Capítulos.		30
3.1.1. Diversidad genética y estructura poblacional de las variedades de arroz cultivadas en las regiones templadas.		31
3.1.2. Introducción.		32
3.1.3. Resultados.		35
• Selección de 14 variedades representativas de la diversidad genética de la colección.		35
• Secuenciación de genoma e identificación de polimorfismos, panel de SNPs para la diversidad del arroz cultivado en regiones.		38
• Panel de SNPs empleado para analizar la diversidad genética del arroz japónica cultivado en las regiones templadas.		38
• Estructura genética de la colección.		42

• Relaciones genéticas dentro de la colección de arroz de zonas templadas.	45
3.1.4. Discusión.	47
3.1.5. Conclusiones.	51
3.1.6. Materiales y métodos.	52
• Material vegetal y condiciones de cultivo.	52
• Secuenciación de genoma completo.	52
• Análisis de los datos secuenciados.	53
• Panel de SNPs y genotipado.	53
• Cálculo del desequilibrio de ligamiento.	54
• Análisis de componentes principales.	55
• Estimación de la estructura genética.	55
3.2. Estudio de asociación de polimorfismos a las variaciones en caracteres fenotípicos de interés agronómico.	57
3.2.1. Introducción.	58
3.2.2. Resultados.	61
3.2.2.1. Evaluación del fenotipo.	61
3.2.2.2. Análisis de asociación.	64
3.2.3. Discusión.	73
3.2.4. Conclusiones.	78
3.2.5. Materiales y métodos.	78
• Material vegetal, condiciones de cultivo y fenotipado.	78
• Análisis estadístico.	79
• Análisis de asociación entre marcadores y caracteres.	79
3.3. Caracterización de un mutante de floración temprana e identificación de la mutación responsable del fenotipo alterado.	81
3.3.1. Introducción.	82
3.3.2. Resultados.	84
• Obtención y caracterización fenotípica de un mutante con fenotipo de floración temprana.	84
• Análisis de la expresión génica:	89
- RT-qPCR.	89
- RNA-seq.	96
• Detección de la mutación:	98
- Mutmap.	99
- Análisis de las variaciones estructurales.	112

3.3.3. Discusión.	115
3.3.4. Conclusiones.	122
3.3.5. Materiales y métodos.	123
• Obtención de una línea de floración temprana.	123
• Condiciones de cultivo en cámara.	123
• Ensayos de sensibilidad a fotoperiodo.	124
• Análisis del perfil de expresión de los principales genes de floración:	124
- Obtención material vegetal.	124
- Extracción ARN.	124
- RT-qPCR.	126
• RNA-seq:	129
- Obtención de material vegetal.	129
- Extracción de ARN.	129
- Secuenciación ARN.	129
- Análisis de expresión diferencial.	131
• Detección de la mutación:	132
- Material vegetal, generación de una F2.	132
- Extracción de ADN nuclear.	133
- Secuenciación.	137
- Mutmap.	138
- Análisis de las variaciones estructurales.	140
4. Discusión general.	143
5. Conclusiones generales.	147
6. Referencias bibliográficas.	150