
**ANÁLISIS DE GENÓMICA COMPARATIVA ENTRE CEPAS AISLADAS DE
*Piscirickettsia salmonis***

**GUILLERMO ALEJANDRO NOURDIN GALINDO
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

Piscirickettsia salmonis es el agente etimológico causante de la Septicemia Rickettsial de Salmónidos (SRS) o *Piscirickettsiosis*, enfermedad que afecta gravemente la producción de salmón en diversas partes del mundo, con un impacto en el sur de Chile, en donde ha sido responsable de grandes pérdidas económicas. A pesar de la importancia que ha tenido este patógeno en la industria, existe escasa información acerca de su genoma y otros aspectos de su ciclo de vida y patogénesis, así como también en el diagnóstico, tratamiento, prevención y control. En las últimas décadas, las bases de datos con información y datos biológicos se han convertido en un recurso esencial para investigadores de todo el mundo, ya que son una herramienta que permite mantener grandes volúmenes de información, de forma ordenada, rápida y segura, a disposición para futuras investigaciones. Las bases de datos públicas y herramientas bioinformáticas, incluyendo protocolos automatizados, son estrategias útiles frente a análisis genómicos comparativos entre cepas microbianas. Aquí el avance tecnológico ha jugado un papel importante en cuanto a técnicas de secuenciación, posibilitando hoy la obtención de una gran cantidad de datos genómicos a bajo costo y con mayor rapidez. El presente trabajo entrega un análisis comparativo entre cepas aisladas de *Piscirickettsia salmonis* para la construcción de un "core" y pangenoma. Además este trabajo proporcionara el proceso automatizado, en cuanto a predicción de genes y ubicación de genes ortólogos, así como también una plataforma de información que permitirá poner a disposición de la comunidad científica de la información analizada y clasificada de cada una de las cepas de *Piscirickettsia salmonis*.

ABSTRACT

Piscirickettsia salmonis is etiologic agent responsible for the Salmonid Rickettsial Septicemia (SRS) or *Piscirickettsiosis*, disease that seriously affects the production of salmon in various parts of the world, with an impact in southern Chile, where has been responsible for large economic losses. Despite the significant role played by this pathogen in the industry, there is limited information about their genome and other aspects of their life cycle and pathogenesis, as well as in the diagnosis, treatment, prevention and control. In recent decades, biological databases have become an essential resource for researchers around the world, because using them as tool for maintaining large volumes of information, neatly, quickly and safely, available for future research. The public databases and bioinformatics tools, including automated protocols are useful strategies against comparative genomic analysis between microbial strains. This technological progress has played an important role in terms of sequencing techniques, which allows obtaining genomic data at low cost and more quickly available to research. This work provides a comparative analysis of isolates strains of *Piscirickettsia salmonis* for the construction of a "core" and pangenome. Furthermore, this work will provide the automated process, in terms of gene prediction and location of orthologous genes, as well as an information platform which will make available to the scientific community the information analyzed and classified in each strains of *Piscirickettsia salmonis*.