

<b>1.Resumen.</b>	<b>5</b>
<b>Abstract</b>	<b>5</b>
<b>2. Introducción.</b>	<b>6</b>
2.1. La respuesta de organismos vegetales ante estrés abiótico está mediada a partir de la regulación de genes específicos.	6
2.4. Redes Regulatorias de Genes.	12
2.5. Problemática.	14
2.6. Estado del Arte.	16
5.2. Objetivos específicos.	17
<b>7.Metodología.</b>	<b>18</b>
7.1. Evaluación de calidad con software FASTQC.	18
7.2. Limpieza de reads con AfterQC.	19
7.5. Mapeo de reads a transcriptoma de novo.	23
7.6. Preparación de datos para R.	24
7.7. Expresión Diferencial con DESeq2.	27
7.8. Extracción de secuencias expresadas diferencialmente con Bioperl.	28
7.10. Determinar redes regulatorias de genes expresados diferencialmente.	30
<b>8.Resultados.</b>	<b>31</b>
8.1. Filtro de Secuencias.	31
8.2. Ensamble.	32
8.3. Expresión Diferencial.	32
8.4. Anotación.	35
8.4 Redes Regulatorias.	36
<b>9. Discusión.</b>	<b>44</b>
<b>10. Conclusiones.</b>	<b>49</b>
<b>11. Referencias.</b>	<b>51</b>

## Índice de Figuras

<b>Figura 1:</b> Esquema portainjerto.	<b>8</b>
<b>Figura 2:</b> Distribución de suelos con tendencia a salinización alrededor del mundo.	<b>14</b>
<b>Figura 3:</b> Principales especies exportadas desde Chile a China.	<b>14</b>
<b>Figura 4:</b> Workflow diseñado para el Proyecto.	<b>17</b>
<b>Figura 5:</b> Formato para archivo de entrada para el script prepDE.py.	<b>26</b>
<b>Figura 6:</b> Archivo PHENODATA utilizado.	<b>26</b>
<b>Figura 7:</b> Formato para matriz de entrada a GENIE3.	<b>29</b>
<b>Figura 8:</b> Cantidad de DEGs expresados diferencialmente.	<b>33</b>
<b>Figura 9:</b> Cantidad de DEGs que aumentan o disminuyen la tasa de expresión en distintos puntos en el tiempo para ambos genotipos.	<b>34</b>
<b>Figura 10:</b> Intersección de genes expresados diferencialmente.	<b>35</b>
<b>Figura 11:</b> Red de Regulación génica para F12 a las 0 horas.	<b>36</b>
<b>Figura 12:</b> Red Regulatoria de genes para M2624 a las 0 horas.	<b>37</b>
<b>Figura 13 :</b> Red de Regulación Génica para F12 a las seis horas	<b>38</b>
<b>Figura 14:</b> Red de Regulación Génica para M2624 a las seis horas.	<b>39</b>
<b>Figura 15:</b> Red Reguladora de genes en F12 a los 3 días.	<b>40</b>
<b>Figura 16:</b> Red Regulatoria de genes para M2624 a los 3 días.	<b>41</b>
<b>Figura 17:</b> Red Regulatoria de genes para F12 a los 14 días.	<b>42</b>
<b>Figura 18:</b> Red Regulatoria para M2624 a los 14 días.	<b>43</b>

## Índice de Tablas

<b>Tabla 1:</b> Parámetros utilizados para Trinity.	<b>21</b>
<b>Tabla 2 :</b> Parámetros utilizados para filtrar secuencias con CD-HIT-EST.	<b>22</b>
<b>Tabla 3 :</b> Parámetros utilizados en stringtie y su uso.	<b>24</b>
<b>Tabla 4:</b> Parámetros utilizados en Stringtie y su uso.	<b>25</b>
<b>Tabla 5:</b> Parámetros utilizados para HMMER2GO.	<b>28</b>
<b>Tabla 6:</b> Reads filtrados por Software AfterQC por cada una de las muestras.	<b>31</b>
<b>Tabla 7:</b> Tabla resumen resultados de largo de ensamblaje.	<b>31</b>
<b>Tabla 8 :</b> Genes Diferencialmente Expresados donde se encontró función asociada con HMMER2GO.	<b>35</b>
<b>Tabla 9:</b> Procesos celulares con mayor cantidad de genes involucrados.	<b>35</b>