



**PROCESAMIENTO Y ANOTACIÓN DE EXPRESSED SEQUENCE TAGS (ESTs)  
DEL SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*Salmo salar*) DESAFIADO CONTRA EL  
VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV)**

**VICTORIA PAZ CEPEDA ESPINOZA  
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

**RESUMEN**

La industria del salmón en Chile sufre grandes pérdidas económicas por una variedad de enfermedades infecciosas, siendo una de las principales la necrosis pancreática infecciosa (IPN). Dentro de este contexto, el fin del presente estudio es identificar los genes de la especie salmón del Atlántico (*Salmo salar*) que están involucrados en la respuesta inmunológica al desafío contra el virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) mediante el análisis bioinformático de expressed sequences tags (ESTs). Se construyó una librería de cDNA de bazo de salmón del Atlántico desafiado contra IPNV. Se secuenciaron 1,360 clones de esta librería, generando 1043 ESTS de alta calidad. Los procesos de clustering y ensamblado generaron 823 secuencias únicas, compuestas por 192 contigs y 631 singletons. La anotación fue realizada mediante la asignación de funciones putativas a los transcritos. 75% (620) de las secuencias fueron anotadas, de las cuales 366 (45%) fueron clasificadas usando términos Gene Ontology (GO) para función molecular, proceso biológico y componente celular. En este trabajo se identificó la presencia potencial de 81 genes relevantes involucrados en la respuesta inmune del salmón del Atlántico desafiado a IPNV. Se construyó una base de datos que ofrece distintos tipos de opciones, incluyendo búsquedas de asignaciones funcionales y términos GO. Entre las opciones de entrega de datos se presentan resúmenes del pre-procesamiento, clustering y ensamblado, y anotación de ESTs, información detallada de las anotaciones y acceso a los resultados originales de BLAST.

## ABSTRACT

The salmon industry in Chile is suffering huge economic losses for a variety of infectious diseases. A major of them is the infectious pancreatic necrosis (IPN). In this context, the purpose of this study is to identify genes of Atlantic salmon (*Salmo salar*) species involved in immune response to the challenge against the infectious pancreatic necrosis virus (IPNV) by the expressed sequences tags (ESTs) bioinformatics analysis. An Atlantic salmon challenged by IPNV cDNA library was constructed from bazo organ. From that library 1,360 clones were sequenced, generating 1043 high quality ESTs. The clustering and assembly process generated 823 unique sequences, consisting of 193 contigs and 600 singlets. The annotation was performed by assigning putative function to the transcripts. Annotation was successful for 75% (620) of the sequences and 6,113 sequences (30.5%) were annotated with Gene Ontology terms for molecular function, biological process and cellular component. Potential presence of a relatively high number of immune-related genes in the dataset was shown by annotation searches. A database has been constructed and various data query options are offered including searches on function assignments and GO terms. Data delivery options include summaries for the ESTs pre-processing, clustering and assembly, and annotation, detailed self-explanatory annotations, and access to the original BLAST results.