
**IDENTIFICACIÓN DE GENES REGULADORES INVOLUCRADOS EN LA
RESPUESTA A ESTRÉS SALINOS EN DOS PORTAINJERTOS CON
RESPUESTAS CONTRASTANTES MEDIANTE EL ANÁLISIS DE DATOS DE
SECUENCIACIÓN MASIVA**

**DÁMARIZ GONZÁLEZ ZÚÑIGA
INGENIERO CIVIL EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

La salinización de los suelos empleados para cultivo resulta ser un factor que influye negativamente en el crecimiento y desarrollo de organismos vegetales con valor comercial. Variadas herramientas se han testeado para plantear una solución válida a este problema, ya que la salinización de suelos tiende a afectar estructuralmente las células vegetales, además de incidir negativamente en el proceso de fotosíntesis. Una de las soluciones agronómicas más efectivas para hacer frente a esta problemática resulta en el desarrollo de organismos vegetales bimembres constituidos por un injerto con características productivas deseables y por un portainjerto (raíces) derivado de plantas tolerantes a concentraciones elevadas de sal en el suelo donde se ubican. El entender qué procesos biológicos subyacen a la tolerancia a estreses abióticos, tales como el estrés salino, es un factor clave para guiar el proceso de mejoramiento genético de portainjertos. Las técnicas de secuenciación masiva se han vuelto una de las metodologías usadas para descifrar estos procesos. En este trabajo se analizaron 48 librerías de secuenciación masiva RNA-seq de dos portainjertos derivados del género *Prunus* (*Prunus avium* L. y *Prunus cerasifera* x *munsoniana* con respuesta contrastante frente a estrés salino mediante el uso de herramientas bioinformáticas para la determinación de genes reguladores. Se encontraron genes codificadores de factores de transcripción a las seis horas en *Prunus cerasifera* x *munsoniana* que no se encuentran en *Prunus cerasifera*, los cuales interactúan directamente con proteínas membranales. También se encontraron genes codificadores de proteínas clave para la respuesta en primera fase ante estrés salino en *Prunus cerasifera* x *munsoniana* que no se encuentran en *Prunus avium*.

ABSTRACT

The salinization of crop soils is a factor that negatively influences the growth and development of plant organisms with commercial value. Various tools have been tested to propose a valid solution to this problem, since the salinization of soils tends to structurally affect plant cells, in addition to negatively affecting the photosynthesis process. One of the most effective agronomic solutions to face this problem results in the development of two-membered plant organisms made up of a graft with desirable productive characteristics and a rootstock derived from plants that are tolerant to high concentrations of salt in the soil where they are located. Understanding which biological processes underlie tolerance to abiotic stresses, such as salt stress, is a key factor in guiding the rootstock breeding process. Massive sequencing techniques have become one of the methodologies used to decode these processes. In this work, 48 RNA-seq libraries of two rootstocks derived from the genus *Prunus* (*Prunus avium* L and *Prunus cerasifera* x *munsoniana*) with contrasting response to salt stress were analyzed using bioinformatics tools with the aim of determinate regulatory genes. Genes encoding transcription factors were found at six hours in *Prunus cerasifera* x *munsoniana* that are not found in *Prunus avium*, which interact directly with membrane proteins. Key protein coding genes for the first-phase response to salt stress were also found in *Prunus cerasifera* x *munsoniana* that are not found in *Prunus avium*.